

EDITORIAL BOARD

EDITOR-in-CHIEF

Taki DEMİR, Sakarya University of Applied Sciences, Faculty of Agriculture (Turkey)

ASSISTANT EDITOR-in-CHIEF:

Mustafa YILMAZ, Sakarya University of Applied Sciences, Faculty of Agriculture (Turkey)

Bahadır ŞİN, Sakarya University of Applied Sciences, Faculty of Agriculture (Turkey)

AREA/SECTION EDITORS: (*)

- Alireza TARINEJAD, Azarbaijan Shahid Madani University, Faculty of Agriculture, (Iran)
- Behçet KIR, Ege University, Faculty of Agriculture (Turkey)
- Burhan KARA, Isparta University of Applied Sciences, Faculty of Agriculture (Turkey)
- Elisa Azura AZMAN, Putra University, Faculty of Agriculture (Malaysia)
- Fatih SÖNMEZ, Sakarya University of Applied Sciences (Turkey)
- Gülay ZÜLKADİR, Mersin University, Silifke Applied Technology and Management Vocational School, (Turkey)
- Hamza BOZKIR, Sakarya University of Applied Sciences, Faculty of Agriculture (Turkey)
- Hüseyin İrfan BALIK, Sakarya University of Applied Sciences, Faculty of Agriculture (Turkey)
- İsmet YILDIRIM, Düzce University, Faculty of Agriculture (Turkey)
- Kenan KILIÇ, Niğde Ömer Halisdemir University, Faculty of Engineering (Turkey)
- Mehmet KOYUNCU, Karamanoğlu Mehmetbey University, Engineering Faculty (Turkey)
- Mehmet ÖTEN, Sakarya University of Applied Sciences, Faculty of Agriculture (Turkey) (Turkey)
- Melih YILAR, Ahi Evran University, Faculty of Agriculture (Turkey)
- Muhammad ASLAM, University of Agriculture (Pakistan)
- Mustafa ERGEN, Sakarya University of Applied Sciences, Faculty of Agriculture (Turkey)
- Necdettin SAĞLAM, Tokat Gaziosmanpaşa University, Faculty of Agriculture (Turkey)
- Ömer BEYHAN, Sakarya University of Applied Sciences, Faculty of Agriculture (Turkey)
- Rahime CENGİZ, Sakarya University of Applied Sciences, Faculty of Agriculture (Turkey)
- Reza AMIRNIA, Urmia University (Iran)
- Rüstem CANGİ, Tokat Gaziosmanpaşa University, Faculty of Agriculture (Turkey)
- Saim ÖZDEMİR, Sakarya University, Engineering Faculty (Turkey)
- Salih KARABÖRKLÜ, Sakarya University of Applied Sciences, Faculty of Agriculture (Turkey)

(*): The list is based on name of the editors in alphabetical order.

JOURNAL OF AGRICULTURAL BIOTECHNOLOGY

VOL. 4 No. 1 (2023): JUNE TABLE OF CONTENTS

Research Article/ Arařtırma Makalesi

The Molecular Characterization and Evolutionary History Analysis of Cotton leaf curl
Multan virus (CLCUMUV) Infecting (*Hibiscus sabdariffa*, *Hibiscus rosa-sinensis*) in
Punjab Province of Pakistan 18-30

Muhammad ARIF

Sapanca Bölgesinde Yetiřtirilen Bazı Ceviz Genotiplerinin (*Juglans regia* L.) Önemli
Kalite Özelliklerinin Belirlenmesi Üzerine Bir Arařtırma / A Study On Determination of
Important Quality Characteristics of Some Walnut Genotypes (*Juglans regia* L.)
Cultivated in Sapanca Region 31-41

Osman GÜLLER, Ömer BEYHAN

Farklı İllerden Toplanan Bakla (*Vicia faba* L.) Popölasyonlarının ve Çeřitlerinin Bilecik
Kořullarına Adaptasyonlarının Belirlenmesi / Determining of Adaptations of Faba
Bean (*Vicia faba* L.) Populations and Varieties Collected from Different Provinces to
Bilecik Conditions 42-50

Mustafa YILMAZ, Melike KÖSE

Reviews/Derleme

Bitki Doku Kültürünün Biyoteknolojik Olarak Kullanımı / Biotechnological Use of Plant
Tissue Culture 1-10

Nilay KAYIN, Ferzat TURAN

Kavun Hastalıkları, Mücadele Yöntemleri ve Dayanıklılık Mekanizmalarında
Kullanılan Moleküler Markırlar / Molecular Markers Used in Melon Diseases, Control
Methods and Resistance Mechanisms 11-17

Necibe KAYAK



Review Article

Journal of Agricultural Biotechnology (JOINABT) 4(1), 1-10, 2023

Received: 22-May-2023 Accepted: 13-Jun-2023

<https://doi.org/10.58728/joinabt.1300369>



SAKARYA UNIVERSITY
OF APPLIED SCIENCES

Bitki Doku Kültürünün Biyoteknolojik Olarak Kullanımı

Nilay KAYIN^{1*}, Ferzat TURAN²

¹ Rektörlük, Proje Geliştirme ve Koordinasyon Ofisi Koordinatörlüğü, Bilecik Şeyh Edebali Üniversitesi, Bilecik, Türkiye.
nilay.kayin@bilecik.edu.tr

² Tarla Bitkileri, Ziraat Fakültesi, Sakarya Uygulamalı Bilimler Üniversitesi, Arifiye, Sakarya, Türkiye.
ferzatturan@subu.edu.tr

ÖZ

Günümüzde ve gelecekte tarımsal üretimin sürdürülebilirliği oldukça önemlidir. Tarımda sürdürülebilirliği sağlamak için patojen olmayan veya virüssüz bitkiler yetiştirmek, var olan bitkilerin gen kaynaklarını korumak, yeni bitki çeşitleri geliştirmek, biyotik ve abiyotik stres koşullarına karşı dayanıklı bitkiler yetiştirmek önem arz etmektedir. Bu konulara bitki doku kültürü alanı hizmet etmektedir. Bitki doku kültürü, aseptik şartlarda yapay bir besin ortamında adına eksplant denilen hücre, doku veya organ gibi bitki kısımlarından kontrollü çevre koşullarında bitki üretim tekniğidir. Doku kültüründe geliştirilen bitkiler, çevre koşullardan etkilenmemektedir. Bunun yanında uygun kültür ortamında bu bitkilere çeşitli özellikler kazandırılmaktadır. Bu şekilde amaç, hastalıklar taşımayan bir bitki elde etmek, sekonder metabolitler üretmek, bitkilerin gen kaynaklarını korumak ve klasik tarım yöntemleriyle çözülemeyen sorunlara çözüm getirmek, kaliteli ekonomik bir bitkisel üretim gerçekleştirmektir. Bu derlemedeki amaç ise, doku kültürü ve doku kültür kullanım alanlarına bütüncül bir şekilde bakılmasını sağlamak ve önemini vurgulamaktır.

Anahtar Kelimeler: Doku kültürü, gen kaynakları, patojen

Biotechnological Use of Plant Tissue Culture

ABSTRACT

In the present day and the future, the sustainability of agricultural production is very important. It is important to grow non-pathogenic or virus-free plants to ensure sustainability in agriculture, protect the gene resources of existing plants, develop new plant varieties, and grow plants resistant to biotic and abiotic stress conditions. The field of Plant Tissue Culture serves these issues. Plant Tissue Culture is a plant production technique performed under controlled environmental conditions from plant parts such as cells, tissues or organs called explants in an artificial nutrient medium under aseptic conditions. The plants grown in tissue culture are not affected by environmental conditions. Also, these plants are given various characteristics in the appropriate culture environment. By doing so, the purpose is to obtain a disease-free plant, produce secondary metabolites, protect the gene resources of plants, solve the problems that cannot be resolved by classical farming methods, and realize high-quality economic plant production. The purpose of this paper is to provide a holistic view of tissue culture and tissue culture usage areas and to emphasize its importance.

Keywords: Tissue culture, gene sources, pathogen

* Sorumlu yazarın e-posta adresi: nilay.kayin@bilecik.edu.tr

1 Giriş

Bitki doku kültürü teknolojisi, büyük ölçekli bitki çoğaltma için yaygın olarak kullanılmaktadır. Bitki doku kültürü teknikleri, bir araştırma aracı olarak kullanımlarının yanı sıra, son yıllarda bitki alanında bitki çoğaltma, hastalık eliminasyonu, bitki iyileştirme ve ikincil metabolitlerin üretimi alanlarında büyük endüstriyel öneme sahip olmuştur (Tefera, 2019; Singh ve Kumar, 2020). Bitki doku kültürü, eksplant adı verilen küçük bir doku parçasından yüzlerce ve binlerce bitki üretmek için kullanılabilir (Singh ve Kumar, 2020). Bu derlemede; birçok avantajı olan bitki doku kültüründe bahsedilecek ve biyoteknolojik kullanım alanları nelerdir gibi başlıklara değinilecektir. Bu sayede, bitki doku kültürü konusuna bütüncül olarak bakılması sağlanacaktır.

2 Doku kültürü

Bitkilerde doku kültürü yöntemi, bir üretim şeklidir. Bitki doku kültürü, bitkinin kök, gövde, yaprak gibi organlarından ya da apikal ve meristem dokularından alınan adına eksplant denilen bir doku parçasının sterilize edildikten sonra, çeşitli besin maddelerini içeren kültür ortamlarında *in vitro* şekilde kültüre alınması işlemidir (Topcu ve Çölgeçen, 2015; Dinçer ve ark., 2016; Aktaş ve Çölgeçen, 2017; İçigen, 2019). Bu şekilde amaç mikrobiyolojik hastalıklar taşımayan bir bitki elde etmek, biyokimyasal maddeler üretmek, bitkilerin gen kaynaklarını korumak ve klasik tarım yöntemleriyle çözülemeyen sorunlara çözüm getirmek, kaliteli ekonomik bir bitkisel üretim gerçekleştirmektir (Dilmen ve Göktürk Baydar, 2016; Balı ve ark., 2020). Bunun yanında genetik mühendisliğinde de doku kültürü yöntemleri; seçilmiş genotiplerin oluşturulmasında, hızlı gelişen fertlerin ortaya çıkarılmasında, bitkiler için abiyotik ve biyotik stres faktörlerine dayanıklı bireylerin seçilmesinde kullanılmaktadır (Dinçer ve ark., 2016).

Bitkilerde *in vitro* kültür ortamındaki ilk çalışma, Haberlandt tarafından 1902 yılında gerçekleştirilmiştir (Topcu ve Çölgeçen, 2015). Sonrasında ise doku kültürü çalışmaları, 1975 yılına kadar kallus kültürü ve bitki rejenerasyon esasına dayalı olarak devam etmiştir (Dinçer ve ark., 2016).

Bitki doku kültürü ile çevre koşullarından bağımsız bitki yetiştirme, bitkideki fitokimyasal miktarını artırma, bitki gen transferi için ortam oluşturma ve nesli tükenme tehlikesi altında olan türlerin korunması sağlanmaktadır (Dinçer ve ark., 2016).

Bitki doku kültürü uygulama alanı olarak genetik mühendisliği, sentetik tohum üretimi, klonal çoğaltma, sınırsız klon üretimi, ilaç ve besin sanayisi için ham madde sağlanması ve biyokimyasal ürünlerin eldesi sayılabilmektedir (Dinçer ve ark., 2016).

3 Mikroçoğaltım

In vitro teknik olarak da bilinen mikroçoğaltım, kısa sürede, sınırlı alanda, daha az anaç bitki kullanılarak çok sayıda bitki elde etme olanağı sağlayan, kontrollü koşullar altında yapılması nedeniyle çevre koşullarından ve mevsimden bağımsız, yılın her zamanında üretiminin mümkün olduğu bir tekniktir (Dilmen ve Göktürk Baydar, 2016; Bürün, 2021). Bu teknik özellikle klasik yöntemlerle çoğaltılması zor olan rekalsitrant (inatçı) tohumlu bitkilerin, vejetatif çoğaltılan türlerin ve tehlike altındaki bir türün korunması açısından çok önemlidir. Bunun yanında, seçkin genotiplerin ve genetik materyalin çoğaltılması, gen kaynaklarının ve bitki çeşitliliğinin *ex situ* korunması için de önemli olmaktadır (Bürün, 2021).

Mikroçoğaltım ile bitki üretiminin aşamaları bulunmaktadır. Bu aşamalar; kültürlerin kurulumu, sürgünlerin çoğaltılması, köklendirme ve alıştırma aşamaları olarak sınıflandırılabilir (Singh ve Kumar, 2020).

Kültürlerin başlatılması: Yüze sterilizasyonu sağlanan eksplantların kültüre alınması, sonrasında sürgün gelişiminin başlatılmasıdır. Eksplanta bağlı olarak, yeni sürgünler; bitki meristemlerinden, bitkiden elde edilen sürgünlerden, yapraklardan, kotiledonlardan veya eksplantlardan oluşan kallustan oluşan dolaylı organogenez ile başlatılabilir. Bu aşama için 4-6 hafta gerekir (Singh ve Kumar, 2020).

Sürgünlerin Çoğaltılması: Sürgünlerin ortama yerleştirilmesi ve sürekli çoğaltılmasıdır. Çoğalan sürgünler ayrılır ve farklı bir kültür ortamına transfer edilmektedir (Singh ve Kumar, 2020).

Köklendirme: Bu aşamada, sadece sürgünleri köklendirmek değil, bunun yanında bitkilerin, taşınma aşamasında iklime alıştırma ve hayatta kalmalarını sağlamak için iklimlendirilmesini de içermektedir (Singh ve Kumar, 2020).

Adaptasyon (Alıştırma): İklimlendirme aşaması olarak da bilinmektedir. Doğal koşullarda rejenere bitkilerin toprağa transferi aşamasıdır. Doğal koşullara transfer edilen bitkiler, yaprak yapısı ve morfolojisinde değişiklikler meydana getirmektedir. Böylece bitkiler doğal çevre koşullarında hayatta kalmaya uyum sağlamaktadırlar (Onay ve ark., 2012; Singh ve Kumar, 2020; Bejaoui, 2022).

Mikroçoğaltım ile üretimin faydaları; esas bitki ile birebir aynı ya da bu bitkiye benzer bitkiler elde etmek, elde edilen bitkilerle az sürede, yüksek miktarda ve sağlıklı bitkiler elde edilmek, eşeyli üremeyen bitkiler ve tek eşeyli bitkileri çoğaltma imkânı sağlamak şeklinde sayılabilmektedir (Aydın, 2019; Balı ve ark., 2020; Bürün, 2021).

3.1 Mikroçoğaltım Yönteminin Potansiyel Kullanım Alanları

- Seleksiyonla belirlenmiş bitkilerin enfeksiyonlu bitkilerin virüslerden arındırılması,
- Moleküler markörlerin bitki ıslahında geliştirilmesi ve heterozigot bitki popülasyonunun devam ettirilmesi,
- Islah edilmiş hibritlerin tohum üretiminin zor veya sınırlı olduğu durumlarda bitki çoğaltılması (Embriyo kurtarma teknikleri)
- Gen kaynaklarının muhafazası, mikroçoğaltım tekniklerinin kullanım alanlarından (Balı ve ark., 2020; Singh ve Kumar, 2020; Bürün, 2021).

Gen kaynaklarının muhafazasındaki temel prensipler; depolama süresinin uzamasını, gen kayıplarının azaltılmasını, fazla sayıda örneğin saklanabilmesini, bakım çalışmaları ve maliyetin azaltılmasını amaçlamaktadır. Buna yönelik uygulama alanı *ex-situ* koruma sınırlarında olan *in vitro* DNA, tohum muhafazası, gen bankası ve botanik bahçelerinin oluşturulması bulunmaktadır (Bilir, 2016).

3.2 Embriyo Kültürünün Kullanımı

Embriyo kültürü; olgun veya olgunlaşmamış embriyoların izole edilmesi *in vitro* koşullarda geliştirilmesi ya da muhafazası olarak tanımlanabilmektedir. Embriyo kültürü ortamındaki sakkaroz gibi karbonhidratlar, embriyonun gelişmesine katkıda bulunmakta ve ortamın ozmotik basıncını düzenlemektedir (Uysal ve ark., 2006; Dinçer ve ark., 2016). Şekil 1'de biber örneğinde görüldüğü

gibi embriyo kültür aşamaları; tohumdan embriyo izole edilmesi, sonrasında kültürden embriyoların alınması, embriyoların çimlendirilmesi, *in vitro* ortamda bitkiciklerin elde edilmesi, dış ortama elde edilen bitkiciklerin alıştırılması ve fide eldesidir (Ellialtıoğlu ve Taşkın, 2021). Embriyo kültürün tercih edilme amaçları ise aşağıda sıralanmıştır:

- a. Çimlenmeyen tohumları çimlendirmek: Bazı bitkilerin tohumları, embriyoyu kaplayan yapılardan dolayı doğal koşullarda çimlenememektedirler. Çimlenemeyen tohumlardan, olgunlaşmamış tohumların embriyoları izole edilmekte ve kültür ortamına alınmaktadır (Uysal ve ark., 2006).
- b. Mutlak parazit bitki tohumlarını çimlendirmek: Mutlak parazit olarak yaşayan bitki tohumları, konukçu bitki olmadan çimlenememektedir. Böyle sorunların yaşandığı bitkilerde embriyo kültürü kullanılarak olgun bitkiler geliştirilebilmektedir (Uysal ve ark., 2006).
- c. Yaşam döngüsünü kısaltmak: Bazı bitkilerin morfolojik ve fizyolojik nedenlerden dolayı tohumları çimlenmeyebilmektedir. Bu gibi durumlarda da embriyo kültürü kullanılmaktadır (Uysal ve ark., 2006).
- d. Uyuşmazlıktan dolayı gelişemeyen embriyoların geliştirmek: Bitki melezlemelerinde uyumsuzluk sorunları ortaya çıkmaktadır. Bu sorunlar embriyo oluşum ve gelişimini engellemektedir. Böyle durumlarda embriyo gelişmediği için verimli tohum eldesi mümkün olmamaktadır. Bu sorunların giderilmesinde de embriyo kültür yöntemleri kullanılmaktadır (Uysal ve ark., 2006; Akpınar, 2006; Ellialtıoğlu ve Taşkın, 2021).
- e. Sert çekirdekli meyvelerde sağlıklı embriyo gelişimini sağlamak: Sert çekirdekli şeftali, kiraz, erik gibi meyvelerde erken olgunlaşanların embriyoları besin maddelerinin taşınmasında kesintiye uğramaktadır. Bu durumda embriyo olgunlaşmadığı için melez bitki oluşmamaktadır. Bu sorun embriyo kültür ile giderilerek melez bitki elde edilebilmektedir (Uysal ve ark., 2006; Akpınar, 2006; Ellialtıoğlu ve Taşkın, 2021).
- f. Haploid bitkilerin oluşturulması: Melezlemelerde sonra oluşan tohumlarda, ebeveynlerden birinin kromozomunun yok olması sonucu haploid bitki meydana gelmektedir (Uysal ve ark., 2006; Akpınar, 2006; Ellialtıoğlu ve Taşkın, 2021).
- g. Embriyo gelişiminin incelemesi: Embriyo gelişimi için gerekli olan fitohormonlar, besin maddeleri ve çevre koşullarının incelenmesi için de kullanılmaktadır (Uysal ve ark., 2006; Akpınar, 2006; Ellialtıoğlu ve Taşkın, 2021). Embriyo kültüründe embriyoda üretilen bir metabolit de kullanılabilir (Eray Vuran ve Türker, 2021).



Şekil 1: Biberde Embriyo Kültürü. a) Tohumdan izole edilen embriyo, b) Kültüre alınmış embriyolar, c) Çimlenmiş embriyo, d) *In vitro* bitkicikler, e) Dış koşullara aktarma, f) Fide (Ellialtıoğlu ve Taşkın, 2021)

3.3 Protoplast Füzyonunun Kullanımı

Bitki protoplastları, selülozik hücre çeperi enzimatik yolla çözdürülmüş hücrelerdir. İki ayrı bitkiden elde edilen bu hücreler birleştirilerek yeni bir bitki oluşturulmaktadır. Protoplast füzyonu tür içi, türler ve cinsler arasında yapılabilmektedir (Akgün ve ark., 1996).

Protoplast füzyonunun kullanım alanları, en küçük hücre birimine ulaşarak organellerin transferi sağlanmaktadır. Bunun yanında iki farklı tam hücre genomunu bir araya getirmektedir. Kısmi genom transferi sağlamakta ve genetik mühendisliği alanında katkı sağlamaktadır (Ekmekçi ve Sözen, 2005).

3.4 Kallus Kültürünün Kullanımı

Kallus kültürü, farklılaşmamış parankima yapılarının bölünerek oluşturduğu düzensiz hücre yığınları olarak ifade edilmektedir (Aktaş ve Çölgeçen, 2017; Erdemel ve Aygün, 2016; Dinçer ve ark., 2016). Kallus yapıları, bitkilerin yaralarının onarılmasında ve iki bitki parçasının aşılmasında kullanılmaktadır (Erdemel ve Aygün, 2016).

Kallus kültürünün kullanım alanları ise, bitki organları ve somatik embriyo eldesinde indirekt metot olarak kullanılmaktadır. Bunun yanında başlangıç materyali olarak hücre süspansiyonlarında, protoplast füzyonunda, bitki gen transferi çalışmalarında, abiyotik ve biyotik stres şartlarının analizinde kullanılmaktadır. Günümüzde oldukça önemli olan sekonder metabolit eldesi de yararlanılmaktadır (Erdemel ve Aygün, 2016). Yapılan çalışmalarda kallus kültürüyle daidzein, genistein, puerarin gibi birçok flavonoid üretildiğini ortaya koymuştur. Ayrıca pek çok çalışma da kallus kültürünün antimikrobiyal bileşiklerin üretiminde kullanıldığını belirtmektedir (Aktaş ve Çölgeçen, 2017; İçigen, 2019; Eray Vuran ve Türker, 2021).

3.5 Hücre Süspansiyon Kültürü Kullanımı

Tek veya küçük bir hücrenin çalkalanmakta olan sıvı kültür ortamında oluşturdukları hücre ya da hücre kümelerine hücre süspansiyon kültürü denilmektedir (Eray Vural ve Türker, 2021; Aktaş ve Çölgeçen, 2017). Hücre kültürleri, özellikle bazı sekonder metabolitleri üretim noktasında büyük öneme sahiptirler (Topcu ve Çölgeçen, 2015). Bunun yanında homojen yapıda olmaları, hızlı çoğalmaları, biyoreaktör kullanımı açısından uygun olmaları, alt kültürde değişimin az olması gibi nedenlerden dolayı tercih edilmektedirler (Eray Vuran ve Türker, 2021). *Rosa damascena* bitkisiyle yapılan hücre süspansiyon kültürü çalışmasında bazı uçucu ve polar maddeler sentezlendiğini ortaya koymuşlardır (Dilmen ve Göktürk Baydar, 2016).

3.6 Kök Kültürü Kullanımı

Kök kültürü üretiminde *Rhizobium rhizogenes* türü bakterilerin inokülasyonu sonucu kök fenotipi ortaya çıkmaktadır. Bu şekilde üretilen kök fenotipleri kararlıdır, hızlı gelişme gösterir ve hormon ilave edilmeden de kültür devamlılığı sağlanabilmektedir. Bunun yanında inkübasyon ortamında gelişim için ışığa ihtiyaç duymamaktadır. Bu özellikleri sayesinde sekonder metabolit eldesinde tercih edilmektedir. Yapılan çalışmalar; piridin, tropan, antrakınon ve alkaloidler gibi sekonder metabolitlerin yüksek oranda kök kültürü ile üretildiğini ortaya koymuştur (Eray Vuran ve Türker, 2021).

Li ve ark., 2000 yaptıkları çalışmada, *Glycyrrhiza glabra* bitkisinin saçak kök kültüründe önemli flavonodileri *Agrobacterium rhizogenes* aracılığıyla üretmişlerdir (Aktaş ve Çölgeçen, 2017). Çizelge 1'de de bazı bitkilerde kök kültüründe sekonder metabolit üretimi üzerine yapılan bazı çalışmalar gösterilmektedir. Özellikle *Glycyrrhiza uralensis* kök kültüründe flavonoid miktarı 28. 38 mg/g DW gibi oldukça yüksek miktarda bulunmuştur.

Tablo 1: Kök kültürlerinden sekonder metabolit üretimi üzerine yapılmış bazı çalışmalar

Bitki türü	Sekonder metabolit	Hacim	İçerik	Referans
<i>Arachis hypogaea</i>	Resveratrol	250 ml F	4. 3 nmol/g DW (kök)	Condori et al. (2010)
<i>Brassica rapa</i>	Glucosinolates	250 ml F	80 mol/g DW	Kastell (2009)
<i>Beta vulgaris</i>	Betalains	500 ml F	47. 1 mg/g DW	Georgiev et al. (2010)
<i>Brugmansia candida</i>	Anisodamine	1. 5 l B	10. 1 mg/g DW	Cardillo et al. (2010)
<i>Centella asiatica</i>	Triterpenoids	100 ml F	0. 55% DW	Kim et al. (2010)
<i>Chinese cabbage</i>	Indole glucosinolates	100 ml F	1. 6 l mol/g FW	Zang et al. (2009)
<i>Glycyrrhiza uralensis</i>	Flavonoid	100 ml F	28. 38 mg/g DW	Zhang et al. (2009)
<i>Salvia sclarea</i>	Diterpenoid	10 l B	67. 5 mg/g DW	Kuzma et al. (2009)
<i>Taxus media var. Hicksii</i>	Paklitaksel	250 ml F	568. 2 l g/l	Syklowska-Baranek et al. (2009)
<i>Gossypium hirsutum L.</i>	Gossypol	250 ml F	2. 43 mg/g DW	Verma et al. (2009)
<i>Panax quinquefolium L.</i>	Ginsenoside	250 ml F	200 mg/g DW	Mathur et al. (2010)

<i>Psoralea corylifolia</i>	Daidzein	250 ml F	2. 06% DW	Shinde et al. (2010)
-----------------------------	----------	----------	-----------	----------------------

Kaynak: (Topcu ve Çölgeçen, 2015).

4 Bitki Doku Kültürü Uygulamaları

4.1 Sağlıklı Bitki Üretimi

Meristem doku kültürü, enfekte olmuş tek bir bitkiden kısa sürede çok sayıda hastaliksız çoğaltım elde edilebilme en yaygın yöntemlerinden biridir (Lakhera ve ark., 2018; Tefera, 2019). 1952 yılından beri çok sayıda araştırma, meristem doku kültürü yöntemiyle farklı türlerde virüssüz bitkiler üretilebildiğini ortaya koymuştur. 1965 yılında da meristem kültür yoluyla virüssüz frezya bitkilerinin elde edildiği çalışmalar yapılmıştır (Lakhera ve ark., 2018).

Habtamu ve Mohammed (2016), yaptıkları çalışmada bazı bitkiler için hastaliksız bitki materyali üretiminde doku kültürünün rolünü araştırmışlardır. Sonucunda ananas, muz, patates gibi bitkilerin hastalığa karşı dayanıklı olduğunu ortaya koymuşlardır (Tefera, 2019). Ramgareeb ve ark., 2010 yaptıkları çalışmada, şeker kamışında virüs eliminasyonu ve sürgün çoğaltma için apikal meristem kültür protokolünü oluşturmuştur. Hatira Taşkın ve ark., 2013 yaptıkları çalışmada virüssüz sarımsak üretimi için meristem kültürü ile sürgün ucu tekniğini karşılaştırmışlardır. Çalışma sonucunda, meristem doku kültürü ile üretilen bitkiciklerin sağlıklı olduğunu, sürgün kültüründen elde edilen bitkiciklerin ise enfekte olduğunu ortaya koymuşlardır. Tania San Pedro ve ark., 2017 yaptıkları çalışmada virüssüz ana bitkiden tek boğumlu kültür yöntemi kullanılarak üzüm (*Vitis vinifera* L.) çeşidi Monastrell üretimi için protokol geliştirmişlerdir (Lakhera ve ark., 2018).

4.2 Bitkileri Hızlı Çoğaltılması

Mikro çoğaltım ile tek bir bitkiden kısa sürede çok sayıda hastaliksız çoğaltım elde edilebilmesinin yanında, çoğaltmanın tüm yıl boyunca yapılabilmesi ve çoğaltma materyalinin küçük bir alanda barındırılabilmesi, iş gücünün azalmasıdır (Lakhera ve ark., 2018).

Meristem kültürü; mikro bitkiler, yumrular vb. gibi kaliteli bitki kısımlarının büyük ölçekli üretimi için bir teknik olarak endüstriyel önem kazanmıştır. Karla A. Quiroz (2017) enfekte bitkilerden virüsü ortadan kaldıran Şili çileğini (*Fragaria chiloensis* (L.) Duch.) meristem kültürünü üretmiştir ve çiftçiler açısından çoğaltma yeteneği yüksek kaliteli fidan üretimi sağlamıştır. Meristem doku kültürü, mikro çoğaltma potansiyeline bağlı olarak yeni türler arası hibritlerin çoğaltılmasında kullanılmaktadır (Lakhera ve ark., 2018).

4.3 Transgenik Bitki Elde Etmek

Genetik transformasyon, arzu edilen özelliklere sahip genlerin konakçı bitkilere aktarılması ve transgenik bitkilerin geri kazanılması için araçlar sağlayan bitki hücresi ve doku kültürünün en yeni yönüdür (Tefera, 2019; Singh ve Kumar, 2020). Transgenik bitki üretiminde, izole edilen bitki hücreleri ya da dokuları ve aktarıldığı tüm bitkiyi transgenik hale getirmesi gerekmektedir. Doku kültürü ortamında, çevre şartları ve büyüme ortamı kontrol altında tutularak rejenerasyon sıklığı sağlanmaktadır (Lakhera ve ark., 2018). Teknik, bitki biyoteknolojisi ve ıslah programlarına entegre edilerek çeşitli bitkilerin genetik olarak iyileştirilmesinde büyük bir potansiyele sahiptir. Artan verim, daha iyi kalite ve zararlılara ve hastalıklara karşı gelişmiş direnç gibi agronomik önemli özelliklerin tanıtılması için umut verici bir role sahiptir (Tefera, 2019; Singh ve Kumar, 2020). Bitkilerde genetik

transformasyon, vektör aracılı (indirekt gen transferi) veya vektörsüz (direkt gen transferi) yöntemlerle sağlanabilir. Vektör bağımlı gen transfer yöntemleri arasında, bitki hücrelerinde yabancı genlerin ekspresyonu için en yaygın olarak *Agrobacterium* bakterisi aracılı genetik transformasyon kullanılmaktadır (Tefera, 2019). E. C. Ulian vd., 1988'de yaptıkları çalışmada, kanamisin direnci ve beta-glukuronidaz genlerini taşıyan *A. tumefaciens* bakterisini kullanarak sürgün ucu meristem kültüründe gen transferi sağlamışlardır (Lakhera ve ark., 2018).

Son zamanlarda *Jatropha* bitkisinin başarılı transgenik bitkileri, parçacık bombardımanı yöntemiyle tohumdan türetilmiş olgun sürgün uçlarına doğrudan DNA transferi yoluyla elde edilmiştir. Bu teknoloji, çeşitli endüstriyel sektörlerde tohum kullanımının önündeki engeli kaldırma noktasında tohumlardaki toksik maddelerin azaltılmasında önemli bir etkiye sahiptir. Hastalık veya viral dirençli bitkilerin rejenerasyonu artık genetik transformasyon tekniği kullanılarak sağlanmaktadır (Tefera, 2019).

4.4 Genetik Kaynakların Korunması

Bitki genetik kaynaklarının korunması, Dünya çapında geniş bir genetik çeşitlilik sunabilmek adına ihtiyaç duyan gıda güvenliği ve tarımsal biyoçeşitlilik için gereklidir. Genetik çeşitlilik, biyolojik ve çevresel stres faktörlerine dayanıklı, yeni ve daha verimli mahsullerin seçimi ve ıslahını sağlamak için alternatif sunmaktadır. Özellikle *in vitro* kültür teknikler ve moleküler biyoloji alanındaki gelişmeler, bitki genetik kaynaklarının daha iyi korunması için bazı imkanlar sağlamaktadır. *In vitro* kültür, tohum bankacılığının mümkün olmadığı bitkilerin genetiklerinin korunması için uygulanabilir bir alternatiftir.

Yapay kültür ortamlarında bitki germplazmının steril koşullar ve sabit çevresel faktörler altında büyümeyi içeren periyodik alt kültürleme ile bitki materyalinin doku kültürü koşulları altında birkaç yıl tutulmasına izin vermektedir (Tefera, 2019).

4.5 Sekonder Metabolit Üretimi

Sekonder metabolitler; insan ve hayvanda mikrobiyolojik etkiler gösteren bileşiklerdir ve bu durum bu bileşiklerin var oldukları bitkiyi de hastalıklara karşı koruduğunun kanıtıdır. Bunun yanında, sekonder metabolitlerin UV absorpsiyonu yapanları da vardır ve yaprakları ışık zararına karşı korumaktadır (Eray Vuran ve Türker, 2021).

Biyoaktif olan bu bileşikler insan ve hayvanda farmakolojik veya toksikolojik etkileri de vardır. Bu sekonder metabolitlerin, bitkilerden ticari olarak elde edilmesi çok güçtür. Biyoaktif olan bu maddeler yaklaşık bitki ağırlığının %1'inden daha azdır. Bu nedenle bitki doku kültürü teknolojisi değerli bu sekonder metabolitlerin üretiminde alternatif olarak görülmektedir. Son yıllarda yapılan çalışmalarda, değerli bu moleküllerin üretiminde tam bitkiyi yetiştirmeden bitki doku kültürü uygulamaları bir alternatif yol olarak düşünülmektedir (Topcu ve Çölgeçen, 2015; Eray Vuran ve Türker, 2021).

4.6 Somatik Hibridizasyon

Somatik hibridizasyon (SH) protoplast füzyonu yoluyla, türler arası ve türler arası hibritlerin üretimi için önemli bir araçtır ve iki farklı genom kaynaştırıcı protoplastlarını, ardından istenen somatik hibrit hücrelerin seçimini ve ardından hibrit bitkinin rejenerasyonunu içermektedir (Tefera, 2019; Singh ve Kumar, 2020). Somatik hibridizasyon, artan verim ve hastalıklara karşı direnç ile yeni melezler oluşturmak için farklı bahçecilik ürünlerinde yaygın olarak kullanılmaktadır. Ayrıca tuz

toleransı, kalite iyileştirme, sitoplazmik erkek kısırlılığının (CMS) transferi, çekirdeksiz triploidler ve anaç iyileştirme için de kullanılmıştır (Tefera, 2019).

Protoplast füzyonu ile somatik hibridizasyon, narenciye üreme özellikleriyle ilgili birçok sorunun üstesinden gelerek yeni genotiplerin elde edilmesine olanak sağlamıştır. Somatik hibridizasyon, turunçgillerde, anacın çeşitli biyotik ve abiyotik streslere karşı direncini ve verimin artırmasının yanı sıra meyve kalitesinin artmasına neden olmuştur (Tefera, 2019; Singh ve Kumar, 2020).

4.7 Organogenez

Organogenez, doğrudan bir eksplanttan veya bir kallus kültüründen organ üretimine dayanmaktadır. Organogenez yoluyla üç bitki regerasyonu yöntemi vardır. İlk iki yöntem, bir kallus kültüründen veya doğrudan bir eksplanttan kaynaklanan tesadüfi organlara bağlıdır. Alternatif olarak üçüncü yöntem ise, bazı doku kültürü türlerinden tüm bitkiyi yeniden oluşturmak için de kullanılabilen aksiller (axillary) ama oluşum ve büyüme yöntemidir. Organogenez, bitki dokularının doğal plastisitesine dayanmakta ve ortamın bileşenlerini değiştirerek düzenlenmektedir. Özellikle, yenilenen dokunun hangi gelişim yolunu izleyeceğini belirleyen, ortamın oksin sitokinin oranıdır (Lakhera ve ark., 2018).

5 Sonuçlar

Sonuç olarak; bitki doku kültürü, tarımın sürdürülebilir üretiminde önemli bir rol oynama potansiyeline sahiptir. Bununla birlikte, hastalık ve haşere direncini iyileştirmek için bazı vejetatif olarak üretilen bitkilerin genetik manipülasyonu için muazzam bir potansiyel vardır. Bitki doku kültürü, şu anda en umut verici uygulama alanlardan biri oluşturmaktadır. Bu yüzden tarımsal sürdürülebilirlik ve gıda güvenliği noktasında değerlendirilmeli, çalışmalar genişletilmelidir.

6 Beyanname

Rakip çıkarlar

"Bu çalışmada herhangi bir çıkar çatışması yoktur."

Bu makalede 1.yazar literatür taraması ve makale yazımına, 2. yazar ise makale düzenlenmesine katkıda bulunmuştur.

7 Kaynakça

- Akgün, İ., Tosun, M. ve Sağsöz, S. (1996). Biyoteknoloji ve bitki ıslahındaki kullanım alanları. *Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 27 (2), 312-323.
- Akpınar, G. (2006). Embriyonik kültür yöntemiyle yetiştirilen ve soğukta muhafaza edilen ayçiçeği (*Helianthus annuus* L.) bitkilerinde karyolojik ve anatomik incelemeler. Yüksek Lisans Tezi, Edirne: Trakya Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü.
- Aktaş, T. ve Çölgeçen, H. (2017). Farklı bitki türlerinden bitki doku kültürü teknikleriyle flavonoidlerin üretimi. *Karaelmas Fen ve Mühendislik Dergisi*, 7 (2), 665-673.
- Balı, E. A., Türkmen, O. S., Baytekin, G., Dardeniz, A. ve Şahin, E. (2020). Bazı üzüm çeşitlerinin doku kültürü yöntemiyle mikroçoğaltımı üzerine bir araştırma. *ÇOMÜ LJAR*, 1 (2), 30-35.
- Bejaoui, R. (2022). *Kalanço (kalanchoe blossfeldiana poelln.)'nun in vitro koşullarda mikroçoğaltımı*. Doktora Tezi. Ankara Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Ankara.

- Bürün, B. (2021). Bitki biyoçeşitliliğinin korunmasında biyoteknolojinin kullanımı ve Türkiye'deki çalışmalar. *Eskişehir Technical University Journal of Science and Technology C- Life Sciences and Biotechnology*, 3 (2), 1-16.
- Dilmen, R. ve Göktürk Baydar, N. (2016). Yağ Güllü (*Rosa damascena* mill.)'nde doku kültürü uygulamaları. *Süleyman Demirel Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 11 (2), 134-141.
- Dinçer, D., Bekçi, B. ve Bekiryazıcı, F. (2016). Türkiye'deki doğal bitki türlerinin üretiminde doku kültürü tekniklerinin kullanımı. *Nevşehir Bilim ve Teknoloji Dergisi TARGİD Özel Sayı*, 295-302.
- Ekmekçi, B. A. ve Sözen, E. (2005). Proplast füzyonu ile origanum onites ve origanum majorana arasında somatik hibritlerin eldesi ve bunların moleküler analizle onaylanması. *Anadolu Üniversitesi Bilim ve Teknoloji Dergisi*, 6 (1), 157-165.
- Ellialtıoğlu, Ş. Ş. ve Taşkın, H. (2021). Süs bitkileri ıslahında kullanılan doku kültürü, genetik mühendisliği ve mar kır yöntemleri. N. Y. Yalçın Mendi, & S. Kazaz içinde, *Süs Bitkileri Islahı* (s. 203-234). Ankara: Gece Kitaplığı.
- Eray Vuran, N. ve Türker, M. (2021). Bitki doku kültürlerinde sekonder metabolit miktarını arttırmaya yönelik uygulamalar. *International Journal of Advances in Engineering and Pure Sciences* 33 (3), 487-498.
- Erdemel, B. H. ve Aygün, A. (2016). Bazı *Prunus* spp türlerinin tohumlarından kallus kültürlerinin oluşturulması . *Akademik Ziraat Dergisi*, 5 (1), 9-12.
- İçigen, H. Ö. (2019). *Bitki doku kültürü yöntemi ile elde edilen bazı bitki türlerinin antimikrobiyal aktivitelerinin belirlenmesi*. Yüksek Lisans Tezi, Kütahya Dumlupınar Üniversitesi, FBE, Kütahya.
- Lakhera, K., Kumar, A., Rani, A., Dixit, R., & Rana, S. (2018). Plant tissue culture and its application. *Bulletin of Pure & Applied Sciences- Botany* 37 (6), 32-37.
- Onay, A., Yıldırım, H., Pirinç, V., Tilkat, E., Çiftçi, Y. Ö., Akdemir, H. ve Kılınç, F. M. (2012). Bitkilerin biyoteknolojik yöntemlerle ticari çoğaltımı; mevcut ve gelecekteki durum. *Journal of Life Sciences*, 1 (2), 11-28.
- Singh, J. and Kumar, A. (2020). Plant tissue culture and its application in agriculture as biotechnological tool. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences, Special Issue* (11), 274-284.
- Tefera, A. A. (2019). Review on application of plant tissue culture in plant breeding. *Journal of Natural Sciences Research* 9 (3), 20-25.
- Topcu, Ş. ve Çölgeçen, H. (2015). Bitki sekonder metabolitlerinin biyoreaktörlerde üretilmesi. *Türk Bilimsel Derlemeler Dergisi*, 8 (2), 09-29.
- Uysal, H., Seyis, F. ve Kurt, O. (2006). Tarla bitkilerinde melezleme bariyerlerinin aşılmasında alternatif yöntem: embriyo kültürü. *OMÜ Zir. Fak. Dergisi*, 2 (1), 116-122.



© 2020 by the authors. Submitted for possible open access publication under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY) license (<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>).



Review Article

Journal of Agricultural Biotechnology (JOINABT) 4(1), 11-17, 2023

Received: 18-May-2023 Accepted: 15-Jun-2023

<https://doi.org/10.58728/joinabt.1298964>



SAKARYA UNIVERSITY
OF APPLIED SCIENCES

Kavun Hastalıkları, Mücadele Yöntemleri ve Dayanıklılık Mekanizmalarında Kullanılan Moleküler Markırlar

Necibe Kayak^{1*}

¹Bahçe Bitkileri, Ziraat Fakültesi, Sakarya Uygulamalı Bilimler Üniversitesi, Türkiye

ÖZ

Kavun (*Cucumis melo*), dünyada ekonomik olarak yetiştiriciliği yapılan önemli türlerden biridir. Kavunda en önemli hastalıkların başındaki hastalık etmenleri *Fusarium* solgunluğu (FOM), kabak sarı mozaik virüsü (ZYMV), MNSV (Melon necrotic spot virüs), külleme (*Podosphaera xanthii*) olarak bilinmektedir. Bu hastalık etmenleri kavun üretim alanlarında önemli kayıplara neden olmaktadır. Kavun üretim alanlarında verim ve kalite kayıpların önüne geçilmesi için hastalığa dayanıklı çeşitlerin geliştirilmesi en etkili yöntemdir. Tek başına klasik ıslah programları uzun süreçler alması ve genetik açıdan kesin sonuçlar elde edilmemesinden dolayı ilgili genler için moleküler markırların geliştirilmesi ıslah programları için çok önemlidir. Yeni geliştirilen moleküler ıslah metodlarından DNA markırları PCR'a dayalı olmayan markırlar (RFLP) ve PCR'a dayalı markırlar (RAPD, SSR, AFLP, SRAP, SNP, CAPS vb.) şeklinde iki grupta sınıflandırılmaktadır. Günümüzde markırların çoğunluğu PCR'a dayalı markırlardır.

Anahtar Kelimeler: Kavun, moleküler ıslah, dayanıklılık ıslahı

Molecular Markers Used in Melon Diseases, Control Methods and Resistance Mechanisms

ABSTRACT

Melon (*Cucumis melo*) is one of the important species cultivated economically in the world. Disease agents at the beginning of the most important diseases in melon are known as *Fusarium* wilt (FOM), pumpkin yellow mosaic virus (ZYMV), MNSV (Melon necrotic spot virus), powdery mildew (*Podosphaera xanthii*). These disease agents cause significant losses in melon production areas. In order to prevent these losses, the most effective method is to develop disease-resistant varieties with breeding methods. Since classical breeding programs supported by molecular studies are faster and more effective, the development of molecular markers for related genes is very important for breeding programs. DNA markers from newly developed molecular breeding methods are classified in two groups as non-PCR-based markers (RFLP) and PCR-based markers (RAPD, SSR, AFLP, SRAP, SNP, CAPS, etc.). Today, the majority of markers are PCR-based markers.

Keywords: Melon, molecular markers, resistance breeding

^{1*}Sorumlu yazarın e-posta adresi: necibekayak@subu.edu.tr

1. Giriş

Kavun (*Cucumis melo* L.), *Cucurbitaceae* familyasına ait morfolojik çeşitliliği ve meyve yapısı bakımından yüksek polimorfizm gösteren ekonomik öneme sahip bir sebze türüdür [1, 2]. Dünya kavun üretim miktarı 28.617 milyon ton'dur (FAO, 2021) [3]. Dünya sıralamasında kavun üreten ülkelerde birinci sırada Çin (13.909 ton), ikinci sırada Türkiye (1.681 ton), üçüncü sırada Hindistan (1.423 ton) bulunmaktadır [3]. Türkiye kavunun sekonder gen merkezi olup, genetik kaynakları açısından da çok fazla çeşitliliğe sahip olduğu bildirilmiştir [4, 5, 6].

Geniş alanlarda yapılan kavun üretimlerinde, çeşitli sorunlar ile karşılaşmaktadır. Özellikle bu sorunların başında üretim alanlarını etkileyen hastalık etmenleri büyük miktarlarda verim ve kalite kayıplarına neden olmaktadır. Bu kayıpların en büyük nedeni virüs, bakteri, fungus ve nematodlardır. Kavunda en önemli hastalıkların başındaki hastalık etmeni kabak sarı mozaik virüsü (ZYMV), MNSV ve *Fusarium* solgunluğu, külleme (*Podosphaera xanthii*) olarak bilinmektedir.

Fusarium oxysporum f.sp. *melonis* (FOM), toprak kökenli bir fungustur. Risser, Banihashimi [7], *Fusarium oxysporum* f.sp. *melonis* (FOM)' un dört ırkını (0, 1, 2 ve 1.2) tanımlanmış ve bu ırklar iki dominant genle kontrol edilmektedir. Bitkide *Fusarium*'a dayanıklılık için bu iki genin de olması gerekmektedir. Yapılan bir çalışmada; kavun genotiplerinde DNA sekanslama çalışması sonucunda *F. oxysporum* f. sp. *melonis* (Fom)'in 0 ve 2 numaralı ırklarına karşı FOM-1 geninin dayanıklı olduğu bildirilmiştir [8]. Yapılan başka bir çalışmada; kavunda genom sekanslama yöntemiyle *Fusarium oxysporum* f. sp. *melonis* (Fom) 'in ırklarına karşı dirençli genler belirlenmeye çalışılmış ve Fom'ın 0 ve 1 numaralı ırklarına karşı Fom-2 geninin dirençli olduğu ortaya çıkarılmıştır [9]. Patojen, kavun yetiştiriciliği yapılan ülkelerde ciddi ürün ve kalite kayıplarına neden olmaktadır. Toprak kökenli bu patojen ile mücadelede toprak fumigasyonu ile hastalığın etkinliği kontrol altına alınabilmektedir. Ancak bu yöntem oldukça pahalı ve çevreye olumsuz etkileri olmaktadır [8]. Toprak kökenli bu patojen ile mücadelede en etkili yol dayanıklı çeşit kullanmaktır.

Dünya kavun üretiminde ciddi zararları olan en büyük viral grup Zucchini Yellow Mosaic Virüsü (ZYMV) olup yüksek verim kayıplarına yol açmaktadır [10]. Enfekteli bitkilerde, meyvelerde deformasyon ve renk değişiklikleri kavunları pazarlanamaz hale getirmektedir. Pitrat Lecoq [11] yaptıkları çalışmada ZYMV dirençliliğini tek genle kontrol edildiğini rapor etmiş ancak Danin-Poleg, Tadmor [12] dirençliliğin 3 dominant genle (Zym-1, Zym-2, ve Zym-3) kontrol edildiğini çalışmalarında belirlemiştir [13]. Direncin ifadesi için üç dominant genin var olması gereklidir ve dominant alellerden herhangi birinin olmaması, duyarlılıkla sonuçlanacaktır. Kavunda ZYMV dirençleri genetik harita çalışmalarında belirtilmiş olsa da, ZYMV direnci kavun lokusları arasındaki genetik ilişkiler bilinmemektedir.

MNSV (Melon necrotic spot virüs), Tombusviridae ailesindeki *Carmovirus* cinsine aittir ve yapraklarda sistemik nekrotik lekeler ve kavun, hıyar ve karpuzun saplarında izlere ve ayrıca zaman zaman bitki çökmesine neden olmaktadır [14]. Etmen *Cucurbitacea* familyasıyla sınırlı az sayıda konukçu dizisine sahip olmakla beraber tohumla ve toprak kökenli bir mantar olan *Olpidium borovanus* ile taşınmaktadır [15, 16]. MNSV genomu, en az beş farklı proteini kodlayan 4.3 kb'lik tek sarmallı bir RNA molekülüdür [17]. MNSV' nin tek bir resesif direnç geniyle (nsv) kontrol edildiğini belirtmişlerdir [18]. Çoğu bitki virüsünde olduğu gibi, MNSV sistematik olarak floem dokusu yoluyla kavun bitkilerinde yayılmaktadır [19].

Kabakgillerde en fazla görülen hastalıklardan birisi de küllemedir. Külleleme iki fungus sebep olmaktadır; *Podosphaera xanthii* ve *Golovinomyces cichoracearum*. Fungus besinlerini özel

organlarıyla (haustorium) konukçu bitkinin hücrelerinden karşılar. Bu nedenle bitkilerde verim ve kalite kayıpları meydana gelir. Kalıtım çalışmalarında küllemenin genellikle monogenik baskın genle (R direnç genleri) kontrol edildiği fakat resesif genlerinde hastalık üzerinde etkili olduğu gözlenmiştir. Bugüne kadar kavunda *P. xanthii*'nin 5 ırkı (0, 1, 2, 3 ve 5), *G. cichoracearum*' un 2 ırkı (0 ve1) tespit edilmiştir. Küllemede hastalığı kontrol altına almak için kullanılan en belirgin yöntemlerden birisi kimyasal uygulamasıdır. Ancak kimyasal ilaç kullanımı hem maliyetli hem de zaman kaybına neden olmaktadır. Bu nedenle çevreye uyumlu, ekonomik ve daha etkili bir yol olan dayanıklı çeşitler kullanılmalıdır.

Günümüzde kavunda klasik ıslah metotları ile birçok yeni çeşit geliştirilmiştir ancak hastalık ve zararlılara dayanıklılığın iyileştirilmesi konusunda çalışmaların devam etmesi gerekmektedir [20]. Hastalık ve zararlı etmenlerin kontrolünde en etkin yöntem dayanıklı çeşitlerin ıslah edilmesi ve üretimde kullanılmasıdır. Dünyada hastalık ve zararın önlenmesi amacıyla her yıl tonlarca pestisit kullanılmaktadır [7]. Pestisit kullanılmaksızın üretim yapılması halinde, üretim miktarında %60 hatta %100 kayıp olabilmektedir. Dünyada tarım ilacı üretimi 3 milyon ton, yıllık satış tutarı ise 25-30 milyar \$ arasında değişmektedir. Türkiye'de 2019 yılında 51.297 ton tarım ilacı kullanılmıştır.

1.1. Tarım İlacı Kullanımın Zararları

Hastalık ve yabancı otlara karşı uygulanan ilaçlamalarda pestisitinin %0.015-%6'sı hedef canlı üzerine ulaşmakta ve yeterli etki alınmakta, geri kalan %94-99.9'luk kısım ise ekosistemde hedef olmayan organizmalara ve toprağa ulaşmakta ya da çevredeki doğal ekosistemlere kimyasal kirleticiler olarak karışmaktadır [21].

Tarım ilacı kullanımının getirdiği bu sorunlar araştırmacıları farklı savaşım yöntemlerinin geliştirilmesi gerektiği noktasına getirmiştir.

Biyolojik mücadele terimi, "zararlı popülasyonları doğal düşmanları vasıtasıyla baskı altına alma ve düzenleme" şeklinde tanımlanmaktadır [22]. Biyolojik savaş doğada kendiliğinden işleyen bir sistemdir. Biyolojik savaş, hastalık etmenleriyle antagonistik organizmalar arasındaki etkileşimin bir ürünü olarak ortaya çıkar. Yarışma yani rekabet yoluyla biyolojik savaşta, bir ortamda patojen ve antagonistik organizma aynı faktöre gereksinim duyar ve bu faktör de sınırlı bulunursa burada bir rekabet ortamı doğar.

Biyolojik mücadelede kullanılan biyotik ve abiyotik faktörler;

- Doğal düşmanlar,
- Besin,
- Tür içi rekabet,
- Türler arası rekabet (diğer doğal düşmanlar),
- İklim ve diğer fiziksel faktörler ve
- Yer ve yaşam alanı istekleri.

Dayanıklı çeşit kullanımı sadece verim ve kalitenin artışını değil, aynı zamanda kimyasal kullanımını da azaltmaktadır.

1.2. Dayanıklılık Islahı

Dayanıklılık ıslahının amacı; üzerinde çalışılan hastalık veya zararlı etmene karşı dayanıklılığı sağlayan gen veya genleri belirlemek, bunları ıslah programında kullanarak dayanıklı bireyler elde etmektir.

Dayanıklılık ıslah programlarında en büyük sorun ebeveynlerin melezlenmeleri sonucu elde edilen dayanıklı bireylerin belirlenmesidir. Klasik ıslah programlarında elde edilen bitkilerin dayanıklılıkları patojenite testleriyle ortaya çıkarılmaktadır. Bu uygulamalar zaman almakta, fazla iş gücü gerektirmekte ve oldukça güç olmaktadır. Bitki ıslah çalışmalarında melezlemeler yoluyla genetik işlemlerin ve seleksiyonun etkinliği artırılmaya çalışılmaktadır. Fakat bunlar da çok uzun zaman alan, zahmetli ve yüksek maliyetli işlemlerdir. Günümüzde ise klasik bitki ıslahı programlarını tamamlayan ve destekleyen yeni moleküler ve biyoteknolojik yöntemler geliştirilmiştir.

Moleküler seleksiyon için kullanılan moleküler markırlar, çevresel koşullardan etkilenmez, her zaman her koşulda stabil olup, farklılık göstermezler. Moleküler markırlar, dominant veya kodominant özellikte olabilirler ve kalıtları basit ilkelere dayanmaktadır. Özellikle çevresel koşullardan çok etkilenen dolayısıyla fenotipik olarak gözlenmeleri zor olan karakterlerin seleksiyonunda son derece başarılı olup, doğru bir şekilde seçilmelerine olanak tanır. Moleküler markırlar ile direnç geni mevcut olmayan hassas çeşitlerin ıslahının kolaylaştırması beklenmektedir.

2. Kavunda Hastalık Dayanım Mekanizmasında Kullanılan Moleküler Markır Sistemleri

Moleküler markırlar, canlı genomunda rastgele bir gen bölgesi ya da belirli bir gen bölgesi ile ilişkili DNA parçası olarak adlandırılmaktadır [23]. Polimeraz zincir reaksiyonundan (PCR) sonra birçok morfolojik markır insan, hayvan ve bitki genetik çalışmalarında kullanılmaktadır. Kavunda kullanılan yöntemler belirli amaca yöneliktir bunlar; bitki gen kaynaklarının taranması, bitkiler arasındaki genetik mesafelerin belirlenmesi, çeşit ve hibrit bitki tanısı, genetik düzeyde çeşit saflığının belirlenmesi ve hastalık zararlılara dayanıklılıktır.

Dayanıklılık ıslahının en büyük amacı hastalık ve zararlıya karşı dayanıklılığı sağlayan gen veya genleri belirlemek ve bu genlere sahip olan dayanıklı bireyleri elde etmektir. Islah programında en büyük zorluk hassas ve dayanıklı ebeveynlerin melezlenmesi sonucu elde edilen dayanıklı bireylerin belirlenmesidir. Bu bireylerin belirlenmesi için kullanılan en uygun yöntemlerden birisi markır destekli seleksiyondur. Dayanıklılığı sağlayan genleri taşıyan bireylerin markır kullanarak belirlemek mümkün olmaktadır. DNA markırları PCR'a dayalı olmayan markırlar (RFLP) ve PCR'a dayalı markırlar (RAPD, ISSR; SSR, AFLP, SRAP, SNP, CAPS, vb.) şeklinde iki grupta sınıflandırılmaktadır. Günümüzde markırların çoğunluğu PCR'a dayalı markırlardır.

Markırların bir diğerine göre tercih edilmelerinde, ulaşılabilirliği, uygulama tekniğinin basit olması, çalışılacak olan popülasyonda öngörülen polimorfizm düzeyi, DNA miktar ve kalitesinin uygun olması, markır kalıtımı (dominant-kodominant) ve popülasyonda araştırılan genetik bilginin tipidir [24].

Çizelge 1: Yaygın olarak kullanılan bazı markır sistemlerinin özellikleri [25].

Markır Sistemi	PCR Gereksinimi	Polimorfizm Seviyesi	Dominantlık Durumu	Maliyet	Dizilenme Gereksinimi	Referans
RAPD	Evet	Çok Yüksek	Dominant	Düşük	Yok	[26]
RFLP	Hayır	Orta	Kodominant	Yüksek	Evet	[27]
AFLP	Evet	Yüksek	Dominant	Yüksek	Yok	[28]
SSR	Evet	Yüksek	Kodominant	Yüksek	Evet	[29]
ISSR	Evet	Yüksek	Dominant	Yüksek	Yok	[30]
SNP	Evet	Yüksek	Kodominant	Değişken	Evet	[31]
CAPS	Evet	Yüksek	Kodominant	Düşük	Evet	[32]

Ülkemizde kavun ıslahında tek genle veya majör genlerle idame edilen hastalıklara karşı markır yardımcı seleksiyon özel sektör tohum şirketleri ve kamu kuruluşları tarafından etkili bir şekilde kullanılmaktadır. MAS özellikle farklı hastalıklara karşı dayanıklılık genlerinin bir ıslah hattında veya çeşitte toplanması için oldukça etkili bir yöntemdir.

3. Sonuç

Dayanıklılık ıslahında markır destekli seleksiyon tekniğinin başta kavun olmak üzere *Cucurbitaceae* familyasında kullanım alanı oldukça fazladır. Bu teknik oldukça hızlı, etkin ve ekonomik bir seleksiyon yöntemidir. Tek başına klasik ıslah metodlarının yerine geçebilecek bir yöntem değil, ıslahın başarısını arttırmak için yardımcı olarak kullanılan bir tekniktir.

Hastalıklara karşı dayanıklılıkta fonksiyonel genomik bilgilerin etkin bir şekilde uygulanması, bitkide meydana gelen diğer moleküler işlevler anlaşılmasına da yardımcı olacaktır. Bu işlevlerin iyi anlaşılması ve farklı uygulamaların kombinasyonları oluşturularak kullanılması ile dayanıklı çeşit geliştirilmesine ve bitkilerde dayanıklılığa önemli katkılar sağlanabilecektir.

4. Beyanname

4.1. Yazarların Katkıları

Bu çalışma tek yazar tarafından yazıldığı için yazar katkı payı %100'dür.

Kaynakça

- [1] Fanourakis, N., Tsekoura Z., and Nanou, E. (2000). Morphological characteristics and powdery mildew resistance of *Cucumis melo* landraces in Greece. *Acta Horticulturae*, 510:241, 245
- [2] Soltani, F., Akashi, Y., Kashi, A., Zamani, Z., Mostofi, Y., and Kato, K. (2010). Characterization of Iranian melon landraces of *Cucumis melo* L. Groups Flexuosus and Dudaim by analysis of morphological characters and random amplified polymorphic DNA. *Breeding Science*, 60:34-45.
- [3] FAO. (2023): FAO, Statistic Database 2023. [cited 2022 <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>].
- [4] Sarı, N. and Solmaz, İ., (2007). Fruit characterization of some Turkish melon genotypes, *Acta Horticulturae*, 731, 103-107.
- [5] Şensoy, S., Büyükalaca, S., and Abak, K., (2007). Evaluation of genetic diversity in Turkish melons (*Cucumis melo* L.) based on phenotypic characters and RAPD markers., *Genet. Resour. Crop Evol.* 54: 1351-1365, 54 (6), 1351-1365
- [6] Pitrat, M., Chauvet, M., and Foury, C., 1999. Diversity, History and Production of Cultivated Cucurbits. Proc. 1st Int. Symp. on Cucurbits


- [7] Risser, G., Banihashimi, Z., and Davis, D., (1976). A proposed nomenclature of *Fusarium oxysporum* f. sp. *melonis* races and resistance genes in *Cucumis melo*, *Phytopathology*, 66:1105-1106.
- [8] Oumouloud, A., Otmani, M.E., and Alvarez, J.M. (2015). Molecular characterization of Fom-1 gene and development of functional markers for molecular breeding of resistance to Fusarium race 2 in melon, *Euphytica*.
- [9] Schmidt, S.M., Lukasiewicz, J., Farrer, R., Dam, P.v., Bertoldo, C., and Rep, M., (2016). Comparative genomics of *Fusarium oxysporum* f. sp. *melonis* reveals the secreted protein recognized by the Fom-2 resistance gene in melon, Europe PMC Funders Group, 209, 307-318.
- [10] Mandoulakani, B.A., Rahmanpour, S., Shaaf, S., Khoei, S.G., Rastgou, M., and Rafezi, R., (2015). Towards the identification of retrotransposon-based and ISSR molecular markers associated with populations resistant to ZYMV in melon. *South African Journal of Botany*, 100, 141-147.
- [11] Pitrat, M. and Lecoq, H., (1984). Inheritance of zucchini yellow mosaic virus resistance in *Cucumis melo* L., *Euphytica* 33, 57-61.
- [12] Danin-Poleg, Y., Tadmor, Y., Tzuri, G., Reis, N., Hirschberg, J., and Katzir, N., (2002). Construction of a genetic map of melon with molecular markers and horticultural traits, and localization of genes associated with ZYMV resistance. *Euphytica*, 125, 373-384.
- [13] Danin-Poleg, H.S.P. Y, S. Cohen, H.D. Rabinowitch, and Z. Karchi, (1997). Oligogenic inheritance of resistance to zucchini yellow mosaic virus in melons. *Euphytica* 93, 331-337.
- [14] Hibi, T. and Furuki, I., (1985). Melon necrotic spot virüs. CMI/AAB descriptions of plant viruses, 302. *CMI/AAB Descriptions of plant viruses. Warwick, UK: Association of Applied Biologists.*
- [15] Compbell, R.N., (1996). Fungal transmission of plant viruses, *Annu.Rev. Phytopathol*, 34:87-108
- [16] Hibi, T. and Furuki, I., (1985). Melon necrotic spot virüs. CMI/AAB descriptions of plant viruses, 302. *CMI/AAB Descriptions of plant viruses. Warwick, UK: Association of Applied Biologists.*
- [17] Genovés, A., Navarro, J., and Pallás, V.J., (2006). Functional analysis of the five melon necrotic spot virus genome-encoded proteins, *Gen Virol*, 87(Pt 8) 2371-238, doi: 10.1099/vir.0.81793-0
- [18] Nieto, C., Morales, M., Orjeda, G., Clepet, C., Monfort, A., Sturbois, B., Puigdomenech, P., Pitrat, M., Caboche, M., Dogimont, C., Garcia-Mas, J., Aranda, M.A. and Bendahmane, A., (2006). An eIF4E allele confers resistance to an uncapped and non-polyadenylated RNA virus in melon, *Plant Journal*, 48(3), 452-6.
- [19] Gosalvez-Bernal B., Genoves A., Navarro JA., Pallas V., and S.-P. MA, (2008). Distribution and pathway for phloem-dependent movement of Melon necrotic spot virus in melon plants. *Mol Plant Pathol*, 9(4):447-61.
- [20] Levi, A., Thomas, C.E., Keinath, A.P., and Wehner, T.C., (2001). Genetic diversity among watermelon (*Citrullus lanatus* and *Citrullus colocynthis*) accessions, *Genet. Resour. Crop. Evol*, 48: 559-566.
- [21] Yıldız, M., Gürkan, M.O., Turgut, C., Kaya, Ü., Ünal, G., (2014). Tarımsal savaşımında kullanılan pestisitlerin yol açtığı çevre sorunları, *ReserchGate*.
- [22] Uygun, N., Ulusoy, M.R., ve Tatar, S., (2010). Biyolojik mücadele. *Türk. biyolojik mücadele dergisi* 1(1), 1-14.
- [23] Yağcıoğlu, M., 2018. Hıyarda (*Cucumis Sativus* L.) Tohum iriliği ile düşük sıcaklıkta çimlenme yeteneğinin karşılıklı melezleme ve genomik bağlantı analizleriyle QTL haritalanması (Doktora Tezi). Ankara Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı. Sayfa sayısı!
- [24] Semagn, K., Bjørnstad, Å., and Ndjiondjop, M., (2006). An overview of molecular marker methods for plants. *African journal of biotechnology*, 5(25).

- [25] Kayak, N., 2022. Kırkağaç ve Hasanbey tipi kavunlarda Fom (*Fusarium oxysporum* f.sp. *melonis*) ve ZYMV (*Zucchini Yellow Mosaic* Virüs) dayanımlı ıslah hatlarının eldesi (Doktora Tezi). Selçuk Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Bahçe Bitkileri Bölümü. Sayfa sayısı!
- [26] Zhuang, F., Chen, J., Staub, J., and Qian, C., (2004). Assessment of genetic relationships among *Cucumis* spp. by ssr and rapd marker analysis. *Plant Breeding*, 123(2), 167-172.
- [27] BaudraccoArnas, S. and Pitrat, M., (1996). A genetic map of melon (*Cucumis melo* L) with RFLP, RAPD, isozyme, disease resistance and morphological markers, *Theoretical and Applied Genetics*, 93, 57-64.
- [28] Vos, P., Hogers, R., Bleeker, M., Reijnhabs, M., Lee, Theo van de, Hornes, M., Frijters, A., Pot, J., Peleman, J., Kuiper, M., and Zabeau, M., (1995). AFLP: A New Technique for DNA Fingerprinting, *Nucleic Acid Res.*, 21, 4407-4414.
- [29] Robinson, A.J., Love, C.G., Batley, J., Barker, G., and Edwards, D., (2004). Simple sequence repeat marker loci discovery using SSR primer. *Bioinformatics*, 20, 1475-1476.
- [30] Godwin, I.D., Aitken, E.A.B., and Smith, L. W., (1997). Application of Inter Simple Sequence Repeat (Issr) Markers to Plant Genetics, *Electrophoresis*, 18, 1524-1528.
- [31] Twyman, R.M., (2005). Single nucleotide polymorphism (SNP) genotyping techniques an overview, *Encyclopedia of Diagnostic Genomics and Proteomics*. New York, USA: Marcel Dekker, Inc, 1202-1207.
- [32] Konieczny, A. and Ausubel, F.M., (1993). A procedure for mapping Arabidopsis mutations using co-dominant ecotype-specific PCR-based markers, *The plant journal*, 4, 403-410.



© 2020 by the authors. Submitted for possible open access publication under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY) license (<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>).

The Molecular Characterization and Evolutionary History Analysis of *Cotton leaf curl Multan virus* (CLCUMUV) Infecting (*Hibiscus sabidarrifa*, *Hibiscus rosa-sinensis*) in Punjab Province of Pakistan

Muhammad ARIF^{1*} 

¹ Department of Plant Protection, Faculty of Agriculture, Sakarya University of Applied Sciences, muhammadarif@subu.edu.tr

ABSTRACT

The plants (*Hibiscus sabidarrifa* and *Hibiscus rosa-sinensis*) are cultivated in many tropical and subtropical climates for their versatile usage. Plant viruses have a significant capacity to cause the maximum losses in agricultural production. It is assumed that these viruses are responsible for the emergence of about half of plant diseases which are a major threat to food safety or ecological integrity worldwide. Geminiviruses are family of plant viruses with characteristic twinned quasi-icosahedral virions and a small, single-stranded circular DNA genome. Some plants (*H. sabidarrifa* and *H. rosa-sinensis*) showing the characteristic symptoms of viruses were observed. The presence of whitefly vector presumed that these plants might have begomovirus. A 550 bp of amplicon size as a plasmid was obtained from the infected plants after PCR reaction. The obtained amplicon was amplified with sequence specific primers to get the full length genome. The sequence analysis has proved the existence of *Cotton leaf curl Multan virus* (CLCUMUV) from symptomatic plants. The full genome sequence analysis revealed a 2.4-2.5 kb full genome of CLCUMUV infecting Roselle species. A phylogenetic and evolutionary history analysis has confirmed the association of this virus with other aligned viruses. Overall, we have identified one new species as host of begomovirus in this area.

Keywords: AC2 gene, Begomovirus, nucleotide comparison, phylogenetic analysis, Roselle

* Corresponding Author's email: muhammadarif@subu.edu.tr

1. Introduction

Hibiscus genus a member of malvaceous family mostly belongs to the tropical and subtropical regions and has approximately 300 species [1]. Its cultivation was started from Sudan in 60000 years ago and become famous as Sudanese tea. The *H. sabdariffa* commonly known as Roselle is one of most famous specie of

Hibiscus which is cultivated in tropical regions for leaves, stem, seeds and most importantly its dry calyces used as a tea, syrup and jams worldwide. The cultivation of Roselle in Asian territories is for the production of bast fiber which is obtained from its stems by the process of retting [2].

The *H. rosa-sinensis* is also a member of the genus *Hibiscus*. This plant is mostly used as herbal medicine in China and India. The World health organization (WHO) has declared this plant as emerging folk medicine for many health problems. As this plant contains a many antioxidants and bioactive compounds which are used as anti-ovulatory, infertility, antifungal, antiviral, anti-inflammatory, hypertension, liver disorder, pyrexia and antibacterial [3, 4].

Begomoviruses are a group of plant viruses possess a small circular single-stranded DNA of 2.6–2.8 kb genome and geminate capsid morphology. The most of begomoviruses have two modules like DNA A and DNA B, which are important for viral propagation [5]. This group of plant viruses have ssDNA that leads to the major losses in economic crops throughout the world. The non-cultivated plants act as harbor and the second host of many begomoviruses, and as mixing vessels at recombination site. These viruses are extremely recombination-prone and show nucleotide substitution rates and are equivalent to other RNA viruses [6, 7].

The CLCuMuV and its associated betasatellites have versatile host range ranging from cultivated crops like cotton, tomato, tobacco, sunflower okra, hemp and non-cultivated plants including Ageratum, Hibiscus, Kudzu and many other weeds. It is estimated that this devastating virus has almost more than 400 host species. Weeds are serving as a major inoculum reservoir of this virus. The host range of this virus is increasing quickly as by detection of this virus from alternate hosts [8, 9].

These begomoviruses are divided into two groups like old world and new world on the basis of genomic studies. The ssDNA molecule of begomovirus is further categorized into two components like DNA-A and DNA-B as having their genome structure. Both DNA-A and DNA-B have broad functions and varied form of open reading frames (ORFs). Proteins encoded by DNA-A of begomovirus are associated with viral DNA replication, vector transmission and encapsidation, while those encoded by DNA-B are required in the intercellular and intracellular movement of viral particles. These proteins have multiple functions including host gene regulation, virus replication, vector transmission, viral assembly and silencing suppression [10-12].

The AC2 genes encode as main pathogenicity factor in many Begomoviruses and family *Geminiviridae*. This gene serves as a resistance breakage in many cultivated and non-cultivated plants including cotton. This gene has multifunctional protein which is involved in transcriptional control, silencing of gene and regulation of basal biosynthesis [13]. The main symptoms of begomoviruses are vein thickening, yellowing, curling and vein enations underside the leaves. The DNA β sequence of *cotton leaf curl Gezira virus*

interestingly show similar symptoms but in different ecological locations. One DNA molecule can relate with four other main CLCuD which have also the same type of typical symptoms [14].

Begomoviruses have a variety of host species including cultivated and uncultivated plants. Studying the begomoviruses of cultivated and wild plants and their dynamics of existing and dispersal are key factors for understanding virus evolution and epidemiology [15]. It is understood fact that development of new epidemics of geminiviruses in a certain area is because of introducing the new crops [16]. Wild plants produce new viruses and their strains by playing the role of “melting pots” for range and recombination with begomoviruses [17]. The interaction consequences between host plants and begomoviruses depend upon the capability of virus to respond plant defense mechanism [18, 19].

Mostly sequence of betasatellite has three important functions in many begomoviruses including an adenine rich sequence region, satellite conserved region for stem-loop structure and replication and single β C1 gene [20, 21]. The main role of β C1 is intermediated by typical encoded protein. The β C1 gene has many functions which include pathogenicity determination, post-transcriptional gene silencing suppressor and also have the interaction of virus movement [22].

Only *Cotton leaf curl Burewala virus* (CLCuBuV) shows the absence of compliment genes despite that begomoviruses has extensive sequencing. Most of CLCuBuV isolates originates from *G. hirsutum* which has many stop codons in full TrAP gene. This TrAP product can be cut into 35 amino acids (aa) but other wild-type TrAP of other begomoviruses contain 150-aa-protein. It has been assumed that CLCuBuV can reduce host resistance from other amino acid sequence of TrAP [23].

In Pakistan this virus is infecting multiple crops and most importantly cotton. Many up and down have been occurred Punjab and Sindh Province of Pakistan because of this virus. The farming community and cotton industry is facing huge economic losses caused by this virus in recent years. The host range of this virus is increasing in cotton zone of Pakistan. The presence of vector and alternate hosts of this virus is a significant factor for the establishment of this virus on new hosts [24-26]. The purpose of this study was to check the presence of begomovirus in these plant species. Keeping in view the importance of this virus and its associated satellites, we have identified a new host of CLCuMuV from Punjab, Pakistan. We have reported the sequence-based characterization of this begomovirus which was found to be associated on Roselle species in areas of Tehsil Alipur, Punjab, Pakistan.

2. Research Methodology

2.1. Sample Collection

The twenty leaf samples of Roselle species (*H. sabidarrifa* and *H. rosa-sinensis*) containing virus symptoms were collected from the garden area of Seetpur-Alipur having coordinates including latitude and altitude 29.239510299220743, 70.83905928465599 and Sultanpur-Alipur with coordinates 29.329072, 70.813566 in 2022. The typical symptoms including vein clearing, vein thickening, leaf curling, leaf rolling and yellowing were prominent on the infected plants. The visible observation suggested that these plants might have infection of any plant virus. The presence of white fly population on infected plants has boosted the hypothesis of confirmation of any begomovirus. The 20 symptomatic and healthy leaf samples were collected from both locations. All the symptomatic and healthy leaf samples were well-preserved in airtight

polythene bags. All the obtained samples were brought into the plant virology laboratory for further analysis. All these samples were preserved in -80 °C refrigerator for avoiding the disintegration of plant virus.

2.2. DNA Extraction, Amplification and Sequencing

The DNA was isolated from leaves containing virus symptoms (15 from *H. sabidarrifa* and 5 from *H. rosasinensis*) as well as from healthy samples with the help of Cetyl trimethyl ammonium bromide (CTAB) method [27, 28]. Symptomatic leaves of each sample were crushed in liquid nitrogen to transform into a fine powder by using pre-chilled pestle and mortar. The resulting tissue powder was shifted instantly into 50 ml autoclaved polypropylene centrifuge tube comprising of 20ml pre-warmed (65 centigrade) CTAB extraction buffer. The mixture of extraction buffer containing CTAB 1.5%, Tris HCL (pH 8.0) 100mM, NaCl 1.4M, EDTA (pH 8.0) 20mM, β -Mercaptoethanol 2% and Polyvinylpyrrolidone (PVP) 2% was used. The whole tissue powder was adjourned carefully in extraction buffer by rotating and inverting the mixture tubes. The incubation of homogenate mixture was allowed at 65 centigrade for a period of 1h in the water bath. This mixture was regularly assorted during the incubation period. A 15 ml quantity of chloroform and isoamyl alcohol with (24:1) ratio was added to each tube after incubation. All the mixture tubes spun until it transforms into the dark green emulsion. Then, mixture tubes were shaken 30 minutes into a rotary shaker. After shaking, all tubes were allowed to shake at 4000 RPM (g) for 20 minutes in the centrifugal shaking machine. This supernatant mixture was shifted into fresh, sterilized 50 ml tube. 2 μ l RNase (10mg/ml of RNase) was mixed into each tube and then placed for incubation in the water bath for approximately one hour at 37 °C. This step was optionally applied and also can be completed right after purification steps. Chloroform, isoamyl alcohol, and centrifugation procedures were repeated after RNase treatment.

The concentration of obtained DNA/per gram of leaf tissue from each purified sample was measured by Smartspec Plus spectrophotometer (BioRad) at 260-nanometer wavelengths. The concentration of each sample was obtained as 50 μ g per mL of isolated DNA. The total nucleic acid was filtered with the help of extraction buffer and then re-suspended in cold TE (10 mM Tris, 1 mM EDTA, pH 8.0). The complete nucleotide sequence of amplified product was obtained with the help of degenerate primers. The CLCuMuV AC2 was obtained via PCR amplification by using the specific primers of begomoviral DNA AV494/Dep as described in table 1. Virus and betasatellites were perceived from the DNA extracts with the help of prescribed primers pairs in a PCR [29].

The amplification reaction was carried out in a final volume of 25 μ l volume. PCR products were analyzed in 1% agarose gel electrophoresis having tris-acetate-EDTA (TAE) and ethidium bromide. The amplified DNA was eluted from agarose gel with the help of purification kit (QuikGene, Qiagen Inc., USA). The purified PCR product was allowed to ligate into the Pgem-t-vector and later in *Escherichia coli* competent cells [30]. The PCR products of both species were digested with the help of sequence specific forward and reverse primer pairs as described in table 1. The cloned gene of both species were confirmed by the restriction release of fragments and selected clones were sequenced from the commercial Company (Takara).

Table 1: *Primer pairs used to detect the virus.*

Host	Location	Virus genome	Primers sequence 5'-3'	Total no. of sample ^Ω
<i>H. sabidarrifa</i>	Seetpur-Alipur, Punjab, Pakistan	CLCuMu V DNA A	AV494 /Dep3 ^α Begomo-F-(5' GGATCCTTTGTTGAACGCCTTTCC-3')*	15
			Begomo-R-(5' GGATCCCACATGTTTAAAGTAAAGC-3')*	
<i>H. rosa-sinensis</i>	Sulltanpur-Alipur, Punjab, Pakistan	CLCuMu V DNA-A	CLCMuV- GGATCCATGACGAGGAGCAAAACAA and CLCMuV- CTGCAGAACGGTGAACCTTCTTATTGA*	5

^αDegenerate primer used for detection of virus from infected plant samples.

*Sequence specific primer pairs

^αDegenerate primer used for detection of betasatellite.

^ΩNo. of samples from which PCR amplicons of begomovirus were obtained.

2.3. BLAST Analysis

The obtained sequences were allowed to run on BLAST website. The obtained full genome sequence was designated for homolog check. A Blastn search of the NCBI non-redundant nucleotide database was applied for comparing all the obtained sequences with already identified sequences in GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST>).

2.4. Evolutionary History and Phylogenetic Analysis

To understand the ancestry of begomoviral species with their satellites, the associated sequences were recovered from the non-redundant database of NCBI. A phylogenetic tree was fabricated for this virus with the help of aligned viral sequences. This phylogenetic tree was concluded by employing the neighbor joining method. The bootstrap consensus tree was deduced from the one thousand replicates which were obtained to denote the transformative history of analyzed taxa [31]. This transformative analysis was help in the software of MEGA7 [32]. A nucleotide comparison of this sequence with its aligned sequences was carried out by following the [32] in MEGA11 software. All the obtained sequences were compared on the basis of their frequencies in a percent form. The related viruses' domains were assembled from NCBI to check the frequency difference of nucleotides with their codons.

3. Result and Discussion

The begomoviruses and their associated satellites have become a major concern in modern agriculture for their quick development into a new host. These begomoviruses have approximately more than 400 new host species including cultivated and non-cultivated plants. But these non-cultivated plants which are mostly naturally growing including weeds, hedges, shrubs mostly act as reservoir and vessels for the emergence of new plant virus and its evolution. In most cases, insect vector can complete their life cycle in the absence of its original host and virus can move from the body of insect vector into that non-cultivated plant.

The total 20 samples of both species were analyzed to check the presence of begomovirus. It is presumed from many previous studies that first amplicon obtained by using degenerate or universal primers varied in the form of its size. Its size mostly depends on the concentration of DNA, accuracy of PCR and suitable primer pairs. Here in this study, 550 bp amplicon size was obtained from the infected samples. This amplicon was further amplified to get the full length genome of this virus. Most of DNA viruses have plasmid size of approximately 550 bp. Typically, the CLCuMuV has almost 2.2 to 2.6 kb full length genome size so it was predicted that these infected plant samples might have begomovirus infection. A same study was carried out to check the presence of CLCuMuV in *Hibiscus sabidarrifa* in Fujian province of China. They have successfully identified this virus from the infected Roselle species in 2008, 2010 and later in 2017 [33, 34]. The CLCuMuV infecting *H. rosa-sinensis* was also identified in Philippines in 2012 [35]. The *Cotton leaf curl Burewala virus* infecting *H. rosa-sinensis* was also identified in 2014 in Pakistan [36] and 2016 in India [37].

A routine survey was carried out to check the presence of begomoviruses and its associated satellites in areas of south Punjab. Some Roselle plants showing typical begomoviruses symptoms were identified in Seetpur and Sulltanpur. The presence of insect vector has boosted our hypothesis to analyze these samples as these infected plants might have begomovirus infection. The complete genome sequence of CLCuMuV was obtained from the symptomatic samples of Roselle plants. The symptomatic plants were showing the typical symptoms of cotton leaf curl disease including leaf curling, leaf rolling, enation, vein clearing and growth stunting. The samples were analyzed by using the degenerate primers of begomovirus. The transmission of geminiviruses in field condition entirely depend on its insect vectors whitefly, a principal vector to transmit these viruses. It is depicted from many studies that geminiviruses cannot be transmitted via seed, but in some cases can be mechanically and graft-transmissible under experiment conditions [38, 39].



Figure 1: The observed symptoms on both plant species. A: *H. sabidarrifa* and B: *H. rosa-sinensis*

To get the full genome sequence of both isolates, both amplicons were allowed to run on rolling circular amplification (RCA). It was confirmed from RCA that full length has sequence of approximately 2.3-2.4 kb size as shown in figure 2. Both the products were sent to commercial company to get the full-length genome sequences. The isolate of *H. sabidarrifa* obtained from the area of Seetpur-Alipur showed the 2738 while *H. rosa-sinensis* obtained from Sultanpur-Alipur has the 2744 which were 5-10 less or more with already submitted databases. Initially, it was confirmed from the sequencing that amplicon clone (plasmid) of both locations has size of 550 bp which was quite similar to already submitted sequences of CLCuMuV in database of NCBI by running the BLASTn search.

It was confirmed from the sequence analysis that samples collected from both locations have CLCuMuV infection. As, this virus was not identified on this host earlier in this area, so we have detected a new host of CLCuMuV from this area. Moreover, this virus was detected previously from vector (whitefly) also from cotton plants from this area. The increasing number of hosts of this virus is an alarming situation in this area as this area is a hub of cotton production. It is believed that geminiviruses responsible to cause the infection in cotton, corn, cassava, tomato can lead to ample economic losses or even starvation in many underdeveloped countries. The topographical enlargement of agriculture is considered as a rambling factor for spread of many plant viruses. The family *Geminiviridae* is increasing day by day due to increase in number of plant viruses and host enlargement and currently comprise of nine genera including *Becurtovirus*, *Begomovirus*, *Capulavirus*, *Curtovirus*, *Eragrovirus*, *Grablovirus*, *Mastrevirus*, *Topocuvirus* and *Turncurtovirus* [40-43].

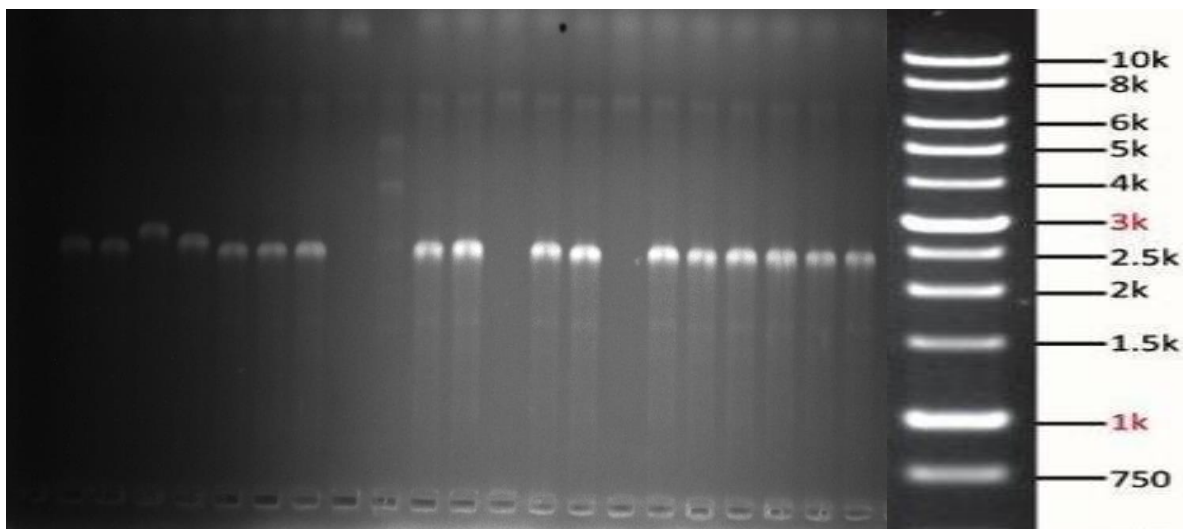


Figure 2: The expression of amplified genome on gel-electrophoresis. A 10 kb DNA ladder was used to check the exact size of amplicon.

The obtained sequence showed maximum similarity index with already submitted sequences of cotton leaf curl disease in NCBI database. All the related sequences were retrieved from NCBI database to develop a phylogenetic analysis. All the sequences were converted into FASTA format. The obtained sequence with its related sequences were aligned in MEGA11 software. A phylogenetic analysis was carried out to check the ancestry of this plant virus. ICTV has developed a solid criterion for mapping and organizing a fresh virus isolate with its genus and group. According to this criteria, if new sequence has similarity with more than 89% then this will fall within that family or genus but if the sequence similarity is less than 89% then

it can be added into a new virus. Our obtained sequence has more than 89% similarity in NCBI with its related sequences, so it can be added as new host in the begomovirus group. While it was revealed from the phylogenetic analysis that CLCuMuV infecting *H. rosa-sinensis* has almost more than 89% similarity with other submitted databases, so it can be considered as same virus with already identified begomovirus group with same name and genus.

There are definite directions for the classifications of plant viruses into species, strains and variants [44]. The amount of categorized geminiviruses is increasing quickly in this decade. A unique nomenclature structure is applied for addition of new viruses into the family. The species name: strain description: symptoms: host: place: and/or a letter A: B:C etc. Strain/variant description include Country, Place, Host, Year [45]. Our study has fulfilled the criteria of ICTV for mapping and organizing the new begomoviruses and its associated satellites. In the 1980s a new group of plant viruses was classified into a new family *Geminiviridae* [46]. This name was originated from “Gemini” the Zodiac symbol characterized by twins [43, 47]. The viruses of *Geminiviridae* family is structurally categorized by joined (geminate), quasi-icosahedral capsids and consist of monopartite or bipartite genome components [48].

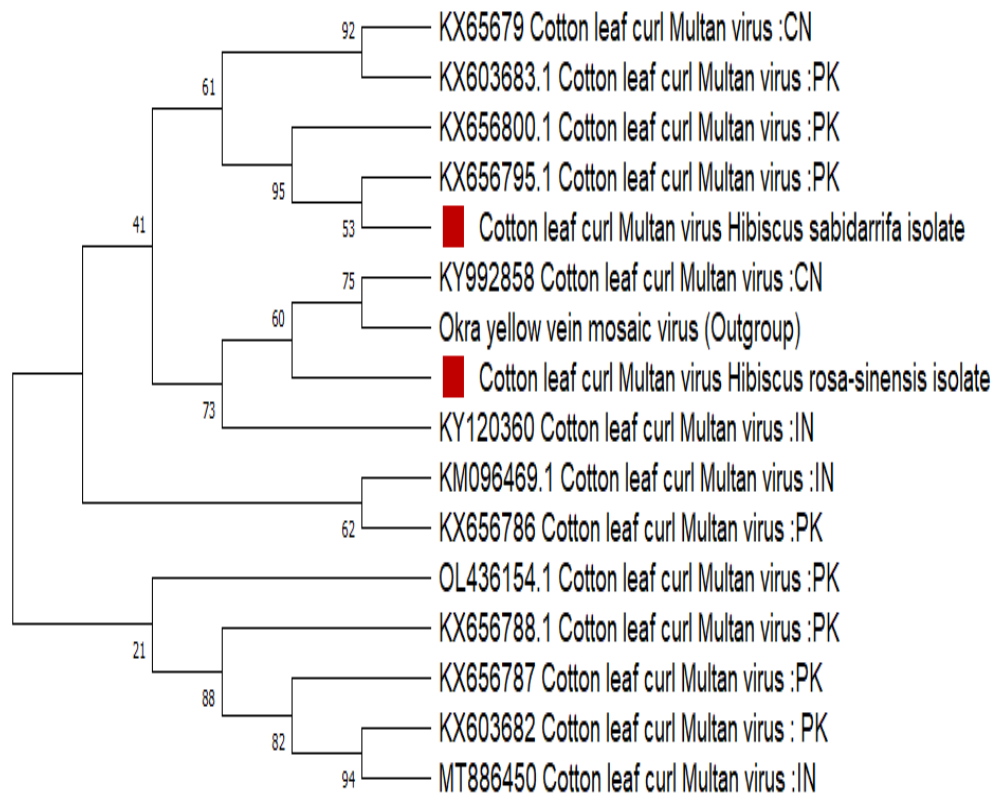


Figure 3: A phylogenetic analysis of obtained sequences with already submitted sequences in NCBI. The Phylogenetic tree was constructed by using maximum likelihood method in MEGA11 Software. The bootstrap tree was inferred from 100 replicates. The red sign indicates the new isolates of this virus. The acronym used in this tree are: PK-Pakistan, IN-India, CN-China. The okra yellow vein mosaic virus was also an India isolate.

Table 2: Nucleotide frequencies of cotton leaf curl isolates with their codons and total nucleotides

Domain (Data) Virus name with isolate	T (U)	C	A	G	Total (nucleotides) base pairs*
<i>KX65679 Cotton leaf curl Multan virus :CN isolate</i>	30.2	20.2	26.2	23.4	2739
<i>KX656800.1 Cotton leaf curl Multan virus :PK isolate</i>	30.2	20.2	26.2	23.4	2737
<i>KM096469.1 Cotton leaf curl Multan virus :IN isolate</i>	30.2	20.2	26.2	23.4	2739
<i>OL436154.1 Cotton leaf curl Multan virus :PK isolate</i>	30.3	20.1	26.2	23.4	2739
<i>KX603683.1 Cotton leaf curl Multan virus :PK isolate</i>	30.3	20.1	26.1	23.5	2739
<i>KX656795.1 Cotton leaf curl Multan virus :PK isolate</i>	30.2	20.2	26.1	23.5	2737
<i>KX656788.1 Cotton leaf curl Multan virus :PK isolate</i>	30.2	20.1	26.2	23.5	2733
<i>KY992858 Cotton leaf curl Multan virus :PK isolate</i>	30.4	20.0	26.4	23.3	2738
<i>KX656787 Cotton leaf curl Multan virus :CN isolate</i>	30.2	20.1	26.4	23.2	2738
<i>KX656786 Cotton leaf curl Multan virus :PK isolate</i>	30.3	20.1	26.3	23.4	2738
<i>KX603682 Cotton leaf curl Multan virus :PK isolate</i>	30.4	20.1	26.4	23.1	2738
<i>MT886450 Cotton leaf curl Multan virus :PK isolate</i>	30.3	20.1	26.4	23.2	2738
<i>Cotton leaf curl Multan virus H. sabidarrifa isolate</i>	30.2	20.2	26.2	23.4	2738
<i>Cotton leaf curl Multan virus H rosa-sinensis isolate</i>	30.8	19.9	25.7	23.6	2744
<i>KY120360 Cotton leaf curl Multan virus :IN isolate</i>	31.0	19.9	25.6	23.5	2750
<i>GU181356.1 Okra yellow vein mosaic virus (Outgroup):IN isolate</i>	27.1	25.7	21.4	25.7	2743
Average	30.3	20.1	26.1	23.4	2739

An evolutionary history was carried out in MEGA11 software to check the difference of start codons and stop codons. The obtained sequences were compared with already submitted domains of Cotton leaf curl Multan virus with their start codons and stop codons. The data of already submitted sequences was retrieved from the NCBI. It was revealed from this evolutionary history analysis that our sequences have quite similarity with already submitted sequences. The 14 other sequences were selected to check the nucleotide difference with our obtained sequences. The average nucleotide difference was 30.3 in start codons while stop codons showed the difference of 23.4. The complete nucleotide difference can be found in table. 2. The values of start codons (T&U) while stop codons values are in (C&A&G) form. Okra yellow vein mosaic virus was selected as an outgroup for this analysis which is also a member of this devastating begomovirus genus. The number of start and stop codons for this outgroup were 27.1, 25.7, 21.4 and 25.7 with total number of sequence was 2743 base pair.

The genomic studies with evolutionary history and phylogenetic analysis has proved that begomoviruses are categorized into two groups, including new world (NW) and old world (OW) viruses [38]. This division might be happened either by the relationship of monopartite viruses with betasatellite or by dislodgment of DNA-B from an OW bipartite begomovirus as revealed in the case of *Srilankan cassava mosaic virus* (SLCMV) [49]. Our phylogenetic analysis has confirmed that this virus has quite similar with already submitted database in NCBI. Our virus has showed approximately 89% similarity with already identified begomoviruses with their host, genome organization and physical appearance.

Major influential factors responsible for appearance and dispersal of new geminiviruses are progression of new variants, presence of B biotype insect vector *Bemisia tabaci* and rise of its population. The genomic recombination in geminiviruses, not only between variants of the same virus, but also between species and

even genera, caused the speedy virus modification. Most of the infectious geminiviruses originated from recombination of viral genomes including those connected with tomato leaf curl, cassava mosaic and cotton leaf curl diseases. Heterologous recombinants comprising parts of the host genome and sequences from satellite-like components provided infinite evolutionary prospects. Human activities are also playing major role in disperse of geminiviruses globally by modifying the cropping systems, transferring the infected planting materials, introducing the new crops and introducing the susceptible germplasm [50].

4. Conclusion

In this study, plants of Roselle genus showing begomovirus infection were characterized. These plants have versatile usage and a major source of bast fiber in many countries. Here in this study, we have successfully detected the CLCuMuV infecting the Roselle species in Seetpur and Sultanpur areas of Punjab, Pakistan. Previously, these two species were serving as alternate host of this devastating plant virus. This study has confirmed the establishment of begomovirus on 8th malvaceous and 6 seed-propagated species of plants. Many factors are responsible for increasing the host species of this virus like B or Q type insect vector and speedy viral mutation. To manage this virus, it is necessary to control the spread of insect vector.

5. Declaration

Author declare that no conflict of interest exists.

5.1. Funding source

This research did not receive any specific grant from funding agencies in the public, commercial, or not-for-profit sectors.

6. Human and Animal Related Study

This work does not involve in the study of humans and animals.

Data availability

All data available within the manuscript.

References

- [1] N. O. Anderson, "Flower breeding and genetics: issues, challenges and opportunities for the 21st century" *Springer Science & Business Media* 2006.
- [2] M. Ansari, T. Eslaminejad, Z. Sarhadynejad, T. Eslaminejad "An Overview of the Roselle Plant with Particular Reference to Its Cultivation, Diseases and Usages" *European Journal of Medicinal Plants* 3(1) (2013) 135.
- [3] Y.W. Mak, L.O. Chuah, R. Ahmad, R. Bhat, "Antioxidant and antibacterial activities of hibiscus (*Hibiscus rosa-sinensis* L.) and Cassia (*Senna bicapsularis* L.) flower extracts" *Journal of King Saud University-Science* 25(4) (2013) 275-282.
- [4] P. Ruban, K. Gajalakshmi, "In vitro antibacterial activity of *Hibiscus rosa-sinensis* flower extract against human pathogens" *Asian pacific journal of tropical biomedicine* 2(5) (2012) 399-403.

- [5] Y. Xie, Y. Liu, M. Meng, L. Chen, Z. Zhu, "Isolation and identification of a super strong plant promoter from cotton leaf curl Multan virus" *Plant molecular biology* 53(1-2) (2003) 1-14.
- [6] A.T. Lima, R.R. Sobrinho, J. Gonzalez-Aguilera, C.S. Rocha, S.J. Silva, C.A. Xavier, F.N. Silva, S. Duffy, F.M. Zerbini, "Synonymous site variation due to recombination explains higher genetic variability in begomovirus populations infecting non-cultivated hosts" *Journal of General Virology* 94(2) (2013) 418-431.
- [7] M. Arif, S. Atta, M.A. Bashir, A. Hussain, M.I. Khan, S. Farooq, A. Hannan, S. ul Islam, U. ud din Umar, M. Khan, "Molecular characterization and RSV Co-infection of *Nicotiana benthamiana* with three distinct begomoviruses" *Methods* 183 (2020) 43-49.
- [8] M.-u.-. Rahman, A.Q. Khan, Z. Rahmat, M.A. Iqbal, Y. Zafar, "Genetics and genomics of cotton leaf curl disease, its viral causal agents and whitefly vector: a way forward to sustain cotton fiber security" *Frontiers in Plant Science* 8 (2017) 1157.
- [9] S. Yogindran, M. Kumar, L. Sahoo, K. Sanatombi, S. Chakraborty, "Occurrence of Cotton leaf curl Multan virus and associated betasatellites with leaf curl disease of Bhut-Jolokia chillies (*Capsicum chinense* Jacq.) in India" *Molecular Biology Reports* 48 (2021) 2143-2152.
- [10] R. Briddon, M. Pinner, J. Stanley, P. Markham, "Geminivirus coat protein gene replacement alters insect specificity" *Virology* 177(1) (1990) 85-94.
- [11] L. Hanley-Bowdoin, S.B. Settlage, B.M. Orozco, S. Nagar, D. Robertson, "Geminiviruses: models for plant DNA replication, transcription, and cell cycle regulation" *Critical Reviews in Bioch. and Molecular Bio.* 35(2) (2000) 105-140.
- [12] C.P. Priyadarshini, M. Ambika, R. Tippteswamy, H. Savithri, "Functional characterization of coat protein and V2 involved in cell to cell movement of *Cotton leaf curl Kokhran virus-Dabawali*" *PLoS One* 6(11) (2011) e26929.
- [13] B. Krenz, K. Deuschle, T. Deigner, S. Unsel, G. Kepp, C. Wege, T. Kleinow, H. Jeske, "Early function of the Abutilon mosaic virus AC2 gene as a replication brake" *Journal of virology* 89(7) (2015) 3683-3699.
- [14] S. Mansoor, R. Briddon, S. Bull, I. Bedford, A. Bashir, M. Hussain, M. Saeed, Y. Zafar, K. Malik, C. Fauquet, "Cotton leaf curl disease is associated with multiple monopartite begomoviruses supported by single DNA β " *Archives of virology* 148(10) (2003) 1969-1986.
- [15] S. Barreto, M. Hallwass, O. Aquino, A. Inoue-Nagata, "A study of weeds as potential inoculum sources for a tomato-infecting begomovirus in central Brazil" *Phytopathology* 103(5) (2013) 436-444.
- [16] M.S. Nawaz-ul-Rehman, C.M. Fauquet, "Evolution of geminiviruses and their satellites" *FEBS letters* 583(12) (2009) 1825-1832.
- [17] M. Mubin, M. Shahid, M. Tahir, R. Briddon, S. Mansoor, "Characterization of begomovirus components from a weed suggests that begomoviruses may associate with multiple distinct DNA satellites" *Virus Genes* 40(3) (2010) 452-457.
- [18] G. Moissiard, O. Voinnet, "Viral suppression of RNA silencing in plants" *Molecular plant pathology* 5(1) (2004) 71-82.
- [19] R. Vanitharani, P. Chellappan, J.S. Pita, C.M. Fauquet, "Differential roles of AC2 and AC4 of cassava geminiviruses in mediating synergism and suppression of posttranscriptional gene silencing" *Journal of virology* 78(17) (2004) 9487-9498.
- [20] L. Hanley-Bowdoin, S.B. Settlage, B.M. Orozco, S. Nagar, D. Robertson, "Geminiviruses: models for plant DNA replication, transcription, and cell cycle regulation" *Critical Reviews in Plant Sciences* 18(1) (1999) 71-106.
- [21] R.W. Briddon, S.E. Bull, I. Amin, A.M. Idris, S. Mansoor, I.D. Bedford, P. Dhawan, N. Rishi, S.S. Siwatch, A.M. Abdel-Salam, "Diversity of DNA β , a satellite molecule associated with some monopartite begomoviruses" *Virology* 312(1) (2003) 106-121.

- [22] I. Amin, K. Hussain, R. Akbergenov, J.S. Yadav, J. Qazi, S. Mansoor, T. Hohn, C.M. Fauquet, R.W. Briddon, "Suppressors of RNA silencing encoded by the components of the cotton leaf curl begomovirus-betasatellite complex" *Molecular plant-microbe interactions* 24(8) (2011) 973-983.
- [23] J. Kumar, S. Gunapati, A. Alok, A. Lalit, R. Gadre, N.C. Sharma, J.K. Roy, S.P. Singh, "Cotton leaf curl Burewala virus with intact or mutant transcriptional activator proteins: complexity of cotton leaf curl disease" *Archives of virology* 160(5) (2015) 1219-1228.
- [24] S.S.-e.-A. Zaidi, M. Shafiq, I. Amin, B.E. Scheffler, J.A. Scheffler, R.W. Briddon, S. Mansoor, "Frequent occurrence of Tomato leaf curl New Delhi virus in cotton leaf curl disease affected cotton in Pakistan" *Plos one* 11(5) (2016) e0155520.
- [25] M.J. Iqbal, M. Zia-Ur-Rehman, M. Ilyas, U. Hameed, H.W. Herrmann, N. Chingandu, M.T. Manzoor, M.S. Haider, J.K. Brown, "Sentinel plot surveillance of cotton leaf curl disease in Pakistan-a case study at the cultivated cotton-wild host plant interface" *Virus Research* 333 (2023) 199144.
- [26] M. Zubair, S.S.-e.-A. Zaidi, S. Shakir, M. Farooq, I. Amin, J.A. Scheffler, B.E. Scheffler, S. Mansoor, "Multiple begomoviruses found associated with cotton leaf curl disease in Pakistan in early 1990 are back in cultivated cotton" *Scientific reports* 7(1) (2017) 680.
- [27] J.J. Doyle, "Isolation of plant DNA from fresh tissue" *Focus* 12 (1990) 13-15.
- [28] C. Biswas, P. Dey, S. Satpathy, S. Sarkar, A. Bera, B. Mahapatra, "A simple method of DNA isolation from jute (*Corchorus olitorius*) seed suitable for PCR-based detection of the pathogen *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid" *Letters in applied microbiology* 56(2) (2013) 105-110.
- [29] R. Briddon, S. Bull, S. Mansoor, I. Amin, P. Markham, "Universal primers for the PCR-mediated amplification of DNA β " *Molecular biotechnology* 20(3) (2002) 315-318.
- [30] K. Birnbaum, J.W. Jung, J.Y. Wang, G.M. Lambert, J.A. Hirst, D.W. Galbraith, P.N. Benfey, "Cell type-specific expression profiling in plants via cell sorting of protoplasts from fluorescent reporter lines" *Nat. met.* 2(8) (2005) 615-619.
- [31] J. Felsenstein, "Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap" *Evolution* (39) (1985) 783-791.
- [32] S. Kumar, G. Stecher, K. Tamura, "MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets" *Molecular biology and evolution* 33(7) (2016) 1870-1874.
- [33] J.H. Cai, K. Xie, L. Lin, B. Qin, B. Chen, J. Meng, Y. Liu, "Cotton leaf curl Multan virus newly reported to be associated with cotton leaf curl disease in China" *Plant pathology* 59(4) (2010) 794-795.
- [34] M.-J. Mao, Z.-F. He, H. Yu, H.-P. Li, "Molecular characterization of cotton leaf Curl Multan virus and its satellite DNA that infects *Hibiscus rosa-sinensis*" *Bing du xue bao= Chinese Journal of Virology* 24(1) (2008) 64-68.
- [35] X. She, Y. Tang, Z. He, G. Lan, "Molecular Characterization of Cotton leaf curl Multan virus and its associated betasatellite infecting *Hibiscus rosa-sinensis* in the Philippines" *Journal of Plant Pathology* (2017) 765-768.
- [36] K. Akhtar, R. Ullah, M. Saeed, N. Sarwar, S. Mansoor, China rose (*Hibiscus rosa-sinensis*): a new natural host of Cotton leaf curl Burewala virus in Pakistan" *Journal of Plant Pathology* 96(2) (2014) 385-389.
- [37] A. Srivastava, S. Kumar, M. Jaidi, S. Raj, "Association of Cotton leaf curl Multan virus and its associated betasatellite with leaf curl disease of *Hibiscus rosa-sinensis* in India" *New Disease Reports* 33(4) (2016) 2044-0588.2016.
- [38] J.K. Brown, F.M. Zerbini, J. Navas-Castillo, E. Moriones, R. Ramos-Sobrinho, J.C. Silva, E. Fiallo-Olivé, R.W. Briddon, C. Hernández-Zepeda, A. Idris, "Revision of Begomovirus taxonomy based on pairwise sequence comparisons" *Archives of Virology* 160(6) (2015) 1593-1619.

- [39] M. Arif, W. Lin, L. Lin, W. Islam, Z. Jie, Z. He, Z. Du, Z. Wu, "Cotton leaf curl Multan virus infecting *Hibiscus sabdariffa* in China" *Canadian Journal of Plant Pathology* 40(1) (2018) 128-131.
- [40] M. Arif, S. Farooq, A. Alasmari, M.A. Alshehri, M. Hashem, S. Alamri, H.A. Hemeg, N.M. Alabdallah, "Molecular study of geminiviruses with its complex biology, host-vector interactions, and increasing diversity" *Journal of King Saud University-Science* (2022) 102051.
- [41] M. Zubair, S.S.-e.-A. Zaidi, S. Shakir, I. Amin, S. Mansoor, "An insight into Cotton leaf curl Multan betasatellite, the most important component of cotton leaf curl disease complex" *Viruses* 9(10) (2017) 280.
- [42] W. Islam, K.S. Akutse, M. Qasim, K.A. Khan, H.A. Ghramh, A. Idrees, S. Latif, "*Bemisia tabaci*-mediated facilitation in diversity of begomoviruses: Evidence from recent molecular studies" *Microbial pathogenesis* 123 (2018) 162-168.
- [43] W. Islam, W. Lin, M. Qasim, S.U. Islam, H. Ali, M. Adnan, M. Arif, Z. Du, Z. Wu, "A nation-wide genetic survey revealed a complex population structure of *Bemisia tabaci* in Pakistan" *Acta Tropica* 183 (2018) 119-125.
- [44] M. Van Regenmortel, "Virologists, taxonomy and the demands of logic" *Springer*, 2006.
- [45] F.M. Zerbini, R.W. Briddon, A. Idris, D.P. Martin, E. Moriones, J. Navas-Castillo, R. Rivera-Bustamante, P. Roumagnac, A. Varsani, "ICTV Virus Taxonomy Profile: Geminiviridae" *Journal of General Virology* 98(2) (2017) 131-133.
- [46] E. Rybicki, "A phylogenetic and evolutionary justification for three genera of Geminiviridae" *Archives of virology* 139(1-2) (1994) 49-77.
- [47] B. Harrison, H. Barker, K. Bock, E. Guthrie, G. Meredith, M. Atkinson, "Plant viruses with circular single-stranded DNA" *Nature* 270(5639) (1977) 760.
- [48] H. Jeske, "Replication of geminiviruses and the use of rolling circle amplification for their diagnosis, Tomato yellow leaf curl virus disease" *Springer* 2007, pp. 141-156.
- [49] K. Saunders, N. Salim, V.R. Mali, V.G. Malathi, R. Briddon, P.G. Markham, J. Stanley, "Characterisation of Sri Lankan cassava mosaic virus and Indian cassava mosaic virus: evidence for acquisition of a DNA B component by a monopartite begomovirus" *Virology* 293(1) (2002) 63-74.
- [50] A. Varma, V. Malathi, "Emerging geminivirus problems: a serious threat to crop production" *Annals of Applied Biology* 142(2) (2003) 145-164.



© 2020 by the authors. Submitted for possible open access publication under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY) license (<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>).



Research Article

Journal of Agricultural Biotechnology (JOINABT) 4(1), 31-41, 2023

Received: 30-May-2023 Accepted: 20-Jun-2023

<https://doi.org/10.58728/joinabt.1307273>



SAKARYA UNIVERSITY
OF APPLIED SCIENCES

Sapanca Bölgesinde Yetiştirilen Bazı Ceviz Genotiplerinin (*Juglans regia* L.) Önemli Kalite Özelliklerinin Belirlenmesi Üzerine Bir Araştırma

Osman GÜLLER^{1*} , Ömer BEYHAN² 

¹Biyoloji, Fen Bilimleri Enstitüsü, Sakarya Üniversitesi, Türkiye. o.gllr9088@gmail.com

²Bahçe Bitkileri, Ziraat Fakültesi, Sakarya Uygulamalı Bilimler Üniversitesi, Türkiye. obeyhan@subu.edu.tr

ÖZ

Bu araştırma Sapanca ilçesi ve köylerinde ümitvar ceviz genotiplerinin belirlenmesi amacıyla 2017-2018 yıllarında yürütülmüştür. Çalışmada yaklaşık 400 ceviz ağacı değerlendirilmiş ve 101 ağaçtan meyve örneği alınarak incelenmiştir. Pomolojik ölçümler ve değerlendirmeler sonucunda 29 genotip ümitvar olarak seçilmiştir. Seçilen genotiplerde; meyve ağırlığı 10,89-19,07 g, iç ağırlığı 5,01-9,43 g, iç oranı %43,01-59,39 kabuk kalınlığı 0,98-1,99 mm arasında değişmiştir. Kabuk rengi genotiplerin %55,17'sinde açık, %37,93'ünde orta ve %6,89'unda koyu renkli iç rengi %48,27'sinde açık sarı, %31,03'ünde koyu sarı, %20,68'inde ise kahverengi olarak değerlendirilmiştir. Seçilen genotiplerin 7'sinin homogami, 3'ünün protogeni ve 14'ünün ise protandri özelliğe sahip olduğu tespit edilmiştir.

Anahtar Kelimeler: Ceviz, seleksiyon, ıslah, genotip, pomoloji

A Study On Determination of Important Quality Characteristics of Some Walnut Genotypes (*Juglans regia* L.) Cultivated in Sapanca Region

ABSTRACT

This research was carried out in 2017-2018 to determine the promising walnut genotypes in Sapanca district and its villages. In the study, approximately 400 walnut trees were evaluated and fruit samples were taken from 101 trees and examined. As a result of pomological measurements and evaluations, 29 genotypes were selected as promising. In selected genotypes; fruit weight 10.89-19.07 g, kernel weight 5.01-9.43 g, kernel ratio 43.01-59.39%, peel thickness ranged between 0.98-1.99 mm. Shell color was evaluated as light in 55.17% of genotypes, medium in 37.93% and dark in 6.89%, light yellow in 48.27%, dark yellow in 31.03% and brown in 20.68%. It has been determined that 7 of the selected genotypes have homogamous, 3 have protogynous and 14 have protandrous character.

Keywords: Walnut, selection, breeding, genotype, pomolog

* Sorumlu yazarın e-posta adresi: o.gllr9088@gmail.com

1. Giriş

Çok eski yıllara dayanan meyvecilik kültürüyle Anadolu birçok meyvenin anavatanı olduğu gibi, birçok meyve türünün tüm dünyaya yayılmasında bir köprü vazifesi görmüştür. Cevizin anavatanları arasında da yine Anadolu yer almaktadır [1, 2]. Sahip olduğu bu avantaja rağmen ülkemizde ceviz yetiştiriciliği ve üretim miktarı Dünya sıralamasında istenilen seviyeye henüz ulaşamamıştır. Dünya ceviz üretimine ait veriler Çizelge 1’de verilmiştir. Çizelge 1.’den görülebileceği gibi; ceviz üretimi bakımından Türkiye Çin, İran ve ABD’nin arkasında dördüncü sırada bulunmaktadır [3, 16].

Tablo 1: *Dünyada en çok ceviz üreten ülkeler* [16]

Ülkeler	Countries	Üretim Production (ton)	Yüzde Percent (%)
İNGİLTERE	CHINA	1.100.000	33.10
ABD	USA	707.604	21.30
İRAN	IRAN	356.666	10.70
TÜRKİYE	TURKEY	286.706	8.60
MEKSİKA	MEXICA	164.652	5.00
ŞİLİ	CHILE	158.000	4.80
FRANSA	FRANCE	35.700	1.10
DİĞER			15.40

Ülkemizin sahip olduğu birçok avantaja rağmen yetiştiricilik ve üretimde bulunduğu bu konum elbette ki kabul edilebilir bir konum değildir. Bu olumsuz durumun en önemli sebeplerinden birisi; mevcut ağaç varlığının büyük bir bölümünün tohumdan yetişmiş, standart olmayan çöğür ağaçlarından oluşması ve standart çeşitlerle kurulmuş kapama bahçelerin çok az olmasıdır. Çöğür popülasyonu bakımından zengin Sapanca yöresi, ceviz ıslahı bakımından önemli bir varyasyon ortaya koyarken, yetiştiricilikte ve üründe standardizasyonun sağlanamaması verim ve kalitenin düşük olmasına sebep olmaktadır. . Anadolu’nun zengin ceviz varlığı içerisinde standart ceviz çeşitlerimizin geliştirilmesi amacıyla birçok seleksiyon çalışması yapılmış ve halen devam etmektedir. İlk çalışmalar Ölez (1971) tarafından başlatılmış, Şen (1980) başta olmak üzere birçok araştırmacı tarafından devam ettirilmiş ve halen bu çalışmalar devam etmektedir [4,5]. Beklenen üretim seviyesine ulaşabilmek ve dünya ceviz üretiminde ilk sıralarda yer alabilmek için öncelikle, her bölgeye uyum sağlamış, üstün özellikteki genotiplerin belirlenmesi, ıslahı, yeni çeşitlerin tescil edilmesi üretilmesi ve büyük bahçeler şeklinde yetiştiriciliğinin yaygınlaştırılması olmalıdır. Cevizde bölgesel seleksiyon çok önemlidir. Standart ceviz çeşitlerinin belirlenmesinde öncelikli bazı seleksiyon kriterleri dikkate alınmaktadır. Bunlar salkımdaki meyve sayısı, yan dalların meyve verim durumu ve dolayısıyla bitki başına verimin yüksek olması, meyve pomolojik özelliklerinin üstün olması, hastalıklara ve soğuğa dayanıklılık, ağacın erken meyveye yatması, geç çiçeklenme, gibi pomolojik ve fenolojik özelliklerdir [6,7,8,9,10,11,12,13,14,15].

Sakarya, sahip olduğu ceviz ağacı potansiyeli ve ceviz yetiştiriciliği için uygun iklim özellikleri dikkate alındığında bölgesel seleksiyon çalışmaları açısından büyük bir potansiyele sahiptir. [10]. Ülkemizde yürütülen seleksiyon çalışmalarının önemli bir halkasını oluşturacak bu çalışmada Sapanca ilçesi pilot bölge olarak seçilmiş ve ilçede mevcut ceviz popülasyonu içerisinde kalitesi yüksek, verimli ceviz genotiplerinin tespiti, özelliklerinin ortaya konulması, standart çeşit haline getirilerek kaybolmalarının önlenmesi, ülkemiz cevizciliğine kazandırılması ve dolayısıyla ülke ekonomisine katkı sağlanması amaçlanmıştır.

2. Materyal ve Metod

2.1. Materyal

Bu çalışma Sakarya'ya bağlı Sapanca ilçesi ve köylerinde yürütülmüştür. Çalışma, tohumdan yetişmiş ceviz ağaçları (*Juglans regia* L.) üzerinde yürütülmüş olup; bu kapsamda 400 kadar çöğür ceviz ağacı incelenmiştir. Bunlar içerisinde tohumdan üretilmiş 101 çöğür ağacından meyve örnekleri alınmış; ağaç, meyve ve çiçek özellikleri incelenerek ümitvar genotipler belirlenmiştir.

2.2. Metod

Seleksiyon çalışmalarında ön değerlendirmeye tabi tutulan 400 kadar ağaç arasından 101 tanesinden 2017 yılı hasat döneminde meyve örneği alınmıştır. Örnekler gölgede oda sıcaklığında kurutulmuş ve pomolojik özellikleri belirlenmiştir.

Örneklerin meyve ağırlıkları ve iç ağırlıkları tesadüfen alınan 10 örneğin rastgele seçilerek 0,01 g. duyarlı terazide tartılması ile elde edilmiştir. İç oranı ise her çeşit için elde edilen ortalama meyve ve iç ağırlıklarının kullanımıyla aşağıda belirtilen İç oranı (% Randıman) formülüyle hesaplanmıştır [9,11].

$$\text{İç oranı (\%Randıman)} = \frac{\text{İç Ağırlığı}}{\text{Meyve Ağırlığı}} \times 100$$

Örnek alınan meyvelerde uzunluk ve çap ölçümleri 0,01 mm duyarlılıkla dijital kumpasla Kabuk kalınlığı meyve ağırlığında takip edilen sıraya göre, meyve yüksekliği ile çapının kesiştiği kabuk yüzeyi esas alınarak 0,01 mm duyarlı kumpasla ölçülmesi ile ve ortalamalarının alınması ile hesaplanmıştır [9,15].

Her bir genotipe ait meyvelerin meyve boyu, meyve eni ve meyve yükseklikleri 0,01 mm duyarlı kumpasla ölçülmesi ve ortalamalarının alınması ile tespit edilmiştir. Boyutları belirlenen meyvelerde şekil indeksi formülü kullanılarak meyveler "oval" ve "yuvarlak" olarak değerlendirilmiştir. Şekil indeksi 1,25'den büyük olan meyveler "oval", küçük olanlar "yuvarlak" olarak değerlendirilmiştir. Meyvelerde pomolojik değerlendirmeler Walnut Descriptor dikkate alınarak yapılarak; ümitvar genotiplerin seçiminde Beyhan (2009) tarafından kullanılan Değiştirilmiş Tartılı Derecelendirme Metodu kullanılmıştır [2,9,15,17].

$$\text{Şekil İndeksi} = \frac{\text{Meyve Boyu}}{\frac{\text{Meyve Eni} + \text{MeyveYüksekliği}}{2}}$$

Kabuk pürüzlüğü, kabuk rengi, iç rengi ve iç damarlanma durumu gibi özellikler için çalışmanın kendi içerisinde skalalar düzenlenmiş ve buna dayalı olarak gerçekleştirilmiştir. Sağlam iç oranı sağlam iç sayısı toplam iç sayısına oranlanarak % olarak belirlenmiştir [2,9].

Genotipler seçilirken salkımdaki meyve sayısı, yan dal verimlilik durumu, hastalık ve zararlara dayanıklılık, dişi ve erkek çiçek açma tarihleri ve çiçek yapıları (*protogeni*, *protandri* ve *homogami*) tespit edilmiştir [9].

2017 yılında meyve örneği alınan 101 ağacın örnekleri incelenmiş ve pomolojik analizleri yapılmıştır. Analiz sonuçlarına göre randıman hesapları yapılmıştır. Başlangıçta meyve iç randımanı %43.00 ve üzerinde olanlar ümitvar genotipler olarak belirlenmiş ve bu genotiplerde 2018 yılının ilkbaharında fenolojik gözlemler yapılmıştır.

3. Bulgular ve Tartışma

Sapanca ilçesi ve çevresinde 2017 yılında başlayan seleksiyon çalışmasında örnek alınan genotiplerde pomolojik ve fenolojik gözlemlere ait ortalama veriler ile bu verilere ait değişim aralıkları Çizelge 2’de gösterilmiştir. Bütün genotiplerin verileri incelendiğinde ortalama meyve ağırlığı 12,23 g olup; 5,62-19,72 g arasında değişmiştir. Ortalama meyve boyu 39,80 mm olup; 28,21-55,59 mm aralığında değişim göstermiş; meyve eni ise ortalama 31,36 mm olup; bu değer 23,63-41,51 mm aralığında değişim göstermiştir. Meyve yüksekliği ortalaması 33,51 mm olurken; bu değer 25,48-46,12 mm arasında değişmiştir.

Tablo 2: 2017 Yılında alınan 101 örnekte bazı meyve özelliklerinin ortalama değerleri ve değişim aralıkları

Özellikler	Features	Ortalama Average	Değişim Aralığı Change Interval (min.- max.)
Meyve Ağırlığı (g)	Nut Weight	12.23	5.62-19.72
İç Ağırlığı (g)	Kernel Weight	5.22	4.45-9.43
İç Oranı (%)	Kernel Ratio	42.29	35.00-58.46
Şekil İndeksi	Shape Index	1.23	0.88-1.73
Kabuk Kalınlığı (mm)	Shell Thickness	1.52	0.98-2.40
Meyve Boyu (mm)	Nut Length	39.89	28.21-55.59
Meyve Eni (mm)	Nut Width	31.36	23.63-41.51
Meyve Yüksekliği (mm)	Nut Height	33.51	25.48-46.12
Sağlam İç Oranı (%)	Good Kernel	85.94	20-100
Erkek Çiçeklenme Zamanı	Male Flowering		25 Mart - 10 Nisan
Dişi Çiçeklenme Zamanı	Female Flowering		25 Mart - 10 Nisan

İncelenen genotiplerde kabuk kalınlığı ortalama 1,52 mm olurken; 0,98-2,40 mm aralığında değişim göstermiş, iç ağırlığı ortalaması 5,22 g olup; bu değer 4,45-9,43 g arasında değişim göstermiştir. Genotiplerin iç oranı ortalaması %42,29 olup; bu değer %35,00-58,46 arasında değişmiştir. Ortalama şekil indeksi 1,23 olup; bu değer 0,88-1,73 arasında değişim göstermiştir. İncelenen örneklerde sağlam iç oranı ise ortalama %85,94 olurken; bu değer %20,00-100 arasında değişim göstermiştir.

3.1. Seçilen Genotiplerde Pomolojik Özellikler

Çalışma sırasında meyve örneklerinde başlıca fiziksel özellikler olarak meyve ağırlığı, iç ağırlığı, iç oranları belirlenmiştir. Meyve boyutları bakımından meyve boyu, meyve eni, meyve yüksekliği ve bu değerlere göre şekil indeksi tespit edilmiştir. Ayrıca meyvelerde kabuk kalınlığı, sağlam iç oranı, meyve şekli, kabuk pürüzlülüğü, kabuk rengi, iç rengi, dolgunluk ve damarlılık gibi kalite özellikleri de tespit edilmiştir. Beyhan (2009) tarafından kullanılan Değiştirilmiş Tartılı Derecelendirme Metoduna göre yapılan değerlendirmeler sonucunda 29 genotip ümitvar olarak seçilmiştir [9]. Seçilen genotiplere ait bazı önemli meyve özellikleri ve bu özelliklere ait ortalama değerler ile bu değerlerin değişim aralıkları Çizelge 3’te gösterilmiştir. Çizelge 3’te de görüldüğü üzere; ümitvar olarak seçilen 29 genotipe ait ortalama meyve ağırlığı 14,25 g, iç ağırlığı 6,83 g, iç oranı %47,83, meyve yüksekliği ortalama 35,85 mm, meyve eni 33,89 mm, meyve boyu 43,60 mm, kabuk kalınlığı 1,45 mm, şekil indeksi ise 1,24 olarak belirlenmiştir.

Tablo 3: Seçilen ceviz genotiplerinde bazı meyve özelliklerinin ortalama değerleri ve değişim aralıkları

Özellikler	Features	Ortalama Average	Değişim Aralığı Change Interval (min-max)
Meyve Ağırlığı (g)	Nut Weight	14.25	10.89-19.07
İç Ağırlığı (g)	Kernel Weight	6.83	5.01-9.43
İç Oranı (%)	Kernel Ratio	47.83	43.01-59.39
Şekil İndeksi	Shape Index	124	1.03-1.39
Kabuk Kalınlığı (mm)	Shell Thickness	1.45	0.98-1.99
Meyve Boyu (mm)	Nut Length	43.60	33.46-51.54
Meyve Eni (mm)	Nut Width	33.89	29.23-37.90
Meyve Yüksekliği (mm)	Nut Height	35.85	30.49-43.75
Sağlam İç Oranı (%)	Good Kernel	88.27	40-100
Erkek Çiçeklenme Tarihi	Male Flowering	-	25 Mart-10 Nisan
Dişi Çiçeklenme Tarihi	Female Flowering	-	25 Mart-10 Nisan
Protandri (%)	Protandrous	65.51	-
Protogeni (%)	Protogynous	10.34	-
Homogami (%)	Homogamous	24.13	-

Seçilen genotiplere ait önemli meyve özellikleri Çizelge 4'te verilmiştir. Ümitvar genotiplerin meyve ağırlığının 10,89-19,07 g, iç ağırlığının 5,01-9,43 g, iç oranının %43,01-59,89 arasında değiştiği görülmektedir. Ayrıca meyve boyunun 33,46-51,54 mm, meyve eninin 29,23-37,9 mm, meyve yüksekliğinin 30,49-43,75 mm, kabuk kalınlığının 0,98-1,99 mm, şekil indeksinin 1,03-1,39, dolu sağlam iç oranının ise %40-100 aralığında değişim gösterdiği görülmektedir. Seçilen ceviz genotiplerine ait örneklerin %55,17'si 'açık' kabuk renginde, %37,93'ü 'orta' ve %6,89'u 'koyu' renklidir. Kabuk pürüzlülüğü bakımından genotiplerin meyvelerinin %31,03'ü 'düz', %17,24'ü 'orta' ve %51,72'si 'pürüzlü' kabuk yapısına sahip olduğu belirlenmiştir. Ümitvar genotiplerde analizi yapılan örneklerin iç renklerinin %48,27'si 'açık sarı', %20,68'i 'koyu sarı' ve %31,03'ü 'kahverengi' iç rengine sahiptir. Bunun yanında örneklerin %58,62'si 'oval', %41,37'si 'yuvarlak' meyve şekline sahip olduğu ortaya çıkmıştır.

Bilindiği gibi; standart ceviz çeşitlerinin kalitesinin belirlenmesinde birinci derecede önemli olan en önemli kriterler kabuklu meyve ağırlığı, iç ağırlığı ve iç oranıdır [3,9,15]. Bu çalışmada elde ettiğimiz verileri ülkemizde yapılan diğer seleksiyon çalışmalarlarıyla karşılaştırdığımızda elde ettiğimiz değerlerin oldukça önemli olduğunu söyleyebiliriz. Nitekim Beyhan (1993) tarafından Darende ilçesinde 1990-1992 yıllarında gerçekleştirilen bir çalışmada seçilen 62 genotipte ortalama meyve ağırlıklarının 14,91 g olarak belirlendiği ve bu değer genotipler arasında 12,39-18,49 g olarak değiştiği bildirilmiştir [9].

Beyhan (1993) çalışmasında meyve ağırlıklarının 17,00 g dan büyük %9,69, 13,00-17,00 g arası %85,48 ve 13,00 g dan küçük %4,83 olarak tespit etmiştir [9]. Bizim çalışmamızda ise 17,00 g dan büyük meyveye sahip genotiplerin oranı %27,58 olurken; 13,00-17,00 g arası %34,47 ve 13,00 g dan küçük %37,93 gibi birbirine yakın bir dağılım ortaya çıkmaktadır.

Bunun yanında Beyazıt (2000) tarafından yürütülen bir çalışmada; Hatay ilinin bazı önemli ilçelerinde ön seçimlerle 71 genotip belirlenmiş ve bu genotiplerde meyve ağırlıkları 11,5-15,8 g aralığında olduğu bildirilmiştir [15]. Oğuz ve ark. (2003) tarafından Bitlis ili Hizan ilçesinde yürütülen bir nokta seleksiyon çalışmasında seçilen 14 üstün genotipte meyve ağırlıklarının 7,31-13,37 g arasında değişim gösterdiği bildirilmiştir [3].

Tablo 4: Seçilen ceviz genotiplerinde bazı önemli meyve özellikleri

Genotip No Ge-notype Number	Meyve Ağırlığı Nut weight (g)	İç Ağırlığı Kernel weight (g)	İç Oranı Kernel ratio (%)	Meyve Boyu Nut length (mm)	Meyve Eni Nut width (mm)	Meyve Yüksekliği Nut height (mm)	Kabuk Kalınlığı Shell thickness (mm)	Şekil İndeksi Shape index	Meyve Şekli Nut shape
54 SA 001	15.06	6.76	44.89	44.36	34.16	36.12	1.75	1.26	Oval
54 SA 002	17.68	8.07	45.64	47.7	36.47	39.09	1.45	1.26	Oval
54 SA 003	19.07	9.43	49.44	51.54	37.9	43.75	1.55	1.26	Oval
54 SA 004	14.56	6.26	43.01	44.03	34.22	35.51	1.38	1.26	Oval
54 SA 007	15.95	6.96	43.64	46.2	34.49	36.75	1.20	1.29	Oval
54 SA 008	11.45	5.78	50.52	37.06	30.5	33.08	1.55	1.16	Yuvarlak
54 SA 010	10.98	5.01	45.66	43.09	29.23	32.7	1.99	1.39	Oval
54 SA 022	10.89	5.88	54.01	33.46	32.19	32.49	1.24	1.03	Yuvarlak
54 SA 028	12.08	6.58	54.51	40.13	30.94	31.85	1.18	1.27	Oval
54 SA 036	13.34	5.99	44.94	42.54	30.45	31.65	1.76	1.36	Oval
54 SA 040	13.65	5.88	43.05	42.86	33.32	35.1	1.52	1.25	Oval
54 SA 042	13.39	6.39	47.74	37.31	32.62	34.76	1.49	1.10	Yuvarlak
54 SA 047	12.05	5.82	48.28	37.7	32.73	30.49	1.18	1.19	Yuvarlak
54 SA 049	11.06	5.85	52.89	44.18	32.11	32.25	1.33	1.37	Oval
54 SA 052	11.56	5.22	45.22	34.39	30.34	31.59	1.46	1.11	Yuvarlak
54 SA 054	12.3	5.89	47.9	39.51	32.86	33.3	1.41	1.19	Yuvarlak
54 SA 068	12.49	5.74	45.98	41.31	32.8	35.25	1.31	1.21	Yuvarlak
54 SA 072	16.75	8.77	52.4	46.08	33.41	35.67	1.35	1.33	Oval
54 SA 074	17.6	7.82	44.45	46.92	35.33	37.55	1.81	1.28	Oval
54 SA 078	17.04	8.29	48.66	45.99	36.34	38.71	1.23	1.22	Yuvarlak
55 SA 079	18.00	7.82	43.47	48.35	37.4	38.81	1.5	1.26	Oval
54 SA 080	17.61	7.77	44.11	47.81	36.39	38.42	1.77	1.27	Oval
54 SA 081	17.44	8.05	46.15	47.39	35.89	38.3	1.40	1.27	Oval
54 SA 082	11.82	5.86	49.56	44.77	34.27	37.39	1.44	1.24	Yuvarlak
54 SA 083	16.07	7.41	46.14	47.9	35.89	38.57	1.51	1.28	Oval
54 SA 084	14.4	6.95	48.27	45.11	35.74	37.53	1.40	1.23	Yuvarlak
54 SA 086	17.61	7.92	44.95	46.92	35.29	37.32	1.28	1.29	Oval
54 SA 087	11.41	6.78	59.39	43.98	34.01	37.36	0.98	1.23	Yuvarlak
54 SA 099	13.72	7.2	52.45	45.89	35.71	38.35	1.58	1.23	Yuvarlak
Ortalama Average	14.38	6.83	47.83	43.60	33.89	35.85	1.45	1.24	--

Köroğlu (2004), İskilip'te yapılan bir seleksiyon çalışmasında ümitvar görülen 23 genotipin meyve ağırlığının ortalama olarak 13,06 g olduğunu tespit etmiştir [14]. Akçay ve Tosun (2005), Bursa'nın üç ilçesinde gerçekleştirdikleri bir çalışmada inceledikleri ve seçtikleri 40 genotipte ortalama meyve ağırlığının 8,57-17,65 g arasında değiştiğini bildirmişlerdir [18]. Doğan ve ark. (2005) Bayındır ilçesinde yürüttükleri seleksiyon çalışmasında meyve ağırlıklarının 11,7-19,66 g arasında değiştiğini belirlemişlerdir [19]. Kaymaz (2005) Bitlis ili Hizan ilçesinde 2001-2003 yılları arasında üç yıl süreyle yürüttükleri çalışmalarda, seçtikleri 18 genotipte meyve ağırlıklarının 8,59-11,73 g, arasında değişim gösterdiğini belirtmişlerdir.[20]. Erzincan Bölgesinde yürütülen bir çalışmada seçilen 25 ceviz genotipinin kabuklu meyve ağırlığının 8,27-17,3 g arasında değiştiği bildirilmiştir [21].

Ceviz çeşitlerinde meyve kalitesinin belirlenmesinde diğer önemli bir kalite faktörü ise iç ağırlığıdır. İç ağırlığı bakımından elde edilen verileri değerlendirdiğimizde ve diğer çalışma sonuçlarıyla karşılaştırdığımızda; seçtiğimiz genotiplerin aday çeşit olabilecek değerlere sahip olduğu ortaya çıkmaktadır. Nitekim seçilen genotiplerde meyve iç ağırlığı ortalama 6.83 g olurken; 5.01-9.43 g arasında değişim göstermiştir. Beyhan (1993) tarafından yapılan bir çalışmada seçilen genotiplerde ortalama iç ağırlığının 7,53 g olduğu ve bu değer 6,50-9,88 g arasında değişim gösterdiği bildirilmiştir. Ayrıca bu değerler 7 g dan küçük %25,76, 7-8 g arası %51,51 ve 8,5 g dan büyük %22,73 olarak değişim göstermiştir [9]. Bizim çalışmamızda ise 7,00 g dan hafif olanlar %65,51, 7,00-8,00 g arasında %17,23 ve %17,24 ü 8,00 g dan daha ağırdır. Bu değeri Beyazıt (2000) 4,03-8,07 g; Oğuz ve ark. (2003) 3,45-6,85 g; Köroğlu (2004) ortalama 6,88 g; Akçay ve Tosun (2005) 4,04-9,00 g; Doğan ve ark. (2005) 3,64-9,26 g; Kaymaz (2005) 4,99-5,72 g; Özrenk ve ark (2005) 5,01-8,43 g; Demir (2007) 4,0-6,1 g; Beyhan (2009) 6,00-8,50 g; Keleş (2012) 4,62-7,36 g; Gülsoy ve ark. (2016) 5,57-7,46 g; Balta ve ark. (2017) 5,71-6,82 g olarak bildirmişlerdir [3,10,14,15,18,19,20,21,22,23,24,25].

Ceviz çeşitlerinde ıslah amaçları içerisinde önemli bir yere sahip olan diğer bir kriter ise iç oranıdır. Ayrıca iç randımanı olarak da ifade edilmektedir. Çalışmamızda belirlenen ümitvar genotiplerin iç oranları (randımanları) ortalama olarak %47,83 olurken; %43,01-59,39 arasında değişim göstermiştir. Beyhan (1993) tarafından yürütülen bir çalışmada seçilen genotiplerde iç oranlarının ortalama değer olarak %50,50 olduğu ve %42,06-67,73 olarak değiştiği bildirilmiştir. Bununla birlikte %50 nin üzerinde %55,12'lik bir değer tespit etmiştir [9]. Yürüttüğümüz bu çalışmada ise %50,00'nin üzerinde %24,12 olan 7 genotip belirlenmiştir. Beyazıt (2000) seçilen genotiplerin randımanlarını %37,0-58,7 arasında belirlemiştir [15]. Oğuz ve ark. (2003) yaptıkları çalışmada ümitvar genotiplerin iç oranının %45,27-52,42 arasında değiştiğini bildirmişlerdir [3]. Köroğlu (2004), yürütmüş olduğu bir çalışmada seçilen ümitvar genotiplerin ortalama iç oranlarının %52,90 olduğunu bildirmiştir [14]. Akçay ve Tosun (2005) seçtikleri genotiplerin randımanlarını %42,88-57,95 aralığında [18], Doğan ve ark. (2005) ise %30,92-62,44 arasında bulmuşlardır [19]. Kaymaz (2005) yaptığı çalışmada genotiplerin randımanlarını %4,76-54,83 [9], Özrenk ve ark. (2005) %41,3-61,5 [21], Demir (2007) %31,8-52,5 [22], Beyhan (2009) ise %47,61-63,00, aralığında belirlemiştir [10]. Keleş (2012) incelediği genotiplerde randımanların %43,80-58,98 [23], Gülsoy ve ark. (2016) %42,87-55,12 [24], Balta ve ark. (2017) ise %40,00-59,00 [25], arasında değişim gösterdiğini bildirmişlerdir. Çalışmamızda ümitvar genotipler içerisinde bulunan 54 SA 087 numaralı genotipimiz sahip olduğu %59,39'luk iç oranıyla ilk sırada dikkat çekmektedir.

Ceviz çeşitlerinin kalite değerlendirmelerinde iç randımanını direkt etkileyen bir özellik olan kabuk kalınlığı da önemli bir faktör olarak karşımıza çıkmaktadır. Yürüttüğümüz bu çalışmamızda genotiplerin ortalama kabuk kalınlığı 1,45 mm olurken; bu değer 0,98-1,99 mm arasında değişiklik göstermiştir. Beyhan (1993) ortalama kabuk kalınlıklarını 1,18 mm ve bu değer 0,66-1,56 mm olarak belirlemiştir [9]. Beyazıt (2000) kabuk kalınlıklarını 0,84-3,60 mm [15], Oğuz ve ark. (2003) 0,74-1,66 mm [3], Köroğlu (2004) ortalama kabuk kalınlığını 1,53 mm olarak belirlemiştir [14]. Kaymaz (2005) kabuk kalınlığı 0,70- 1,74 mm [20], Özrenk ve ark. (2005) yaptıkları çalışmada kabuk kalınlığını 0,71-1,88 mm [21], Beyhan (2009) 0,87-1,87 mm [10], Gülsoy ve ark. (2016) 1,25-3,10 mm aralığında tespit etmişlerdir [24]. Elde ettiğimiz kabuk kalınlığı değerleriyle, literatürde bildirilen bu değerleri karşılaştırdığımızda seçtiğimiz genotiplerin arasında kabuk kalınlığı bakımından dikkat çekici genotipler olduğunu söyleyebiliriz. Kabuk kalınlığı bakımından 54 SA 087 genotip 0,98 mm'lik kabuk kalınlığıyla oldukça dikkat çekici bir genotip olarak gözükmektedir.

3.2. Seçilen Genotiplerin Bitkisel Özellikleri

Yürütülen seleksiyon çalışmasında seçilen ceviz genotiplerinin ağaçlarında ağaçların tahmini yaşı, yan dallarındaki verimlilik durumu, sürgün ucunda salkımdaki meyve sayısı, ağacın sulanabilirliği, güneş alma durumu ve hasat zamanları değerlendirilmeye alınmıştır. Seçilen ağaçların tahmini yaşları 3-80 arasında değişim gösterirken hasat zamanları ise Ağustos ayının ilk haftası ile Eylül ayının ilk haftası arasında değişim göstermiştir. Yürütülen seleksiyon çalışmasında ağaçlardan alınan örneklerde yaptığımız analizler sonucunda ümitvar olarak tespit edilen örneklerin çiçek açma zamanları için incelemeler yapılmış ve yapılan incelemeler sonucunda %24,13'ünün *Homogami*, %10,34'ünün *Protogeni* ve %65,51'inin *Protoandri* çiçeklenme özelliğine sahip olduğu tespit edilmiştir. Bilindiği gibi cevizlerde çiçeklenme özellikleri genetik bir karakter olarak ortaya çıkmaktadır. Bununla beraber ağacın konumu, gübreleme, bakım ve budama gibi kültürel işlemler ve çiçeklenme zamanındaki ekolojik faktörlere de bağlı olarak birtakım değişkenlikler gösterebilmektedir. Bu bakımdan tek yıllık fenolojik gözlemlerin genotiplerin çiçeklenme özellikleriyle ilgili kesin bilgiler vermesi beklenemez. Bu yüzden seçilen genotiplerde ihtiyaca göre uzun yılların ortalaması olarak değerlendirilmelidir. Bu değerlendirmeler çalışmanın sonraki aşamalarında da yürütülmelidir.

4. Sonuçlar

Sakarya ili Sapanca ilçesinde 2017 ve 2018 yıllarında yürütülen bu seleksiyon çalışmasında bölgenin ceviz populasyonu içerisinde tohumdan yetişmiş ve üstün özelliklere sahip genotiplerin tespiti amaçlanmıştır. Örnek alınan genotipler arasında üstün özelliklere sahip olan bireylerin belirlenebilmesi için örnek alınan tüm genotiplerin kabuklu ağırlıkları (g), iç ağırlıkları (g), iç oranları (%), kabuk kalınlıkları (mm), meyve boyu (mm), meyve eni (mm), meyve yüksekliği (mm), kabuk pürüzlülüğü, kabuk rengi, iç rengi, damarlılık durumu, dolu ve sağlam iç oranı gibi özellikler kriter olarak dikkate alınmıştır.

İlk yıl yapılan arazi çalışmalarında tohumdan yetişmiş, meyve veren ve hastalığa sahip olmayan ceviz populasyonundan 101 ağaçtan örnek alınmıştır. Alınan örnekler laboratuvar ortamında çeşitli ölçüm ve analizlere tabi tutulmuştur. Yapılan ölçüm analiz sonuçlarının Tartılı Derecelendirme metoduna göre değerlendirilmesi sonucu 29 genotip ümitvar olarak seçilmiştir.

Sapanca ilçesinde yürütülen bu çalışmada incelenen örnekler arasında tespit edilen ümitvar genotiplerin çeşitli meyve özellikleri dikkate alınmış ve hem kendi ülkemiz de hem de diğer ülkelerde yürütülen çalışma sonuçlarıyla kıyaslanmıştır. Elde edilen sonuçlar seçilen genotiplerin önemli özelliklere sahip olduğunu ortaya çıkarmıştır. Bu durum gerek çalışmanın yürütüldüğü bölgede gerekse ülke genelinde tohumdan yetiştiriciliğin fazla olduğu da düşünüldüğünde önemli genetik kaynaklara sahip olduğumuz sonucunu ortaya çıkarmaktadır.

Yukarıda sunulan veriler göz önünde bulundurularak Sapanca ilçesinde yürütülen ve sonuçlarını sunduğumuz bu seleksiyon çalışmasının bundan sonraki aşamalarının da titizlikle yürütülmesi ve kesin seleksiyon sonuçlarının değerlendirilerek kaliteli genotiplerin çeşit olarak tescillenip üretim ve adaptasyon çalışmalarına başlanması uygun olacaktır.

5. Beyanname

5.1. Teşekkür

Bu çalışmanın yapılması sırasında laboratuvar imkânlarını kullanmam hususunda yardımcı olan Ziraat Fakültesi Dekanı Prof. Dr. Taki DEMİR'e ve çalışma için belirlenen arazi çalışmalarında bana yardımcı olan ceviz üreticisi Abdullah KOÇ'a teşekkür ederim.

5.2. Yazarların Katkıları

Osman GÜLLER: Araştırma ve makale için fikir ya da hipotezin oluşturulması, sonuçlara ulaşmak için gereç ve yöntemlerin planlanması, deneylerin yapılması, verilerin düzenlenmesi ve bildirilmesi için sorumluluk almak, bulguların mantıklı açıklanması ve sunum için sorumluluk almak, araştırma sırasında literatür taraması ile ilgili sorumluluk almak, yazının tümü ve asıl bölümünün oluşturulması için sorumluluk almak, makaleyi teslim etmede önce sadece imla ve dilbilgisi açısından değil aynı zamanda entelektüel içerik açısından yeniden çalışma yapmak.

Prof. Dr. Ömer BEYHAN: Araştırma ve makale için fikir ya da hipotezin oluşturulması, sonuçlara ulaşmak için yöntemlerin planlanması, bulguların mantıklı açıklamasına katkıda bulunmak, araştırma sırasında literatür taraması için gerekli tavsiyelerde bulunmak, makaleyi teslim etmeden önce entelektüel içerik açısından çalışma yapmak ve makalenin yayımlanması için gerekliliklerin tamamlamak.

Kaynakça

- [1] Ö. Beyhan, "Darende cevizlerinin (*Juglans regia* L.) seleksiyon yoluyla ıslahı üzerine araştırmalar", SAÜ Fen Bilimleri Enstitüsü *Dergisi* 9 (1):35-42. 2005. <https://arastirmax.com/en/system/files/dergiler/makaleler/9/1/arastirmax-darende-cevizlerinin-juglans-regia-l-seleksiyon-yoluyla-islahi-uzerinde-arastirmalar.pdf>
- [2] S. K. Orbay, "Konya il merkezinde 2014 yılı ilkbahar donlarından zarar görmeyen ve kaliteli ceviz (*Juglans regia* L.) genotiplerinin seleksiyonu üzerinde bir araştırma", Selçuk Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı, Yüksek Lisans Tezi. 2016. <https://tez.yok.gov.tr/UlusalTezMerkezi/tezDetay.jsp?id=Yi-iHqT4xcce0hu3WO5m4A&no=dLdSeW00sDqXT5Cg45oqKw>
- [3] H. İ. Oğuz, O. Erdoğan ve O. Gökdoğan, "Niğde yöresinde Chandler ve Franquette ceviz (*Juglans regia* L.) çeşitlerinin verim ve kalite performanslarının belirlenmesi", *Bahçe* 46 (Özel Sayı 2): 233-240. 2017. https://arastirma.tarimorman.gov.tr/yalovabahce/Belgeler/bahce/sayilar/Bahce_46_2_2017_ozel_sayi.pdf
- [4] T. Karadeniz, "Ordu yöresinde yetiştirilen ceviz genotiplerinin (*Juglans regia* L.) seleksiyonu", *Ordu Üniv. Bil. Tek. Derg.* 1 (1):64-72. 2011. <https://dergipark.org.tr/tr/pub/ordubtd/issue/11062/132144>
- [5] S. A. Tahtacı, Ü. Erdoğan, H. Gözel, A. Şahan ve A. Yılmaz, "Yerli ve yabancı bazı ceviz çeşitlerinin Gaziantep yöresinde fenolojik gelişme durumları" *Bahçe* 46 (Özel sayı 2): 153-156. 2017. https://arastirma.tarimorman.gov.tr/yalovabahce/Belgeler/bahce/sayilar/Bahce_46_2_2017_ozel_sayi.pdf
- [6] Y. Akça ve M. Aydın, "Tokat/Niksar ekolojik koşullarında bazı ceviz çeşitlerinin performanslarının değerlendirilmesi" *Bahçe Ceviz* 34 (1):49-55. 2005. <https://dergipark.org.tr/tr/pub/bahce/issue/3349/46326>
- [7] E. Arda, "İç Ege Bölgesi'ndeki ceviz (*Juglans regia* L.) popülasyonunun seleksiyon yolu ile ıslahı üzerinde araştırmalar Ege Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı, Doktora Tezi. 2006.
- [8] B. Aslansoy, "Sultandağı (Afyon) yöresi cevizlerinin (*Juglans regia* L.) seleksiyon yoluyla ıslahı üzerine araştırmalar" Selçuk Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı, Yüksek Lisans Tezi. 2012. <http://acikerisi-marsiv.selcuk.edu.tr:8080/xmlui/bitstream/handle/123456789/1084/327075.pdf?sequence=1&isAllowed=y>

- [9] Ö. Beyhan, “*Darende cevizlerinin (Juglans regia L.) seleksiyon yoluyla ıslahı üzerinde araştırmalar*” Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı, Doktora Tezi. 1993.
- [10] Ö. Beyhan, “*Akyazı bölgesi cevizlerinin (Juglans regia L.) seleksiyon yoluyla ıslahı üzerinde araştırmalar*” *Bahçe* 38 (2):1-8. 2009. <https://dergipark.org.tr/tr/pub/bahce/issue/3353/46377>
- [11] N. Gültekin, “*Hekimhan yöresinde ceviz (Juglans regia L.) genotiplerinin seleksiyonu*” Gazi Osmanpaşa Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı, Yüksek Lisans Tezi. 2017. <https://tez.yok.gov.tr/UlusalTezMerkezi/tezDetay.jsp?id=s3Cp4U8HrbsDfiFAhZS2IA&no=UzxdgfXGta9qJ4RBk8YEkg>
- [12] C. Kalan, “*Bingöl yöresinde doğal olarak yetişen cevizlerin (Juglans regia L.) seleksiyonu*”. Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı, Yüksek Lisans Tezi. 2011. https://tez.yok.gov.tr/UlusalTezMerkezi/tezDetay.jsp?id=E_APhImr_D0agV1ES2Y-tw&no=_O9qUVx-gZ5v3G9JcAFORg
- [13] H. Karadağ, “*Amasya ili merkez ilçe cevizlerinin (Juglans regia L.) seleksiyon yolu ile ıslahı*” Gazi Osmanpaşa Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı, Yüksek Lisans Tezi. 2007. <https://tez.yok.gov.tr/UlusalTezMerkezi/tezDetay.jsp?id=XsarRKcEE3RpiGe8JU2d3Q&no=LQHbe2vj9qkOYjSQWecD0Q>
- [14] E. Köroğlu, “*Çorum ili İskilip ceviz popülasyonu içerisinde üstün özellikli ceviz genotiplerinin seleksiyon yolu ile ıslahı*” Gazi Osmanpaşa Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı, Yüksek Lisans Tezi. 2004. <https://tez.yok.gov.tr/UlusalTezMerkezi/tezDetay.jsp?id=xoWHwsZhgVo-LOzBngl19Ng&no=VPO4hVJxIbXePhSaBPOtA>
- [15] S. Bayazit, “*Hatay yöresi cevizlerinin (Juglans regia L.) seleksiyon yoluyla ıslahı üzerine araştırmalar*”. Mustafa Kemal Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı, Yüksek Lisans Tezi. 2000. <https://tez.yok.gov.tr/UlusalTezMerkezi/tezDetay.jsp?id=BvFZecqew9qo0aws2oazZA&no=dODnJBvM4qVUNYCrOuMgw>
- [16] B. Kadakoğlu, A. Bayav ve B. Karlı, “*Türkiye’de Ceviz Üretim Projeksiyonu ve Rekabet Gücü Analizi*” *Fruit Science (Meyve bilimi)*, Meyvecilik Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü, 9(1), 8-15. 2022.
- [17] Ö. Maden, “*Gönen (Balıkesir) ilçesi cevizlerinin (Juglans regia L.) seleksiyon yolu ile ıslahı*” Ordu Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı, Yüksek Lisans Tezi. 2011. <http://ear-siv.odu.edu.tr:8080/jspui/bitstream/11489/891/1/89309101%20%20C3%96NDER%20MADEN.pdf>
- [18] M. E. Akçay, ve İ. Tosun, “*Bursa ili III. Alt bölgesinde (Gemlik, Orhangazi, İznik ve Mudanya) yetiştirilen ceviz genotiplerinin seleksiyonu*” *Bahçe Ceviz* 34 (1): 57-62. 2005.
- [19] A. Doğan, H. İ. Oğuz, A. Gün ve M. A. Aşkın, “*Bayındır (İzmir) yöresinde selekte edilen bazı ümitvar ceviz (Juglans regia L.) genotiplerinde meyve özelliklerinin belirlenmesi*”, *Bahçe Ceviz* 34 (1): 117-121. 2005.
- [20] Ö. Kaymaz, “*Hizan (Bitlis) merkez ilçe ceviz (Juglans regia L.) popülasyonlarında ümitvar genotiplerin seleksiyonu üzerine bir araştırma*”, Yüzüncü Yıl Üniv. Fen Bilimleri Enstitüsü, Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı, Yüksek Lisans Tezi. 2005.
- [21] K. Özrenk, A. Kazankaya, M. F. Balta, F. Muradoğlu ve M. Yılmaz, “*Erzincan’da tohumdan yetiştirilen cevizlerin meyve özelliklerinin tanımlanması*”, *Bahçe Ceviz* 34 (1): 133-139. 2005.
- [22] Z. Demir, “*Siirt yöresinde doğal olarak yetişen cevizlerin (Juglans regia L.) seleksiyonu*”, Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı, Yüksek Lisans Tezi. 2007.
- [23] H. Keleş, “*Gümüşhacıköy cevizlerinin (Juglans regia L.) seleksiyon yolu ile ıslahı*”, Gaziosmanpaşa Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı, Yüksek Lisans Tezi. 2012.
- [24] E. Gülsoy, T. Kaya, M. Pehlivan ve M. Şimşek, “*İğdır yöresi cevizlerinin (Juglans regia L.) seleksiyonu*”, İğdır Üniversitesi, *Fen Bilimleri Ens. Der.* 6 (1): 25-30. 2016.
- [25] M. F. Balta, O. Karakaya ve A.R. Taşçı, “*Ulubey (ordu) ilçesinde yetiştirilen bazı ceviz genotiplerinin pomolojik özellikleri*”, *Bahçe* 46 (Özel sayı 2): 65-69. 2017.



© 2020 by the authors. Submitted for possible open access publication under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY) license (<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>).



Research Article

Journal of Agricultural Biotechnology (JOINABT) 4(1), 42-50, 2023

Received: 12-Dec-2022 Accepted: 21-Jun-2023

<https://doi.org/10.58728/joinabt.1217714>



SAKARYA UNIVERSITY
OF APPLIED SCIENCES

Farklı İllerden Toplanan Bakla (*Vicia faba* L.) Popülasyonlarının ve Çeşitlerinin Bilecik Koşullarına Adaptasyonlarının Belirlenmesi

Mustafa YILMAZ^{1*} , Melike KÖSE¹ 

¹Tarla Bitkileri Bölümü, Ziraat Fakültesi, Sakarya Uygulamalı Bilimler Üniversitesi, Türkiye

ÖZ

Bu çalışma; bazı bakla genotiplerinin Bilecik ekolojik koşullarında verim ve verim özelliklerinin belirlenmesi amacıyla 2019-2020 yetiştiricilik sezonunda Bilecik Şeyh Edebali Üniversitesi uygulama arazisinde yürütülmüştür. Deneme tesadüf blokları deneme deseninde 3 tekrarlamalı olarak kurulmuştur. Bitki materyali olarak sekizi ticari ve dördü yerel popülasyondan oluşan 12 bakla genotipi kullanılmıştır. Araştırmada; çiçeklenme gün sayısı (gün), bitki boyu (cm), ana dal sayısı (adet), bitkide bakla sayısı (adet), baklada tane sayısı (adet), taze bakla ağırlığı (g), tane verimi (kg da⁻¹), bakla boyu (cm), bakla eni (mm), bakla kalınlığı (mm), bakla et kalınlığı (mm) ve kılçıklılık durumu parametreleri incelenmiştir. İstatistiksel analizlerde; bitki boyu, ana dal sayısı ve bakla et kalınlığı önemsiz, bakla eni çok önemli, diğer özellikler açısından önemli derecede farklılıklar ortaya çıktığı belirlenmiştir. Genotipler arasından; taze bakla olarak tüketimde; Antalya-2, K30 V23 ICARDA ve Seher genotipleri, kuru tane olarak tüketimde ise Adapazarı, Eresen-87 ve Lara genotipleri önerilmektedir.

Anahtar Kelimeler: Bakla, *Vicia faba* L., adaptasyon, verim.

Determining of Adaptations of Faba Bean (*Vicia faba* L.) Populations and Varieties Collected from Different Provinces to Bilecik Conditions

ABSTRACT

This study was carried out in Bilecik Şeyh Edebali University application field in the 2019-2020 breeding season in order to determine the yield and yield characteristics of some broad bean genotypes in Bilecik ecological conditions. The experiment was set up in a randomized block design with 3 replications. Twelve broad bean genotypes, eight commercial and four local populations, were used as plant material. In the research; days to flowering, fresh pod weight, pod number, pod length, number of seeds per pod, pod width, pod thickness, pod broth, awning status, plant height, number of pods per plant, number of main branches and grain yield parameters were investigated. In statistical analysis; it was determined that plant height, number of main branches and pod succulence were insignificant, pod width was very important, and significant differences were observed in terms of other characteristics. Among the genotypes; in consumption as fresh broad beans; Antalya-2, K30 V23 ICARDA and Seher genotypes, and Adapazarı, Eresen-87, and Lara genotypes are recommended for dry grain consumption.

Keywords: Broad bean, *Vicia faba* L., adaptation, yield.

* Sorumlu yazarın e-posta adresi: mustafayilmaz@subu.edu.tr

²Bu makale yüksek lisans tezinden üretilmiştir.

1. Giriş

Kutup bölgeleri dışında her yerde yetişebilen baklagiller, tahılların ardından gelen önemli bitki grubudur [1]. Yetiştiriciliğinin bu denli geniş alana yayılması, erişilebilirliği arttırmakta ve çok yönlü kullanım alanı sağlamaktadır. Başta taze ve kuru tane tüketimiyle insan gıdası ve rasyonlara katılmak suretiyle hayvan yemi olarak önemli bir role sahiptir. Buna ek olarak; yeşil gübre olarak kullanımları ve havadaki serbest azotu (N) fikse edebilmeleri nedeniyle toprak yapısını iyileştirmektedirler. Son yıllarda, belirli sekonder metabolitler içermesi nedeniyle tıpta kullanımı artış göstermiştir [2-4].

Familiyanın isminin verilmesinde önderlik eden bakla (*Vicia faba* L.); ekonomik yönden değeri yüksek, serin iklim ve ılıman iklimlerde optimum gelişme gösterebilen yemeklik tane baklagil bitkisidir. Familiyanın diğer üyelerine göre soğuğa daha çok dayanım göstermesi nedeniyle daha geniş alanlarda yetiştirilebilmektedir [5]. Dünya’da yaklaşık olarak üç milyon ha ve ülkemizde ise yaklaşık olarak 20 bin da alan üzerinde bakla tarımı yapılmaktadır [6,7]. Gelişmişlik seviyesi yüksek olan ülkelerde daha çok hayvanlar için yem ve yeşil gübre olarak, diğer gruplardaki ülkelere (gelişmekte olan ve az gelişmiş) ise daha çok insan gıdası olarak kullanılmaktadır [8]. İnsan gıdasında tercih edilmesinin temel nedeni; içeriğindeki %28’e varan bitkisel protein oranı olup, neredeyse hayvansal proteinlere eşit düzeydedir. Hayvansal proteinlerin farklı nedenlerden (ekonomik, dini inanış vb.) dolayı karşılanamaması durumunda bakla tüketimi protein alımı için iyi bir alternatif oluşturmaktadır. İçerdiği protein oranının yanı sıra, bazı vitamin mineral ve sekonder metabolitlerce de zengindir [9-11].

Baklanın sahip olduğu olumlu özelliklerine karşın favizm etkisi (bakla zehirlenmesi), yüksek tanen içeriği ve %40-50 gibi yüksek ölçüde yabancı döllenebilme özelliği yetiştiriciliği ve tüketimi sınırlamaktadır [12-15]. Son yıllarda “zero tanen” bakla genotipleri geliştirilmesine rağmen, geniş genetik açılım göstermesi nedeniyle halen beklenen konuma gelememiştir. Ülkemizde bakla yetiştiriciliği çoğunlukla bir önceki seneden ayrılan tohumluklarla yapılmaktadır. Bu yerel popülasyonların yetiştirilmesi yabancı otlarla mücadeleyi artırsa da verimde azalışa neden olduğundan ekonomik getiriyi düşürmektedir. Bu sorunun önüne geçilebilmek ve ticari çeşitlere alternatif sunulabilmesi adına bölgeye uyum sağlayabilen yerel çeşitlerin üretiminin artırılması bir kültür mirasımız olarak yerel popülasyonların devamlılığının sağlanabilmesi açısından büyük önem arz etmektedir. Bu çalışmada; ülkemizin farklı bölgelerinde toplanan yerel popülasyonlar ve ticari çeşitler kullanılarak Bilecik ekolojik koşullarında baklanın tarımsal potansiyelinin belirlenmesi ve sürdürülebilirliğinin sağlanması amaçlanmıştır.

2. Metodoloji

Araştırmanın yapıldığı alanın toprak özelliklerine ait veriler Tablo 1’de, iklim özelliklerine ait veriler ise Tablo 2’de verilmiştir.

Tablo 1’e göre; arazinin toprak tekstürü %40’lık bir oranla killi tınlı yapıda olup, içeriğinde; %6.84 oranla orta derecede kireç, %0.45 oranla hafif derecede tuz, %7.78 oranla hafif derecede alkali, %22.16 oranla yüksek derecede fosfor, %66.90 oranla yüksek derecede potasyum ve %2.26 oranla orta derecede organik madde ihtiva ettiği belirlenmiştir.

Tablo 1: Araştırma alanına ait toprak özellikleri

Toprak Özellikleri	Değeri	Derecesi
Toprak Tekstürü (%)	40.00	Killi tınlı
Kireç (CaCO ₃ %)	6.84	Orta
Toplam Tuz (%)	0.45	Hafif tuzlu
pH	7.78	Hafif alkali
Fosfor (P ₂ O ₅ kg da ⁻¹)	22.16	Yüksek
Potasyum (K ₂ O kg da ⁻¹)	66.90	Yüksek
Organik Madde (%)	2.26	Orta

Çalışmanın yapıldığı ile ait vejetasyon dönemi ve uzun yıllar ortalaması olarak iklim verileri Tablo 2'ye göre değerlendirildiğinde; vejetasyon dönemine ait sıcaklık ortalamalarının uzun yıllar ortalamasından kısmen daha yüksek olmasına karşın toplam yağış miktarı ve nisbi nemin uzun yıllar ortalamalarından daha düşük olduğu ve Haziran ayında fazla yağış aldığı görülmektedir.

Tablo 2: Araştırma lokasyonuna ait 2019-2020 yetiştirme dönemi iklim verileri

Aylar	Sıcaklık (°C)		Yağış (mm)		Nispi nem (%)	
	UYO	2019-20	UYO	2019-20	UYO	2019-20
Kasım	9.0	12.7	37.2	27.6	71.1	63.0
Aralık	4.5	5.6	55.9	78.4	76.0	78.0
Ocak	2.4	2.4	50.1	45.4	76.5	74.0
Şubat	3.7	5.2	42.0	65.6	73.2	72.1
Mart	6.4	8.6	47.3	34.1	69.3	68.8
Nisan	11.5	10.8	41.8	36.0	64.2	61.0
Mayıs	16.1	16.7	47.7	55.2	64.5	62.0
Haziran	19.9	19.8	39.3	139.1	62.0	59.7
Temmuz	21.7	22.9	30.9	1.2	61.0	63.0
Ortalama	10.6	11.6			68.6	66.8
Toplam			392.2	482.6		

Bilecik Meteoroloji İl Müdürlüğü, UYO: Uzun yıllar ortalaması

2.1. Materyal

Araştırma 2019-2020 yetiştirme döneminde Bilecik Şeyh Edebali Üniversitesi uygulama arazisinde yürütülmüştür. Materyal olarak; Eresen-87, Filiz-99, Kıtık-2003, K2 V16 ICARDA, K30 V23 ICARDA, Lara, Salkım ve Seher ticari çeşitleri ve Antalya 1, Antalya 2, Muğla ve Sakarya yerel popülasyonları olmak üzere 12 bakla genotipi kullanılmıştır. Araştırmada kullanılan genotipler ve temin edildikleri yerler Tablo 3'te verilmiştir.

Tablo 3: Denemede kullanılan bakla genotipleri ve temin edildikleri yerler

Genotip	Temin Edildiği Yer
Eresen-87	Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü
Filiz-99	Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü
Kıtık-2003	Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü
Salkım	Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü
Lara	May Tohumculuk
Seher	May Tohumculuk
K30 V23 ICARDA	ICARDA
K2 V16 ICARDA	ICARDA
Adapazarı	Sakarya Yöresi
Antalya-1	Antalya Yöresi
Antalya-2	Antalya Yöresi
Muğla	Muğla Yöresi

2.2. Yöntem

Araştırma, tesadüf blokları deneme desenine bağlı olarak üç tekerrürlü ve bloklar arası mesafe 2.5 m olacak şekilde kurulmuştur. Blokların her biri 2 m genişliğinde ve 1.5 m uzunluğundadır. Bloklarda oluşturulan parseller 40 cm parsel aralı ve dört sıralı olarak kurulmuştur. Ekim işlemi 50 cm sıra arası mesafe, 20 cm sıra üzeri mesafe ve 5 cm ekim derinliği olacak şekilde yapılmıştır. Ekimle birlikte 16 kg da⁻¹ triple süper fosfat gübresi uygulanmıştır. Yabancı ot mücadelesi kapsamında; bitkiler yaklaşık 15 cm boyuna ulaştığında ilk çapalama işlemi ve çiçeklenme öncesinde de ikinci çapalama işlemi yapılmıştır. Yapılan gözlemler ve ölçümler; çiçeklenme gün sayısı, bitki boyu, ana dal sayısı, bitkide bakla sayısı, baklada tane sayısı, tane bakla ağırlığı, tane verimi, bakla boyu, bakla eni, bakla kalınlığı, bakla et kalınlığı ve kılçıklılık durumundan oluşmaktadır. Bu gözlem ve ölçümlerin istatistiksel analizleri SAS paket programı ile Duncan çoklu karşılaştırma yöntemi kullanılarak yapılmıştır.

3. Bulgular ve Tartışma

Araştırma sonucunda elde edilen; çiçeklenme gün sayısı, bitki boyu, ana dal sayısı ve bitkide bakla sayısına ait ortalama değerler Tablo 4'te verilmiştir.

Tablo 4: Araştırma sonucu elde edilen çiçeklenme gün sayısı, bitki boyu, ana dal sayısı ve bitkide bakla sayısına ait ortalama değerler

Genotip	Çiçeklenme Gün Sayısı (gün)	Bitki Boyu (cm)	Ana Dal Sayısı (adet)	Bitkide Bakla Sayısı (adet)
Eresen-87	108.33 ^{cd}	112.67	4.88	30.53 ^{ab}
Adapazarı	121.00 ^a	120.33	6.50	20.72 ^{ef}
Antalya-2	108.33 ^{cd}	116.33	6.05	29.10 ^{bc}
Seher	106.67 ^d	107.33	5.92	21.44 ^{ef}
Antalya-1	111.67 ^c	116.00	6.34	22.37 ^{de}
Muğla	111.00 ^{cd}	110.33	6.38	22.43 ^{de}
Lara	112.33 ^c	107.00	5.59	33.99 ^a
K30 V23 ICARDA	108.33 ^{cd}	116.33	5.71	31.96 ^{ab}
K2 V16 ICARDA	108.33 ^{cd}	109.67	5.46	23.51 ^{de}
Kıtlık-2003	122.00 ^a	113.33	5.25	26.04 ^{cd}
Filiz-99	120.33 ^{ab}	116.33	4.92	18.26 ^f
Salkım	116.67 ^b	110.67	5.09	29.96 ^b

Araştırma sonucu çiçeklenme gün süresindeki genotipler arasındaki farkın istatistikî olarak %1 düzeyinde önemli olduğu belirlenmiştir. Genotiplerin çiçeklenme gün sayısı ortalamaları 106.67-122.00 gün arasında değişiklik göstermektedir. Çiçeklenme süresinin; en kısa olduğu genotip Seher (106.67 gün) olup, en uzun olduğu genotipler ise Adapazarı ve Kıtlık-2003 (121.00 ve 122.00 gün)'dür. Konuyla ilişkin önceki yapılan çalışmayla kıyaslandığında [16] Bilecik ilinin iklim verilerindeki sıcaklık değerlerinin yüksek, yağış değerlerinin ise düşük olduğu görülmekte olup, çiçeklenmenin daha erken başladığı saptanmıştır. Araştırma sonucundaki farklılığın genotipler arasındaki geççilik erkencilik özelliklerinden ve ilin ekolojik özelliklerinden kaynakladığı düşünülmektedir.

Araştırma sonucu bitki boyundaki genotipler arasındaki farkın istatistikî olarak önemsiz olduğu belirlenmiştir. Genotiplerin bitki boyu ortalamaları 107.00-120.33 cm arasında değişiklik göstermektedir. Bitki boyunun; en kısa olduğu genotip Lara (107.00 cm) olup, en uzun olduğu genotip ise Adapazarı (120.33 cm)'dir. Konuyla ilişkin önceki yapılan çalışmalarla kıyaslandığında araştırmanın sonuçları benzerlik göstermiştir [15, 17].

Araştırma sonucu ana dal sayısındaki genotipler arasındaki farkın istatistikî olarak önemsiz olduğu belirlenmiştir. Genotiplerin ana dal sayısı ortalamaları 4.88-6.50 adet olarak değişiklik göstermektedir. Ana dal sayısının; en az olduğu genotip Eresen-87 (4.88 adet) olup, en fazla olduğu genotip ise Adapazarı (6.50 adet)'dir. Konuyla ilişkin önceki yapılan çalışmalarla kıyaslandığında araştırmanın verilerin benzerlik göstermiştir [18, 19].

Araştırma sonucu bitkide bakla sayısındaki genotipler arasındaki farkın istatistikî olarak %1 düzeyinde önemli olduğu belirlenmiştir. Genotiplerin bitkide bakla sayısı ortalamaları 18.26-33.99 adet olarak değişiklik göstermektedir. Bitkide bakla sayısının; en az olduğu genotip Filiz-99 (18.26 adet) olup, en fazla olduğu genotip ise Lara (33.99 adet)'dir. Konuyla ilişkin önceki yapılan çalışmalarla kıyaslandığında araştırmanın sonuçları benzerlik göstermiştir [20, 21].

Tablo 5: Araştırma sonucu elde edilen baklada tane sayısı, taze bakla ağırlığı, tane verimi ve bakla boyuna ait ortalama değerler

Genotip	Baklada Tane Sayısı (adet)	Taze Bakla Ağırlığı (g)	Tane Verimi (kg da ⁻¹)	Bakla Boyu (cm)
Eresen-87	3.40 ^{cd}	238.74 ^{abc}	426.10 ^a	10.91 ^{de}
Adapazarı	4.16 ^a	154.80 ^g	351.19 ^{cd}	12.25 ^{abc}
Antalya-2	4.00 ^{ab}	163.30 ^{fg}	374.31 ^{bc}	11.42 ^{bcde}
Seher	3.40 ^{cd}	262.66 ^a	346.22 ^d	13.09 ^a
Antalya-1	3.53 ^{bcd}	147.38 ^g	306.54 ^e	10.18 ^e
Muğla	3.89 ^{abc}	185.13 ^{ef}	374.05 ^{bc}	11.60 ^{bcd}
Lara	4.24 ^a	249.81 ^{ab}	301.60 ^e	12.35 ^{ab}
K30 V23 ICARDA	3.31 ^d	198.00 ^{de}	428.16 ^a	11.04 ^{cde}
K2 V16 ICARDA	3.64 ^{bcd}	164.11 ^{fg}	446.34 ^a	10.40 ^{de}
Kıtlık-2003	3.22 ^d	235.51 ^{bc}	339.09 ^d	10.78 ^{de}
Filiz-99	3.58 ^{bcd}	219.37 ^{cd}	308.62 ^e	11.27 ^{bcde}
Salkım	3.26 ^d	239.56 ^{abc}	385.40 ^b	10.85 ^{de}

Araştırma sonucu baklada tane sayısındaki genotipler arasındaki farkın istatistikî olarak %1 düzeyinde önemli olduğu belirlenmiştir. Genotiplerin baklada tane sayısı ortalamaları 3.22-4.24 adet olarak değişiklik göstermektedir. Baklada tane sayısının; en az olduğu genotipler Kıtlık-2003, Salkım ve K30 V23 ICARDA (3.22, 3.26 ve 3.31 adet) olup, en fazla olduğu genotipler ise Adapazarı ve Lara (4.00 ve 4.24 adet)'dir. Konuyla ilişkin önceki yapılan çalışmalarla kıyaslandığında araştırmanın sonuçları benzerlik göstermiştir [22, 23].

Araştırma sonucu taze bakla ağırlığındaki genotipler arasındaki farkın istatistikî olarak %1 düzeyinde önemli olduğu belirlenmiştir. Genotiplerin taze bakla ağırlığı ortalamaları 147.38-262.66 g arasında değişiklik göstermektedir. Taze bakla ağırlığının; en az olduğu genotipler Antalya-1 ve Adapazarı (147.38 ve 154.80 g) olup, en fazla olduğu genotip ise Seher (262.66 g)'dir. Konuyla ilişkin önceki yapılan çalışmalarla kıyaslandığında araştırma sonucundaki farklılığın genotiplerin özelliklerinden kaynakladığı düşünülmektedir.

Araştırma sonucu tane verimindeki, genotipler arasındaki farkın istatistikî olarak %1 düzeyinde önemli olduğu belirlenmiştir. Genotiplerin tane verimi ortalamaları 301.60-446.34 kg da⁻¹ arasında değişiklik göstermektedir. Tane veriminin; en az olduğu genotipler Lara, Antalya-1 ve Filiz-99 (301.60, 306.54 ve 308.62 kg da⁻¹) olup, en fazla olduğu genotipler ise K2 V16 ICARDA, K30 V23 ICARDA ve Eresen-87 (446.34, 428.16 ve 426.10 kg da⁻¹)'dir. Konuyla ilişkin yapılan literatür taramasında benzer sonuçların bulunduğu görülmektedir [23, 24].

Araştırma sonucu bakla boyundaki, genotipler arasındaki farkın istatistikî olarak %1 düzeyinde önemli olduğu belirlenmiştir. Genotiplerin bakla boyunun ortalamaları 10.18-13.09 cm arasında değişiklik göstermektedir. Bakla boyunun; en kısa olduğu genotip Antalya-1 (10.18 cm) olup, en uzun olduğu genotip ise Seher (13.09 cm)'dir. Konuyla ilişkin önceki yapılan çalışmalarla kıyaslandığında araştırmanın sonuçları benzerlik göstermiştir [25].

Tablo 6: Araştırma sonucu elde edilen bakla eni, bakla kalınlığı, bakla et kalınlığı ve kılçıklılık durumuna ait ortalama değerler

Genotip	Bakla Eni (mm)	Bakla Kalınlığı (mm)	Bakla Et Kalınlığı (mm)	Kılçıklılık Durumu
Eresen-87	15.62 ^{ab}	12.88 ^a	1.71	Y
Adapazarı	14.91 ^{bc}	11.56 ^{de}	1.41	Y
Antalya-2	14.89 ^{bc}	12.30 ^{abcd}	1.84	V
Seher	16.23 ^a	12.76 ^{ab}	1.71	V
Antalya-1	14.12 ^c	11.39 ^e	1.43	Y
Muğla	15.12 ^{abc}	12.02 ^{bcde}	1.75	Y
Lara	15.15 ^{abc}	12.00 ^{bcde}	1.54	Y
K30 V23 ICARDA	15.14 ^{abc}	12.23 ^{abcd}	1.58	Y
K2 V16 ICARDA	14.68 ^{bc}	11.84 ^{cde}	1.59	V
Kıtlık-2003	15.31 ^{ab}	12.42 ^{abc}	1.58	V
Filiz-99	15.76 ^{ab}	12.70 ^{ab}	1.59	V
Salkım	15.78 ^{ab}	12.72 ^{ab}	1.57	Y

Araştırma sonucu bakla enindeki, genotipler arasındaki farkın istatistikî olarak %5 düzeyinde önemli olduğu belirlenmiştir. Genotiplerin bakla eninin ortalamaları 14.12-16.23 mm arasında değişiklik göstermektedir. Bakla eninin; en az olduğu genotip Antalya-1 (14.12 mm) olup, en fazla olduğu genotip ise Seher (16.23 mm)'dir. Konuyla ilişkin önceki yapılan çalışmalarla kıyaslandığında araştırmanın sonuçları benzerlik göstermiştir [26, 27].

Araştırma sonucu bakla kalınlığındaki, genotipler arasındaki farklılığın istatistikî olarak %1 düzeyinde önemli olduğu belirlenmiştir. Genotiplerin bakla kalınlığının ortalamaları 11.39-12.88 mm arasında değişiklik göstermektedir. Bakla kalınlığının; en az olduğu genotip Antalya-1 (11.39 mm) olup, en fazla olduğu genotip ise Eresen-87 (12.88 mm)'dir. Konuyla ilişkin önceki yapılan çalışmalarla kıyaslandığında araştırmanın sonuçları benzerlik göstermiştir [20, 26].

Araştırma sonucu bakla et kalınlığı, genotipler arasındaki farkın istatistikî olarak önemsiz olduğu belirlenmiştir. Genotiplerin bakla et kalınlığı ortalamaları 1.41-1.84 mm arasında değişiklik göstermektedir. Bakla et kalınlığının; en az olduğu genotip Adapazarı (1.41 mm) olup, en fazla olduğu genotip ise Antalya-2 (1.84 mm)'dir. Konuyla ilişkin önceki yapılan çalışmalarla kıyaslandığında araştırmanın sonuçları benzerlik göstermiştir [28].

Genotiplerde taze bakla olarak tüketimde tercih edilmeyen bir unsur olan kılçıklılık durumu gözlemlendiğinde; Adapazarı, Antalya-1, Eresen-87, K30 V23 ICARDA, Lara, Muğla ve Salkım genotiplerinde kılçık bulunmadığı, Antalya-2, Filiz-99, Kıtlık-2003, K2 V16 ICARDA ve Seher genotiplerinde kılçık saptanmıştır.

4. Sonuç

Değerlendirilen parametreler doğrultusunda araştırma sonuçlarının; çiçeklenme gün sayısı, bitkide bakla sayısı, baklada tane sayısı, taze bakla ağırlığı, bakla tane verimi, bakla boyu ve bakla kalınlığı

özelliklerinin Bilecik ekolojik koşullarında genotipler arası istatistiksel olarak önemli derecede, bakla eni özelliğinin ise çok önemli derecede farklılıklar gösterdiği tespit edilmiştir. İncelenen genotipler arasında önerilebilecek çeşit ve yerel popülasyonun tüketim biçimine bağlı olarak değişim gösterebileceği saptanmıştır. Bu bağlamda; taze bakla olarak tüketimde Antalya-2, K30 V23 ICARDA ve Seher genotipleri, kuru tane olarak tüketimde ise Adapazarı, Eresen-87 ve Lara genotipleri önerilmektedir.

5. Beyanname

Çıkar Çatışması

Makaleyi yazan yazarlar arasında herhangi bir çıkar çatışması bulunmamaktadır.

Yazar Katkısı

Mustafa YILMAZ: Makaleyi yazdı.

Melike KÖSE: Makale için gerekli araştırmaları yapıp, makaleyi düzenledi.

Kaynakça

- [1] Gülümser, A. (2016). Dünyada ve Türkiye’de Yemelik Dane Baklagillerin Durumu. *Tarla Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsü Dergisi*, 25(ÖZEL SAYI-1), 292-298.
- [2] Heinzmann, F. (1981). Assimilation Von Luftstickstoff Durch Verschiedene Leguminosenarten und Dessen Verwertung Durch Gefreidenachfrüchte, *Diss, Hohenheim*, page:132.
- [3] Alan, Ö. ve Geren, H. (2006). Ödemiş-İzmir Koşullarında Yetiştirilen Bazı Bakla (*Vicia faba* var. major) Çeşitlerinin Tohum Verimi ve Diğer Bazı Özellikleri Üzerinde Bir Araştırma. *Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Derg.*, 43(1), 13-20.
- [4] Taschina, M., Moisa, C., Lupitu, A., Copolovici, D. M. & Copolovici, L. (2022). Influence of Nonsteroidal Anti-Inflammatory Drugs (NSAIDs) on Photosynthetic Parameters and Secondary Metabolites of Plants from Fabaceae Family. *Applied Sciences*, 12(13), 6326.
- [5] Çırka, M., Tunçtürk, R., Kulaz, H., Tunçtürk, M., Eryiğit, T. ve Baran, İ. (2022). Kuraklık Stresi Altında Yetiştirilen Bakla (*Vicia faba* L.) Bitkisinde Rizobakteri ve Alg Uygulamalarının Bitki Gelişimi Üzerindeki Etkilerinin İncelenmesi. *Journal of the Institute of Science and Technology*, 12(2), 1124-1133.
- [6] FAO. *Dünya Bakla Ekim Alanları*, Erişim Tarihi: 16.02.2022, www.fao.org.
- [7] TÜİK. *Türkiye Bakla Ekim Alanları*, Erişim Tarihi: 20.02.2022, www.tuik.gov.tr.
- [8] Soysal, S., Uçar, Ö. ve Erman, M. (2020). Siirt İli Ekolojik Koşullarında Farklı Sıra Arası ve Sıra Üzeri Mesafelerin Bakla (*Vicia faba* L.)’nın Verim ve Bazı Verim Özelliklerine Etkileri. *Avrupa Bilim ve Teknoloji Dergisi*, (20), 740-745.
- [9] Pekşen, E. ve Gülümser, A. (2006). Sonbahar ve İlkbaharda Ekilen Bakla (*Vicia faba* L.) Genotiplerinin Bazı Bitkisel Özellikleri ve Tane Verimi Bakımından Karşılaştırılması. *Ondokuz Mayıs Üniv. Ziraat Fakültesi Dergisi*, 22(1):79-85
- [10] Kan, A., Aktaş, Ö. ve Özaktan, H. (2010). Baklanın (*Vicia faba* L.) Dünya ve Türkiye Ekonomisindeki Yeri ve Önemi (Derleme). *Bitkisel Araştırma Dergisi* (2): 35–40
- [11] TÜRKOMP (Ulusal Gıda Kompozisyon Veri Tabanı). *Baklanın Besinsel İçeriği*, Erişim Tarihi: 27.12.2020, <http://www.turkomp.gov.tr/food-bakla-216>.
- [12] Laosombat V, Sattayasevana B, Chotsampancharoen T. & Wongchanchailert M, (2006). Glucose-6-Phosphate Dehydrogenase Variants Associated with Favism in Thai Children. *International Jour. Of Hematology*, 83 (2): 139-143.

- [13] Karaköy T., Demirbaş A., Yörük V., Toklu F., Baloch F. S., Durukan H., Öztürk M., Ton A., Anlarsal A. E. ve Özkan H. (2015). Türkiye Orijinli Bakla (*Vicia faba* L.) Genotiplerinin Soğuğa Dayanıklılık Yönünden İncelenmesi Üzerine Bir Araştırma, *11. Tarla Bitkileri Kongresi 7-10 Eylül, Çanakkale, Cilt:1*, 430-433.
- [14] Roland, W. S. U., Pouvreau, L., Curran, J., Van de Velde, F. & de Kok P. M. T. (2017). Flavor Aspects of Pulse Ingredients. *Cereal Chemistry*, 94 (1): 58-65.
- [15] Akkad, R., Kharraz, E., Han, J., House, J. D. & Curtis, J. M. (2019). Characterisation of The Volatile Flavour Compounds in Low and High Tannin Faba Beans (*Vicia faba* var. minor) grown in Alberta, Canada. *Food Res. Intern.*, 120, 285-294.
- [16] Pekşen, E. ve Artık, C. (2006). Bazı Yöresel Bakla (*Vicia faba* L.) Populasyonlarının Bitkisel Özellikleri ve Tane Verimlerinin Belirlenmesi. *Journal of Agricultural Sciences*, 12(2), 270-277.
- [17] Alan, Ö. ve Geren, H. (2006). Ödemiş-İzmir Koşullarında Yetiştirilen Bazı Bakla (*Vicia faba* var. major) Çeşitlerinin Tohum Verimi ve Diğer Bazı Özellikleri Üzerinde Bir Araştırma. *Ege Üniversitesi Ziraat Fak. Der.*, 43(1), 13-20.
- [18] Köseoğlu, C. (2006). *Çukurova Koşullarında Farklı Ekim Sıklıklarında Bakla Çeşitlerinin Tane Verimi ve Verimle İlgili Özelliklere Etkisi Üzerinde Bir Araştırma*. (Yüksek lisans tezi). Çukurova Üniversitesi, Fen Bilimleri Ens., Adana.
- [19] Akgün, D. (2020). *Bazı Bakla (*Vicia faba* L.) Genotiplerinin Tarımsal ve Biyokimyasal Özellikler Yönünden Değerlendirilmesi ve Seleksiyonu*. (Yüksek lisans tezi). Akdeniz Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Antalya.
- [20] Pekşen, A., Pekşen, E. ve Artık, C. (2006). Bazı Bakla (*Vicia faba* L.) Populasyonlarının Bitkisel Özellikleri ve Taze Bakla Verimlerinin Belirlenmesi. *Anadolu Tarım Bilimleri Dergisi*, 21(2), 225-230.
- [21] Koç, S. (2016). *Tekirdağ Koşullarında Yetiştirilen Bakla (*Vicia faba* L.) Genotiplerinin Verim ve Verim Unsurlarının Belirlenmesi Üzerine Bir Araştırma*. (Yüksek lisans tezi). Namık Kemal Üniversitesi, Fen Bilimleri Ens., Tekirdağ.
- [22] Kadioğlu, S. (2019). Erzurum İlinde Yetiştirilen Bazı Bakla (*Vicia faba* L.) Çeşit ve Populasyonlarının Verim ve Bazı Agromorfolojik Özellikleri. *Tarla Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsü Dergisi*, 28(2), 112-120.
- [23] Mıdık, İ. E. (2019). *Düşük Tanen İçerikli Bakla (*Vicia faba* L.) Populasyonlarının Antalya Koşullarında Verim ve Tarımsal Özellikler İçin Seçilmesi*. (Yüksek lisans tezi). Akdeniz Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Antalya.
- [24] Başdemir, F., Türk Z., İpekeşen, S., Tunç M., Elish S. ve Biçer, B. (2020). Bazı Bakla (*Vicia faba* L.) Çeşitlerinde Gübre Uygulamalarının Verim ve Verim Unsurlarına Etkisi, *Türk Tarım ve Doğa Bilimleri Dergisi*, 7(3), 749-756.
- [25] Pekşen, E. ve Gülümser, A. (2007). Sonbahar ve İlkbaharda Ekilen Bakla (*Vicia faba* L.) Genotiplerinin Bazı Bitkisel Özellikler ve Tane Verimi Bakımından Karşılaştırılması. *Anadolu Tarım Bilimleri Dergisi*, 22(1), 79-85.
- [26] Odabaş M. S. ve Gülümser A. (2005). Farklı Işık Şiddetinin Bakla'da (*Vicia faba* L.) Verim ve Bazı Bitkisel Özelliklere Etkisi. *Journal of Agriculture. Science*, 11(03), 286-291.
- [27] Pekşen, E. (2007). Bakla (*Vicia faba* L.)'da Özellikler Arasındaki İlişkiler ve Tane Verimi Bakımından Seleksiyon Kriterlerinin Belirlenmesi. *Anadolu Tarım Bilimleri Dergisi*, 22(1), 73-78.
- [28] Yıldız, K. (2018). *Yerel Bakla (*Vicia faba* L.) Genotiplerinin Taze ve Kuru Tane Amaçlı Kullanıma Uygunluğunun Belirlenmesi*. (Doktora tezi). Ondokuz Mayıs Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Samsun.



© 2020 by the authors. Submitted for possible open access publication under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY) license (<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>).