

## Mezlezleme Islahı Yoluyla Elde Edilen Ümitvar Kiraz (*Prunus avium* L.) Genotiplerinin Kendine Verimlilik ve S-Allel Genlerinin Belirlenmesi

İsmail DEMİRTAŞ<sup>1</sup>, Fatma YILDIRIM<sup>\*1</sup>

Ziraat Fakültesi Dergisi,  
Cilt 16, Sayı 2,  
Sayfa 105-114, 2021

Journal of the Faculty of Agriculture  
Volume 16, Issue 2,  
Page 105-114, 2021

**Özet:** Kiraz tüm dünyada sevilerek tüketilen ve üreticisine yüksek düzeyde kazanç sağlayan meyve türlerinin başında gelmektedir. Ancak eski kiraz çeşitlerinin yetiştiriciliğinde verim, kalite ve kendine uyumsuzluk gibi önemli sorunlar bulunmaktadır. Bu noktada önemli bir kiraz üreticisi ve ihracatçısı olan ülkemizin dünya piyasalarındaki rekabet gücünü koruyabilmesi ve arttırabilmesi için kendine verimli ve kaliteli yeni çeşitlerini geliştirmesi gerekmektedir. Bu kapsamda, Eğirdir Meyvecilik Araştırma Enstitüsü (MAREM) tarafından mezlezleme yolu ile kiraz çeşit ıslahı çalışmaları 2007 yılında başlatılmıştır. Bu çalışmada, MAREM’de yapılan mezlezlemeler (0900 Ziraat x kendine uyşur veya uyşmaz çeşitler) sonucunda elde edilen ümitvar 27 adet kiraz genotipinin kendine verimlilik durumları ile S-allel uyşmazlık genlerinin belirlenmesi amaçlanmıştır. Genotiplerin kendileme ve serbest tozlanma ile meyve tutum oranları 2015 ve 2016 yıllarında iki yıl boyunca belirlenmiştir. S-allel uyşmazlık genlerinin belirlenmesi moleküler çalışmalar ile gerçekleştirilmiştir. Çalışmada, genotiplerin meyve tutum oranları kendileme uygulamalarında %0-%33, serbest tozlanmada ise %3-%54 arasında değişmiştir. Arazi çalışmalarında genotiplerin kendine uyşma durumları ile ilgili fikir sağlansa da kesin sonuca ulaşamayacağı anlaşılmıştır. Moleküler çalışmalarda, PCR amplifikasyonunda elde edilen sonuçlara göre S<sub>1</sub>, S<sub>3</sub>, S<sub>9</sub> ve S<sub>12</sub> kendine uyşmazlık allelleri ile S<sub>4</sub> kendine uyşurluk allelini gösteren bantlar üretilmiştir. Genotiplerin 13’ünde kendine uyşurluk alleli (S<sub>4</sub>) bulunmuştur. Genotipler; S<sub>1</sub>S<sub>3</sub>, S<sub>1</sub>S<sub>4</sub>, S<sub>1</sub>S<sub>12</sub>, S<sub>3</sub>S<sub>4</sub>, S<sub>3</sub>S<sub>9</sub>, S<sub>3</sub>S<sub>12</sub>, S<sub>4</sub>S<sub>12</sub> ve olmak üzere yedi farklı S-allelleri grubuna ayrılmıştır.

**Anahtar Kelimeler:** *Prunus avium*, ıslah, mezlezleme, uyşmazlık, S-allel

## Identification Self-fertility and S-Allele Genes of Promising Sweet Cherry (*Prunus avium* L.) Genotypes Obtained by Crossbreeding

**Abstract:** Cherry is one of the fruit species that are loved and consumed all over the world and provide high levels of income to its producers. However, in the cultivation of old cherry varieties, there are important problems such as yield, quality and self-incompatibility. At this point, our country, which is an important cherry producer and exporter, needs to develop its own productive and high quality new varieties in order to maintain and increase its competitive power in the world markets. In this context, sweet cherry cultivar breeding studies by hybridization were initiated by Eğirdir Fruit Research Institute (MAREM) in 2007. In this study, it was aimed to determine the self-fertility status and S-allele incompatibility genes of 27 promising sweet cherry genotypes obtained as a result of crosses (0900 Ziraat x self-compatible or incompatible varieties) performed in MAREM. Self-pollination and fruit set rates of the genotypes were determined for two years in 2015 and 2016. Identification of S-allele genes was determined by molecular studies. In the study, fruit set rates of the genotypes varied between 0%-33% in self-pollination and 3%-54% in free-pollination. Although an idea about the self-fertility status of the genotypes is provided in field studies, it has been understood that no definite conclusion can be reached. In molecular studies, bands showing S<sub>1</sub>, S<sub>3</sub>, S<sub>9</sub> and S<sub>12</sub> self-incompatibility alleles and S<sub>4</sub> self-compatibility allele were produced according to the results obtained in PCR amplification. The self-compatibility allele (S<sub>4</sub>) was found in 13 of the genotypes. Genotypes are divided into seven different groups of S-alleles; namely S<sub>1</sub>S<sub>3</sub>, S<sub>1</sub>S<sub>4</sub>, S<sub>1</sub>S<sub>12</sub>, S<sub>3</sub>S<sub>4</sub>, S<sub>3</sub>S<sub>9</sub>, S<sub>3</sub>S<sub>12</sub> and S<sub>4</sub>S<sub>12</sub>.

**Keywords:** *Prunus avium*, breeding, hybridization, incompatibility, S-allele

\*Sorumlu yazar (Corresponding author)  
fatmayildirim@isparta.edu.tr

Alınış (Received): 08/03/2021  
Kabul (Accepted): 03/09/2021

<sup>1</sup>Isparta Uygulamalı Bilimler Üniversitesi,  
Ziraat Fakültesi, Bahçe Bitkileri Bölümü  
Isparta, Türkiye.

## 1. Giriş

Kiraz (*Prunus avium* L.) hem meyve tür sayısının az olduğu dönemde pazara çıkması hem de lezzetli, albenisi yüksek, gösterişli renkli meyveleri ile her yaşta insanın zevkle tükettiği ve talep ettiği lüks meyveler arasında yer almaktadır. Ayrıca sahip olduğu antioksidan etkisi yüksek biyokimyasal içeriği ile insan sağlığı üzerine önemli pozitif etkiler göstermesi bakımından da dikkati çekmektedir (Nawirska-Olszanska ve ark., 2017; Wang ve ark., 2009).

Sert çekirdekli meyve türlerinden olan kiraz, dünyanın ılıman iklim kuşağında yer alan birçok bölgesinde yetiştirilmektedir. Dünyada bugün itibarıyla kiraz üretimi 68 ülkede yapılmakta ve giderek artan bir eğilim göstermektedir (FAO, 2019). Nitekim 2008 yılında 2.184.986 ton olan üretim miktarı, 2019 yılında %20'lik artışla, 2.638.179 çıkmıştır (FAO, 2019). Dünyada 2019 yılı verilerine göre en fazla miktarda kiraz üreten ülke Türkiye'dir (664.224 ton). İkinci sırada ABD (321.410 ton) gelmektedir. Özbekistan (175.861 ton), Şili (233.929 ton), İran (128.354 ton), İspanya (118.360 ton) ve İtalya (98.600 ton) diğer önemli kiraz üreticisi ülkelerdir (FAO, 2019).

Dünyada en fazla kiraz ihracatını Şili (220.196 ton) gerçekleştirmektedir. Bu ülkeyi Hong Kong (167.756 ton), ABD (81.153 ton) ve Türkiye (80.508 ton) izlemektedir. Çin (395.155 ton), Hong Kong (188.663 ton), Rusya (74.718 ton) ve Almanya (48.620 ton) ise önde gelen ithalatçı ülkelerdir (FAO, 2019). Türkiye ihraç ettiği kirazın büyük bir kısmını Almanya, Rusya, Hollanda ve Avusturya'ya gerçekleştirmektedir (Acıköse ve Gürbüz, 2018).

Türkiye'de üretim miktarı, 90'lı yıllardan itibaren sürekli artış göstermiştir. İklimsel dalgalanmalar göz ardı edildiğinde, Türkiye'de kiraz üretimi 1990'lı yıllardan beri dış ticaret talebine bağlı olarak 1990-2000 arası %60, 2000-2010 arası %81, 2010-2017 yılları arasında ise %50'lik bir artış göstermiştir. Dekara verim ise ortalama 800 kg civarındadır (TÜİK, 2019).

Elverişli iklim koşulları, kiraz üretimi konusunda Türkiye'yi diğer ülkelere göre daha avantajlı kılmakta ve kaliteli kiraz üretimine olanak sağlamaktadır. Ülkemizde, farklı ekolojik bölgeler ve kiraz çeşitlerinin olgunlaşma zamanları dikkate alındığında; ilk kiraz hasadı İzmir ve Manisa illerinde Mayıs ayında başlamakta, Konya (Hadim, Taşkent) ve Kahramanmaraş (Andırın) illerinde Temmuz ayında son bulmaktadır. Böylelikle yaklaşık 80-90 gün pazara kiraz arzı sağlanmaktadır. Bununla birlikte ülkemiz, erkenci ve geçici çeşitlerin üretimde yaygınlaştırılması ve hasat sonrası teknolojik uygulamalar ile 120 gün boyunca pazara taze kiraz sunabilecek potansiyele sahiptir. Türkiye kiraz ihracatının yaklaşık %80'inini dış pazarda "Türk kirazı" olarak tanınan '0900 Ziraat' çeşidi oluşturmaktadır. Üstün meyve kalite özellikleri bakımından iç ve dış ticarete kendine yer bulan '0900 Ziraat' çeşidinin kendine uyumsuz

oluşu ve her yıl düzenli ürün alınamaması gibi dünya piyasalarında rekabet gücünü olumsuz etkileyen istenmeyen özellikleri bulunmaktadır (Akgül vd., 2005; Demirtaş vd., 2006). Bu nedenle ülkemiz kiraz üretiminde ve ihracatında dalgalanmalar ortaya çıkmaktadır. Bu bağlamda verimlilikte kararlı, kendine verimli ve kaliteli meyvelere sahip kiraz çeşitlerinin ıslah edilmesi ülkemiz kiraz üretimi ve ticareti için son derece elzemdir.

Türkiye'de, 2001 yılında, Atatürk Bahçe Kültürleri Merkez Araştırma Enstitüsü tarafından melezleme ve mutasyon ıslah yöntemleri kullanılarak kirazda çeşit ıslahı çalışmaları başlatılmıştır. Çalışma kapsamında, '0900 Ziraat' çeşidine uygulanan mutasyon sonucunda elde edilen ümitvar iki mutant 'Burak' ve 'Aldamlı' isimleriyle 2013 yılında tescil ettirilmiştir. Bunun yanı sıra, Eğirdir Meyvecilik Araştırma Enstitüsü tarafından da '0900 Ziraat' çeşidinde 1999 yılında başlatılan klon seleksiyonu çalışmaları sonucunda '4218' no'lu klon 'Davraz' ismiyle 2011 yılında tescil ettirilmiştir. Yine aynı kurumda 2007 yılında melezleme ıslahı ile yeni çeşit geliştirme çalışmaları başlatılmıştır.

Meyvecilikte ıslah çalışmaları uzun yıllar gerektiren yüksek maliyetli çalışmalardır ve çeşidin başarısını pazardaki yaygınlığı belirler. Dünyadaki kirazda ıslah çalışmalarının amaçları zamana ve koşullara bağlı olarak farklılık gösterse de başarılı ıslah programlarında çeşidin ticari başarısı bakımından seleksiyon kriterleri olarak; verim, meyve iriliği, meyve kalitesi, meyve rengi, meyve eti sertliği, tat-aroma, raf ömrü, meyve çatlamasına hassasiyeti, kendine uyumsuzluk, erken veya geç olgunlaşma vb. özellikler üzerinde durulmaktadır (Quero-García ve ark., 2017; Schuster ve ark., 2014; Sansavini ve Lugli, 2005; Brown ve ark., 1996; Saunier, 1996; Bargioni, 1996).

Kirazlarda yüksek verim ve kalitenin sağlanabilmesi için iyi bir tozlanma ve ardından sağlıklı döllemenin gerçekleşmesi gerekir. Kirazlarda görülen uyumsuzluk nedeniyle bahçe tesisinde uygun bir tozlayıcıya ihtiyaç vardır. Hatta karşılıklı uyumsuzluk da görüldüğünden en az 2-3 uyumsuz tozlayıcının bahçede bulundurulması gerekmektedir. Bununla birlikte kendine uyumsuz çeşitlerde iyi bir tozlanma kombinasyonu sağlansa bile bazı yıllar polen üretiminin az olması gibi nedenlerden dolayı meyve tutumu zayıf kalabilmektedir. Bütün bunlar kiraz yetiştiricileri için ekstra iş ve masraf çıkartmaktadır. Bu nedenle son yıllarda kendine verimli kiraz çeşitlerinin kullanımı yaygınlaşmaktadır (Jayansankar ve Kappel, 2011; Tehrani ve Brown, 1992).

Kirazlarda kendine ve karşılıklı uyumsuzluğun (grup uyumsuzluğu) var olduğu uzun zamandan beri bilinmektedir (Özçağır ve ark., 2003). Kirazlarda görülen gametofitik uyumsuzluk birçok alleli bulunan (multiple) tek bir gen tarafından kontrol edilmektedir (Özçağır vd., 2005; Thompson, 1996). Bu uyumsuzluğu kontrol eden genlere S-allel genler denir. Bu allel genler S<sub>1</sub>, S<sub>2</sub>, S<sub>3</sub>, S<sub>4</sub> ..... S<sub>n</sub>

şeklinde temsil edilmektedir. Somatik hücreler bunlardan iki tanesini (Örn:  $S_1S_2$ ) taşıırken, çiçek tozları sadece birisini (Örn: ya  $S_1$  ya da  $S_2$ ) taşır.  $S_1$  veya  $S_2$  genotipindeki çiçek tozları,  $S_1S_2$  genotipindeki bitki ile karşılaştığında, çim borusu aynı allel gene sahip stil dokusu içerisinde ilerleyememekte ve dölleme olayı gerçekleşmemektedir. Aynı S-allel kombinasyonuna sahip olan çeşitler aynı grup içinde değerlendirilir ve birbirlerini dölleyemezler. Aksine, farklı S-allelere olan çeşitler uyumludur ve dolayısıyla farklı uyumsuzluk gruplarına atanırlar. Eşsiz S-alleleline sahip olan çeşitler diğer tüm çeşitlerle uyuma gösterirler. Bu çeşitlere evrensel donör denir ve grup O'da sınıflandırılırlar (Thompson, 1996; Tehrani ve Brown, 1992). Schuster (2012), 2017 yılına kadar 1203 kiraz çeşidinin uyumsuzluk gruplarının belirlendiğini, toplam 60 uyumsuzluk grubunun tespit edildiğini, bunların 25'nin S universal donör olarak tanımlandığını ve kendine verimli kiraz çeşit sayısının 72 olduğunu belirtmektedir.

Çeşitlerin kendine verimliliklerinin belirlenmesi geleneksel olarak arazi sonuçlarına dayanmaktadır. Ancak arazi sonuçları bazen fizyolojik ve çevresel etkilerden dolayı belirsizdir ve yarı uyuşur ile tam uyuşur kombinasyonlar arasında tam bir ayırım yapmayı zorlaştırır. Kendine uyumsuzluğun belirlenmesinde S-RNase enzimleri ile DNA amplifikasyonu ve tanımlanması temeline dayanan moleküler yöntemler geliştirilmiştir (Tsukamoto vd., 2008a, 2008b; Sonneveld vd., 2001, 2003, 2005; Tao vd., 1999). Moleküler teknikler çeşitlerin karşılıklı uyumsuzluk gruplarının belirlenmesinde rutin olarak kullanılmaktadır (Schuster, 2017).

Bilinen kiraz çeşitlerinin büyük çoğunluğu hem kendine uyumsuzluk hem de grup uyumsuzluğu göstermektedir. Kendine verimli kiraz çeşitleri (Stella, Cristobalina, Celeste, New Star, Lapins, Starkrimson, Isabella, Sweetheart, Samba, Sonata, Sandra Rose) ise oldukça azdır. Islah çalışmalarında ümitvar görülen genotiplerin uyumsuzluk gruplarının tescil öncesi belirlenmesi çok önemlidir. Bu çalışmalar sayesinde, hem kendine verimli bireyler belirlenebilecek hem de uyumsuzluk gösterenler için uygun tozayı seçimi yapılabilecektir. Geliştirilen çeşit adaylarının benimsenmesinde önceden özelliklerinin belirlenmesine yönelik yapılacak çalışmalar, ıslah çalışmalarının süresinin kısaltılmasında ve çeşit adaylarının ticarileştirilmesinde önemli katkı sağlayacaktır.

Bu çalışmada, 2007 yılında Eğirdir Meyvecilik Araştırma Enstitüsü'nde başlatılan kiraz ıslah çalışmasında kontrollü melezlemelerle (0900 Ziraat x kendine uyuşur veya uyuşmaz çeşitler) elde edilen, meyve iriliği ve olgunlaşma zamanları (erkenci, geçici) bakımından ümitvar görülen 27 genotipin kendine verimlilik durumları ile S-allel uyumsuzluk genlerinin belirlenmesi amaçlanmıştır.

## 2. Materyal ve Metot

Bu çalışmanın bitkisel materyalini Eğirdir Meyvecilik Araştırma Enstitüsü'nde 2007 yılında başlatılan "Yeni Kiraz Çeşitlerinin Geliştirilmesi" ıslahı programı kapsamında yapılan melezlemeler sonucunda elde edilen ve çeşitli özellikleri (erkenci-geçici, meyve kalitesi) bakımından öne çıkan 7-8 yaşındaki 27 adet genotip oluşturmuştur. Seçilen genotipler kendi kökleri üzerinde Seleksiyon I parselinde 3 x 1 m aralıklarla dikilmişlerdir. Islah programında ana ebeveyn olarak '0900 Ziraat' çeşidi ile baba ebeveyn olarak 'Stella', 'Sunburst', 'Sweetheart', 'Lapins' ve 'Early Burlat' çeşitleri kullanılmıştır. Çalışmada yer alan genotiplerin ebeveynlerine ait bilgiler ve genotip numaraları Tablo 1'de sunulmuştur.

**Tablo 1.** Genotiplerin ebeveynleri ve numaraları

Ebeveynler	Genotip no
'0900 Ziraat' x 'Early Burlat'	249, 337, 572
'0900 Ziraat' x 'Lapins'	213, 215, 227, 243, 324, 410, 414, 519, 528, 530
'0900 Ziraat' x 'Stella'	104, 134, 241, 246, 531
'0900 Ziraat' x 'Sweet Heart'	219, 231, 235, 335, 336
'0900 Ziraat' x 'Sunburst'	119, 153, 229, 232

Genotiplerin kendileme ve serbest tozlanma ile meyve tutum oranları 2015 ve 2016 yıllarında belirlenmiştir. S-allel uyumsuzluk genlerinin belirlenmesi 2016 yılında yapılan laboratuvar çalışmaları ile gerçekleştirilmiştir.

### 2.1. Arazi çalışmaları

Ağaçlarda çiçek tomurcuğu patlama aşamasında uygulama yapılacak dallar seçilmiştir. Kendileme çalışmaları için her ağaçta dört farklı yönde seçilen 4 dalda bulunan 30'ar adet çiçek, beyaz tomurcuk döneminde izolasyon amacıyla keselenmiştir. Keseme işlemi için mermerşahi parşömen kâğıdı kullanılmıştır. Tam çiçeklenme zamanında, kese içerisindeki çiçekler elle, kendi çiçek tozları ile tozlanmıştır. Bu işlem iki defa tekrar edilmiştir. Çiçeklenme sonunda keseler çıkartılmıştır. Taç yapraklar döküldükten 20 gün sonra tutan meyveler sayılmış ve meyve tutum oranları % olarak hesaplanmıştır. Serbest tozlanma oranını belirlemek için hiçbir işlem yapılmayıp, ağacın dört farklı yönünden seçilen dört dalda bulunan 30'ar adet çiçek beyaz tomurcuk aşamasında sayılıp, etiketlenmiştir. Taç yapraklar döküldükten 20 gün sonra tutan meyveler sayılmış ve meyve tutum oranları % olarak hesaplanmıştır (Ülger ve Özçağırın, 1989).

### 2.2. Moleküler çalışmalar

S-allel genlerin analizi için yaprak örnekleri Mayıs ayının ilk haftasında alınarak, aynı gün içinde buz kutusu bulunan saklama kaplarında Ankara Üniversitesi Biyoteknoloji Enstitüsü laboratuvarlarına götürülmüş ve DNA izolasyon aşamasına kadar -80 °C'de saklanmıştır.

### 2.2.1. DNA izolasyonu

DNA izolasyonu için genç yapraklar sıvı azotla ezilmiş ve her bir örneğe ait 100 mg ezilmiş örnek alınarak 2µl ependorf tüplere aktarılmıştır. Sonrasında tüplerin üzerlerine 1ml DNA ekstraksiyon solüsyonu eklenerek, tüpler sıcak su banyosunda 65°C'de 15 dakika (arada çalkalanmıştır) bekletilmiştir. 15 dakika sonunda sıcak su banyosundan alınan tüpler, oda koşullarına soğumaya bırakılmış ve sonrasında üzerlerine 0,5 ml kloroform/isoamil alkol (24:1) karışımı eklenerek 30 dakika buz üzerinde bekletilmiştir. Bekleme işlemi ardından tüpler oda sıcaklığında, 14.000 rpm'de 5 dk santrifüj edilmiştir. Santrifüj işlemi ile tüplerde oluşan üst sıvı (süpernatant), yeni ependorf tüplere aktarılmıştır. Sonrasında tüplere 0,8 ml isopropanol eklenmiş (tüpler ters düz edilerek bu aşamada pellet- alt katı oluşumu gözlenmiştir) ve ardından örnekler, 15-20 dk buz üzerinde tutularak 14.000 rpm'de 1 dk santrifüj edilmiştir. Santrifüj sonrasında dibe çöken pelletlerin üzerinde kalan üst sıvı dökülerek uzaklaştırılmıştır. Pelletlerin temizlenmesi amacı ile üzerlerine 1 ml %70'lik etanol eklenerek, 14.000 rpm'de 2 dk santrifüj edilmiş sonrasında etanol dökülerek uzaklaştırılmıştır. Pelletler (DNA) oda koşulunda kurumaya bırakılmış ve ardından 50–100 µl steril H<sub>2</sub>O'da çözülmüştür. Ortamdaki RNA'nın uzaklaştırma aşamasında ise her 100 µl DNA için 1 µl RNase-A eklenerek, tüpler 37°C'de 15 dk bekletilmiştir (Lefort ve ark., 1998).

DNA kalite ve miktar ölçümleri amacı ile %1'lik agaroz jel elektroforezi ve spektrofotometrik (Nanodrop; ND–1000) (260/280) ölçümler gerçekleştirilmiştir. Agaroz jel elektroforezi aşamasında, DNA'lar %1'lik agaroz jel (100ml 1XTBE ve 1 gr Agaroz) elektroforez tankına yüklenmiş (4µl DNA ile 4 µl örnek yükleme boyası) ve 100 Voltta, 1,5 saat yürütülmüştür.

### 2.2.2. PCR reaksiyonları

PCR reaksiyonu; 15 ng DNA, 5 pmol ileri (forward) primer, 5 pmol ters (revers) primer, 0,5 mM toplam dNTP, 0,5 ünite GoTaq DNA Polymerase (Promega) (1,5 mM MgCl<sub>2</sub> içermekte), 3 µl buffer (5x buffer) olmak üzere toplam 15 µl hacimde gerçekleştirilmiştir.

Her bir S-allel PCR reaksiyonunda kontaminasyon varlığının kontrolü için negatif kontrol (DNA yerine su) kullanılmıştır. Reaksiyonlar, gerekli görüldüğü durumlarda, yeterli sayıda tekrar edilmiştir.

PCR reaksiyonu için kullanılan PCR programı:

- 94°C'de 3 dk,
- 94°C'de 1 dk
- 66°C'den, 57°C'ye 1 dk 45 sn
- 72°C'de 2 dk

72°C'de 10 dk olmak üzere toplam 21 döngü olarak uygulanmıştır.

PCR sonrası kullanılan S-allel primerlerine (Tablo 2) ait PCR ürünleri %2'lik agaroz jelde (100 ml 1X TBE, 2 gr Agaroz) görüntülenerek, genotiplerde ilgili primere ait istenilen bant büyüklüklerinin (bp) olup olmadığı kontrol edilmiştir. Her bir primere ait PCR ürünleri %2'lik agaroz jele, 100bp markır (Solis Bio Dyne-100bp DNA Marker) eşliğinde, 10 µl olarak yüklenmiş ve elektroforez işlemi, 100 Voltta, 45 dk olarak gerçekleştirilmiştir. Agaroz jel elektroforezi sonrası PCR ürünlerine ait bant büyüklükleri, UV görüntüleme sistemi (Gene Genius Imaging System) yardımı ile görüntülenmiştir.

Elde edilen veriler SAS-JUMP 13.1 paket programı kullanılarak varyans analizine tabi tutulmuş ve aralarında farklılık bulunan ortalamalar LSD çoklu karşılaştırma testi ile gruplandırılmıştır.

### 3. Bulgular

Kendileme, yapılan kendileme işlemi sonucunda genotiplerin meyve tutma oranları 2015 yılında, % 0-34 arasında, 2016 yılında % 0-32 arasında değişmiştir. 2015 yılında '215', '229', '231', '232', '241', '249', '337' ve '519' no'lu genotiplerde hiçbir meyve tutumu görülmemiştir. Bu yılda en yüksek meyve tutumu '324' no'lu genotipte %34 oranında gerçekleşmiştir. Bu genotipi '531', '104', '153', '134' ve '227' no'lu genotipler sırasıyla %29, %20, %16, %15 ve %14 meyve tutum oranlarıyla takip etmiştir (Tablo

**Tablo 2.** S-allel lokuslarına ait kullanılan primerler ve primerlere ait bilgiler

	Primer	Primer dizi bilgisi (5'...3')	Tm (°C)	Bant büyüklüğü (bp)	Kaynak
S <sub>1</sub>	PaS1-İleri	GTA ATT GCA ACG GGT CAA AAT ATG AG	56	820	Sonneveld, 2001
	PaS1-Geri	ACA ACT CAG TAT TAG TTG CTG GAT CA			
S <sub>3</sub>	PaS3-İleri	GGG TCG CGA TTT AAG AAA GAG C	60	960	
	PaS3-Geri	AAC AAT CGT ACT TTG TGA TGA CTT CG			
S <sub>4</sub>	PaS4-İleri	CAC TGG GTC GCT GTT TAA CTT TAG G	60	820	
	PaS4-Geri	TTG CAT TTG ATT AAG TGA GGC TTC A			
S <sub>9</sub>	PaS9-İleri	TT TGT TAC GTT ATG AGC AGC AG	58	495	Sonneveld, 2003
	PaS9-Geri	ATG AAA CAA TAC ATA CCA CTT TGC TA			
S <sub>12</sub>	PaS12-İleri	ATT CTG ATG CTG GTC CTA TAG	59	562	
	PaS12-Geri	AAC TCA GGC TTA TTA GGG TG			

3). 2016 yılında ise '215', '229' ve '528' no'lu genotiplerde hiçbir meyve tutumu saptanmamıştır. Yine '231', '232', '241', '249', '335', '337' ve '572' no'lu genotiplerde %1 oranında düşük meyve tutumu belirlenmiştir. Bu yılda da en yüksek meyve tutumu '324' no'lu genotipte %32 oranında bulunmuştur. Her iki yılın ortalaması dikkate alındığında, kendileme sonucu '531' ve '324' no'lu genotipler %25 ve üzeri meyve tutumu göstererek, verimli bulunmuşlardır.

Serbest tozlanma, genotiplerin 2015 yılında serbest tozlanma ile en yüksek meyve tutum oranları sırasıyla %57 ve %50 ile '219' ve '227' no'lu genotiplerde, en düşük meyve tutumu ise sırasıyla %5, %6 ve %6 ile '119', '215' ve '249' no'lu genotiplerde saptanmıştır (Tablo 3). 2016 yılında da en yüksek meyve tutma oranı %50 ile '219' ve '241' no'lu genotiplerde saptanmıştır. Bu genotipleri sırasıyla %47 ve %41 ile '336' ve '324' no'lu genotipler izlemiştir. Serbest tozlanma ile 2016 yılında '134' ve '215' no'lu genotiplerin hiç meyve tutmadığı belirlenmiştir (Tablo 3). Yine genotipler arasında en düşük meyve tutma

oranı ise %4 ile '231' no'lu genotipte gerçekleşmiştir. Her iki yılın ortalaması dikkate alındığında, serbest tozlanma ile '104', '219', '227', '241', '324', '336', '337', '519', '530', '531', ve '572' no'lu genotipler %25 ve üzeri meyve tutumu sağlamışlardır.

S-Allel genleri, çalışmada, 27 adet genotip ile 6 adet ebeveynin S-allel uyumsuzluk gen analizlerinin sonuçları Tablo 4.'de sunulmuştur. Buna göre S<sub>1</sub>, S<sub>3</sub>, S<sub>9</sub> ve S<sub>12</sub> kendine uyumsuzluk allelleri ile S<sub>4</sub> kendine uyumsuzluk alelini gösteren bantlar üretilmiştir. Elde edilen sonuçlara göre '104', '119', '134', '153', '213', '219', '235', '243', '246', '227', '324', '414' ve '531' no'lu genotipler kendine uyumsuz olarak tanımlanmıştır. Buna karşın '215', '229', '231', '232', '241', '249', '335', '336', '337', '410', '519', '528', '530' ve '572' no'lu genotipler kendine uyumsuz olarak tanımlanmıştır. Ayrıca çalışmada, S-allelleri bilinen '0900 Ziraat' (S<sub>3</sub>S<sub>12</sub>), 'Sweetheart', 'Stella' Sunburst' (S<sub>3</sub>S<sub>4</sub>), 'Lapins' (S<sub>1</sub>S<sub>4</sub>) ve 'Early Burlat' (S<sub>3</sub>S<sub>9</sub>) ebeveynlerinin S-allel genleri literatüre uygun olarak belirlenmiş ve doğrulanmıştır.

**Tablo 3.** Genotiplerin kendileme ve serbest tozlanma sonunda gerçekleşen meyve tutum oranları (%)

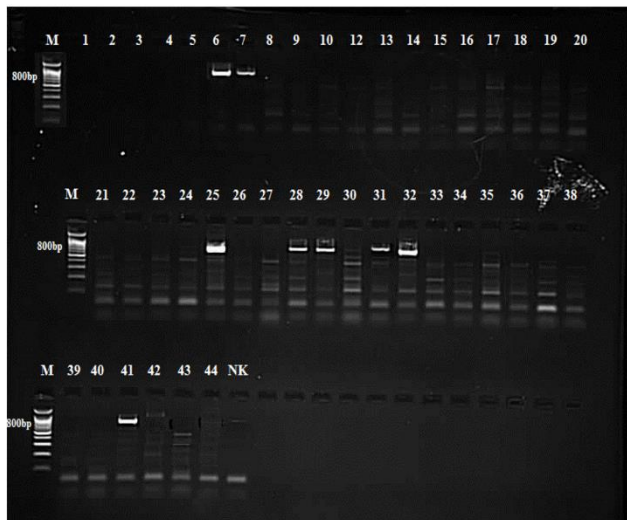
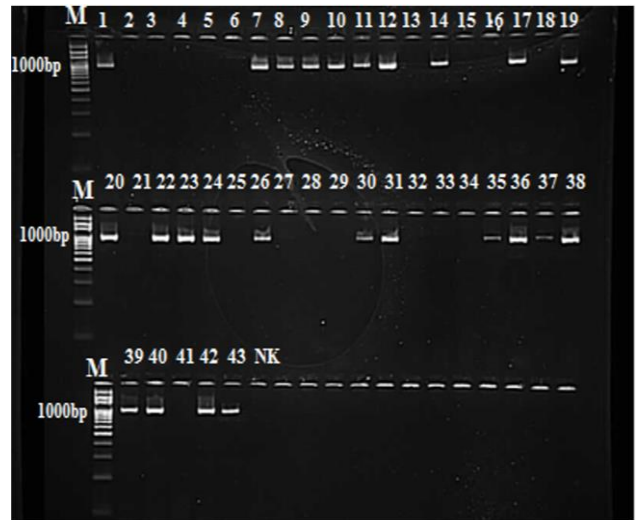
Genotip No	Kendileme Sonucu Meyve Tutma Oranı (%)			Serbest Tozlanma Sonucu Meyve Tutma Oranı (%)		
	2015	2016	Ortalama	2015	2016	Ortalama
104	20 c*	19 cd	20 bc	38 d	36 ce	37 ce
119	8 gh	13 cg	11 ef	5 j	18 hk	11 im
134	15 de	4 hj	10 eg	26 e	0 n	13 hl
153	16 cd	20 bc	18 cd	13 fg	33 ce	23 fg
213	10 fg	11 dh	11 ef	10 gj	31 dg	21 fh
215	0 ı	0 j	0 ı	6 ij	0 n	3 m
219	11 eg	27 ab	19 cd	57 a	50 a	54 a
227	15 df	9 ei	12 ef	50 b	33 ce	42 bd
229	0 ı	0 j	0 ı	13 fg	11 jm	12 hl
231	0 ı	1 j	1 ı	10 gj	4 mn	7 km
232	0 ı	1 j	1 ı	28 e	11 jm	19 gı
235	7 gj	8 fj	8 fh	25 e	21 gı	23 fg
241	0 ı	1 j	1 ı	27 e	50 a	38 bd
243	7 gı	21 bc	14 ce	17 f	19 hj	18 gı
246	11 eg	16 cf	14 de	25 e	7 ln	16 gk
249	0 ı	1 j	1 ı	6 ij	6 mn	6 lm
324	34 a	32 a	33 a	46 bc	41 ac	44 bc
335	2 kl	1 j	2 ı	16 fg	17 ıl	17 gj
336	3 il	3 ij	3 hı	48 b	47 ab	48 ab
337	0 l	1 j	1 ı	38 d	30 dg	34 de
410	2 kl	4 hj	3 hı	14 fg	28 eh	21 fh
414	6 hk	16 ce	11 ef	13 gı	23 fi	18 gı
519	0 ı	4 hj	2 hı	48 b	8 kn	28 ef
528	3 jl	0 j	2 ı	8 hj	7 ln	8 jm
530	3 il	5 gj	4 gı	40 cd	32 cf	36 ce
531	29 b	21 bc	25 b	46 bc	39 bd	43 bd
572	3 il	1 j	2 hı	26 e	30 dg	28 ef

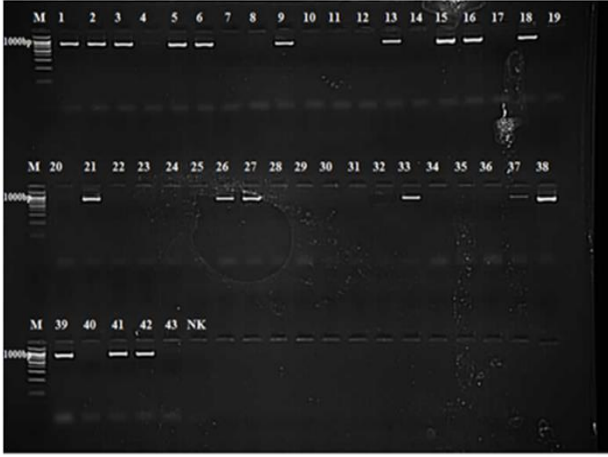
\*Küçük harfler aynı sütun içerisinde genotipler arası farkı göstermektedir.



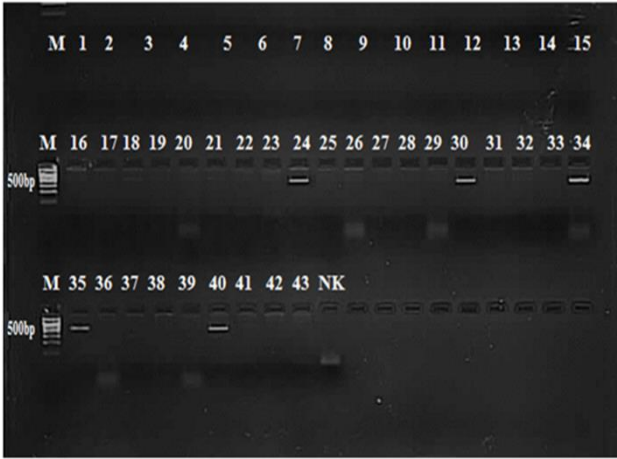
**Tablo 4.** Primerlerden elde edilen DNA bantlarına göre genotiplerin ve ebeveynlerin kendine uyumsuzluk durumları

Genotip No	Analiz Sıra No	S1	S3	S <sub>4</sub> '	S9	S12	Tanımlanan S-Allelleri	Uyuşmazlık Durumu
104	1	-	+	+	-	-	S <sub>3</sub> S <sub>4</sub> '	Kendine Uyuşur
119	2	-	-	+	-	+	S <sub>4</sub> 'S <sub>12</sub>	Kendine Uyuşur
134	3	-	-	+	-	+	S <sub>4</sub> 'S <sub>12</sub>	Kendine Uyuşur
153	5	-	-	+	-	+	S <sub>4</sub> 'S <sub>12</sub>	Kendine Uyuşur
213	6	+	-	+	-	-	S <sub>1</sub> S <sub>4</sub> '	Kendine Uyuşur
215	7	+	+	-	-	-	S <sub>1</sub> S <sub>3</sub>	Kendine Uyuşmaz
219	9	-	+	+	-	-	S <sub>3</sub> S <sub>4</sub> '	Kendine Uyuşur
229	10	-	+	-	-	+	S <sub>3</sub> S <sub>12</sub>	Kendine Uyuşmaz
231	11	-	+	-	-	+	S <sub>3</sub> S <sub>12</sub>	Kendine Uyuşmaz
232	12	-	+	-	-	+	S <sub>3</sub> S <sub>12</sub>	Kendine Uyuşmaz
235	13	-	-	+	-	+	S <sub>4</sub> 'S <sub>12</sub>	Kendine Uyuşur
241	14	-	+	-	-	+	S <sub>3</sub> S <sub>12</sub>	Kendine Uyuşmaz
243	15	-	-	+	-	+	S <sub>4</sub> 'S <sub>12</sub>	Kendine Uyuşur
246	16	-	-	+	-	+	S <sub>4</sub> 'S <sub>12</sub>	Kendine Uyuşur
249	17	-	+	-	-	+	S <sub>3</sub> S <sub>12</sub>	Kendine Uyuşmaz
227	18	-	-	+	-	+	S <sub>4</sub> 'S <sub>12</sub>	Kendine Uyuşur
324	21	-	-	+	-	+	S <sub>4</sub> 'S <sub>12</sub>	Kendine Uyuşur
335	22	-	+	-	-	+	S <sub>3</sub> S <sub>12</sub>	Kendine Uyuşmaz
336	23	-	+	-	-	+	S <sub>3</sub> S <sub>12</sub>	Kendine Uyuşmaz
337	24	-	+	-	+	-	S <sub>3</sub> S <sub>9</sub>	Kendine Uyuşmaz
410	25	+	-	-	-	+	S <sub>1</sub> S <sub>12</sub>	Kendine Uyuşmaz
414	26	-	+	+	-	-	S <sub>3</sub> S <sub>4</sub> '	Kendine Uyuşur
519	29	+	-	-	-	+	S <sub>1</sub> S <sub>12</sub>	Kendine Uyuşmaz
528	31	+	+	-	-	-	S <sub>1</sub> S <sub>3</sub>	Kendine Uyuşmaz
530	32	+	-	-	-	+	S <sub>1</sub> S <sub>12</sub>	Kendine Uyuşmaz
531	33	-	-	+	-	+	S <sub>4</sub> 'S <sub>12</sub>	Kendine Uyuşur
572	35	-	+	-	+	-	S <sub>3</sub> S <sub>9</sub>	Kendine Uyuşmaz
0900 Ziraat	36	-	+	-	-	+	S <sub>3</sub> S <sub>12</sub>	Kendine Uyuşmaz
Sweatheart	37	-	+	+	-	-	S <sub>3</sub> S <sub>4</sub> '	Kendine Uyuşur
Sunburnst	38	-	+	+	-	-	S <sub>3</sub> S <sub>4</sub> '	Kendine Uyuşur
Early Burlat	40	-	+	-	+	-	S <sub>3</sub> S <sub>9</sub>	Kendine Uyuşmaz
Lapins	41	+	-	+	-	-	S <sub>1</sub> S <sub>4</sub> '	Kendine Uyuşur
Stella	42	-	+	+	-	-	S <sub>3</sub> S <sub>4</sub> '	Kendine Uyuşur

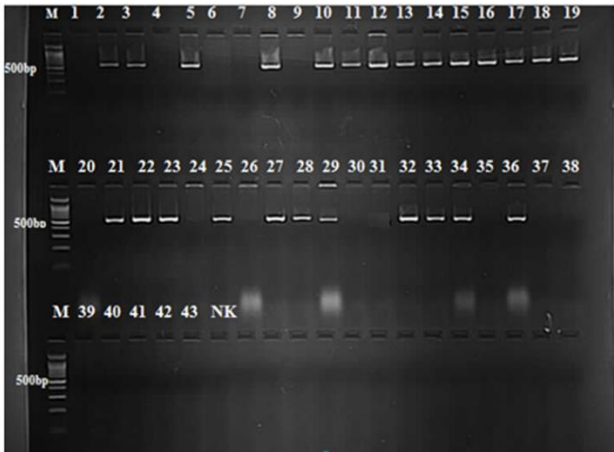
**Şekil 1.** S<sub>3</sub> primerine ait %2'lik agaroz jel görüntüsü (M: Markır-100bp, NK: negatif kontrol)**Şekil 2.** S<sub>3</sub> primerine ait %2'lik agaroz jel görüntüsü (M: Markır-100bp, NK: negatif kontrol)



Şekil 3. S<sub>4</sub> primerine ait %2'lik agaroz jel görüntüsü (M: Markır-100bp, NK: negatif kontrol)



Şekil 4. S<sub>9</sub> primerine ait %2'lik agaroz jel görüntüsü (M: Markır-100bp, NK: negatif kontrol)



Şekil 5. S<sub>12</sub> primerine ait %2'lik agaroz jel görüntüsü (M: Markır-100bp, NK: negatif kontrol)

Çalışmada kullanılan primerlerin bant üretmediği bir genotip veya ebeveyn olmamıştır. S<sub>1</sub>, S<sub>3</sub>, S<sub>9</sub> ve S<sub>12</sub> ile S<sub>4</sub> primerlerinin %2'lik agaroz jelde vermiş olduğu bantlar ve bant büyüklükleri (bp) sırasıyla Şekil 1, 2, 3, 4 ve 5'te gösterilmiştir. İncelenen tüm genotiplerde elde edilen bantların 500 ile 1000 bp büyüklüğünde olduğu

saptanmıştır. PCR ile çoğaltılmış DNA parçalarının büyüklüğündeki farklılıklar (500-1000 bp), kendine uyumsuzluk allellerinin tanımlanmasına izin vermiştir.

#### 4. Tartışma

Eşeyssel uyumsuzluk verimliliği etkileyen önemli faktörlerden biridir. Rosaceae, Solanaceae ve Cruciferae gibi familyalarda yaygın bir biçimde görülür. Önemli meyve türlerinden kiraz, erik, elma, armut, badem ve fındık çeşitlerinin çoğunda uyumsuzluk bulunmaktadır (Mısırlı, 2000). En tipik örneği de kirazlarda görülmektedir. Nitekim son yıllarda geliştirilen kendine verimli kiraz çeşitleri dışındaki bütün kiraz çeşitleri kendine uyumsuzdur. Ayrıca kirazlarda grup uyumsuzluğu da yaygındır. Genetik olarak kendine uyşur kiraz çeşitleriyle bahçe tesis edildiğinde tozlayıcı çeşitlere gerek kalmamaktadır. Kendine uyşur olmayan çeşitlerle bahçe kurulurken yaklaşık %10 oranında tozlayıcı bulundurmak gerekir (Korkmaz vd., 2015; Brown vd., 1996). Dolayısıyla karlı bir kiraz yetiştiriciliği için kiraz çeşitlerinin kendine uyşur olup olmadıkları ya da hangi uyşmazlık grubunda oldukları hakkında da önceden bilgi sahibi olmak gerekir.

Çeşitlerin kendine verimliliklerinin belirlenmesi geleneksel olarak arazi sonuçlarına dayanmaktadır. Ancak arazi sonuçları bazen fizyolojik ve çevresel etkilerden dolayı belirsizdir ve kısmi uyşur ile tam uyşur kombinasyonlar arasında tam ayırım yapmayı zorlaştırır. Kendine uyşmazlığın belirlenmesinde moleküler markörler yararlı olabilmektedir. S-RNase enzimleri ile DNA amplifikasyonu ve tanımlanması temeline dayanan moleküler yöntemler geliştirilmiştir (Tsukamoto ve ark., 2008a, 2008b; Sonneveld ve ark., 2001, 2005; Tao ve ark., 1999) ve bu teknikler çeşitlerin S-allel uyşmazlık genlerinin ve karşılıklı uyşmazlık gruplarının belirlenmesinde rutin olarak kullanılmaktadır (Schuster, 2017). Bu çalışmada, incelenen genotiplerin kendine uyşurluk durumları hem kendileme işlemleri ile arazide hem de uyşmazlık S-allellerinin belirlenmesi şeklinde yapılarak, çift yönlü kontrol edilmiştir.

Kirazlarda yeterli ürün elde etmek için, çiçeklerin genellikle %25-50'sinin meyveye dönüşmesi gerekir (Öz, 1978). Kendine uyşmazlık gösteren bir kiraz çeşidi kendi çiçek tozları ile tozlandığı zaman ağaçlarda %0-2 arasında meyve tutumu görülür. Nadiren %4'den fazla meyve tutumu gerçekleşebilir (Özçağırın ve ark., 2005). Bu çalışmada, iki yıl boyunca genotiplere uygulanan kendileme işlemleri sonucunda elde edilen meyve tutum oranları ortalama %0-33 arasında, serbest tozlanmada ise %6-54 arasında değişmiştir. Çalışma sonuçları önceden yapılan çalışmalardan elde edilen sonuçlarla benzerlik göstermiştir. Nitekim Moghadam ve ark. (2009)'nın, İran'da yapmış oldukları bir çalışmada, 25 standart kiraz çeşidinin kendilenmesi ile hiç meyve elde edilemediğini, buna karşılık çeşitlerin serbest tozlanmalarından %8-42 arasında meyve tutumunun gerçekleştiğini bildirmişlerdir.

Yine Sütyemez ve Eti (1999), Pozanti'da yedi kiraz çeşidi üzerinde yürüttükleri çalışmada, kendilemede %0.88 ile %5.30; melezlemede %0.80 ile %44.83 ve serbest tozlanmada %17.62 ile %36.07 oranlarında meyve tutumu tespit etmişlerdir. Beyhan ve Karakaş (2009) da kirazlarda serbest tozlanma sonucunda meyve tutum oranlarının %27 ile %54 arasında değiştiğini rapor etmişlerdir. Bazı genotiplerde meyve tutum oranlarında yıllara göre farklılık ortaya çıkmıştır. Bu farklılığın çiçek taslağı gelişiminden meyve oluşumuna kadar geçen süreçteki çevresel faktörlerden kaynaklanmış olabileceği düşünülmektedir (Lech ve ark., 2008; Hedhly ve ark., 2004; Guerrero-P ve ark., 1985).

Çalışmada, genotiplerin S-allel genlerinin belirlenmesi için yapılan PCR amplifikasyonu sonucu elde sonuçlara göre: '104', '119', '134', '153', '213', '219', '235', '243', '246', '227', '324', '414' ve '531' no'lu genotipler kendine uyuyor; '215', '229', '231', '232', '241', '249', '335', '336', '337', '410', '519', '528', '530' ve '572' no'lu genotipler kendine uyumsuz olarak tanımlanmıştır. Ayrıca çalışmada, S-allelileri bilinen '0900 Ziraat' (S<sub>3</sub>S<sub>12</sub>), 'Sweetheart' (S<sub>3</sub>S<sub>4</sub>), 'Stella' (S<sub>3</sub>S<sub>4</sub>), 'Sunburst' (S<sub>3</sub>S<sub>4</sub>), 'Lapins' (S<sub>1</sub>S<sub>4</sub>) ve 'Early Burlat' (S<sub>3</sub>S<sub>9</sub>) ebeveynlerinin S-allel genleri literatüre uygun olarak belirlenmiş ve doğrulanmıştır (Schuster, 2012; İpek ve ark., 2011; Demirtaş ve ark., 2005; Schmidt vd., 1998).

Genotipler; S<sub>1</sub>S<sub>3</sub>, S<sub>1</sub>S<sub>4</sub>, S<sub>1</sub>S<sub>12</sub>, S<sub>3</sub>S<sub>4</sub>, S<sub>3</sub>S<sub>9</sub>, S<sub>3</sub>S<sub>12</sub>, S<sub>4</sub>S<sub>12</sub> ve olmak üzere yedi farklı S-allelileri grubuna ayrılmıştır. S<sub>1</sub>S<sub>3</sub> alleli bulunduran '215' ve '528' no'lu genotip; II. gruba, S<sub>3</sub>S<sub>9</sub> alleli bulunduran '337' ve '572' no'lu genotipler, XVI. gruba ait oldukları belirlenmiştir. Kendine uyumsuzluk alleleline sahip S<sub>1</sub>S<sub>4</sub> bulunduran '213' no'lu genotip, S<sub>3</sub>S<sub>4</sub> alleli bulunduran '104', '219' ve '414' genotipler ve S<sub>4</sub>S<sub>12</sub> alleli bulunduran '119', '134', '153', '227', '235', '243', '246', '324' ve '531' no'lu genotiplerin SC grubuna dahil oldukları belirlenmiştir. S<sub>3</sub>S<sub>12</sub> alleli bulunduran '229', '231', '232', '241', '249', '335' ve '336' no'lu genotipler '0900 Ziraat' in de içinde bulunduğu XXII. gruba dahil olmuşlardır. Bunun yanında daha önce uyumsuzluk grubu bulunmayan S<sub>1</sub>S<sub>12</sub> allelleri bulunduran '410', '519' ve '530' no'lu genotipler, yeni bir grup olarak belirlenmiştir. Benzer şekilde İpek ve ark. (2011), yerel kiraz çeşitlerinde S<sub>1</sub>, S<sub>2</sub>, S<sub>3</sub>, S<sub>4</sub>, S<sub>5</sub>, S<sub>6</sub>, S<sub>7</sub>, S<sub>9</sub>, S<sub>10</sub>, ve S<sub>12</sub> olmak üzere 10 farklı S-allelini saptamışlardır. Araştırmacılar, bu çeşitlerden 'Bademli 0898' ve 'Tabanlı' nın S<sub>2</sub>S<sub>10</sub>, 'Kara Turani' nin S<sub>2</sub>S<sub>9</sub> ve 'Acı Bursa' nın S<sub>3</sub>S<sub>7</sub> allelleri bulunduklarını ve önceki uyumsuzluk gruplarına girmediğini bildirerek, bu çeşitler için üç ayrı uyumsuzluk grubu önermişlerdir.

## 5. Sonuç

Kendine uyumsuz ve kendine uyuyor çeşitler arasında yapılan melezlemeler sonucunda elde edilen genotiplerde hem kendine uyuyor hem de kendine uyumsuz tiplerin eldesi beklenen bir durumdur. Bu çalışmada, kendileme

çalışmaları sonucunda elde edilen veriler bazı genotiplerin kendine uyuyor bazılarının ise uyumsuz olduğunu gösterebilir. Nitekim kendileme sonucunda 14 genotipte ('215', '229', '231', '232', '241', '249', '335', '336', '337', '410', '519', '528', '530' ve '572') meyve tutuma oranı %0-4 arasında gerçekleşmiştir. Aynı zamanda bu genotiplerde yapılan S-allel gen taraması sonucunda da uyumsuz oldukları belirlenmiştir (Tablo 4). Çalışmada, kendine uyumsuz genotiplerin serbest tozlanma sonucu meyve tutma oranları dikkate alındığında ise genelde iyi tutum sağladıkları söylenebilir (Tablo 3). Ancak '215' no'lu genotip serbest tozlanma sonucunda ortalama %3 meyve tutumu göstermiştir. Bu durum bu genotipin yeterli çiçek tozunu bulamadığını ya da başarılı bir dölleme için şartlarının oluşmadığını göstermektedir. Çalışmada, S-allel gen taraması sonucu kendine uyuyor olarak belirlenen genotiplerin kendileme işlemleri sonucunda meyve tutma oranları %8-33 arasında değişmiştir. Buna göre iki genotip ('324' ve '531' no'lu genotipler, sırasıyla %33 ve %25) dışında diğer genotiplerin meyve tutma oranları düşük kalmıştır. Bu durum kendileme sırasında dişi organın zarar görmüş olması, kendileme zamanındaki sıcaklık ve nem koşulları vb. faktörlerden kaynaklanabilir. Buna karşın kendine uyuyor genotiplerin serbest tozlanmalarında daha yüksek meyve tutma oranları (%12-54) saptanmıştır. Sonuçta, genotiplerde yapılan gerek kendileme gerekse serbest tozlanma sonucu elde edilen meyve tutma oranları dikkate alındığında, genotiplerin kendine uyumsuzluk durumları ile ilgili fikir sağlansa da kesin sonuca ulaşılamayacağı anlaşılmıştır.

Araştırma sonucunda, S<sub>4</sub> uyumsuzluk allelini taşıdığı belirlenen ve kendileme çalışmasında da %25'in üzerinde meyve tutumu sağlayan '324' ve '531' no'lu genotiplerin bahçede tozlayıcıya ihtiyaç duymadan yetiştiriciliği mümkün görülmektedir. Yine genotiplerin S-allel genleri belirlenerek uyumsuzluk grupları belirlenmiş ve dölleyici olma potansiyelleri ortaya konulmuştur.

## Teşekkür

Projeyi maddi olarak destekleyen Tarımsal Araştırmalar ve Politikalar Genel Müdürlüğü (TAGEM)'ne ve Ankara Üniversitesi Biyoteknoloji Enstitüsü'ne, Prof. Dr. Ali ERGÜL ve Canan YÜKSEL'e teşekkür ederiz.

## Kaynaklar

Acıköse A, Gürbüz İB (2018). Bursa kiraz ihracat araştırması. Türk Tarım ve Doğa Bilimleri Dergisi. 5 (2): 191-202.

Bargioni G (1996). Sweet cherry scions: characteristics of the principal commercial cultivars, breeding objectives and methods, in cherries: crop physiology, production and uses. CAB International, Oxon, UK, pp: 73-112.



- Beyhan N, Karakaş B (2009). Investigation of the fertilization biology of some sweet cherry cultivars grown in the central northern anatolian region of Turkey. *Scientia Horticulturae*, 121: 320-326.
- Brown SK, Lezzoni AF, Fogle HW (1996). Cherries. in fruit breeding, Volume I: Tree and Tropical Fruits. NY. USA.
- Food and Agriculture Organization (FAO), 2018. Data. food and agriculture organization of the united nations. <http://www.fao.org/faostat/en/#data> (Son erişim tarihi: 20.11.2018).
- Guerrero PVM, Vasilakakis MD, Lombard PB (1985). Factors controlling fruit set of Napoleon sweet cherry in Western Oregon. *Horticultural Science*, 20: 913-914.
- Hedhly A, Hormaza JI, Herrero M (2004). Effect of temperature on pollen tube kinetics and dynamics in sweet cherry, *Prunus avium* (Rosaceae). *American Journal of Botany*, 91: 558-564.
- İpek A, Gülen H, Akçay ME, İpek M, Ergin S, Eriş A (2011). Determination of self-incompatibility groups of sweet cherry genotypes from Turkey. *Genetics and Molecular Research*, 10 (1): 253-260.
- Jayansankar S, Kappel F (2011). Recent advances in cherry breeding. *Fruit, Vegetable and Cereal Science and Biotechnology*, 5: 63-67.
- Lech W, Małodobry M, Dziedzic E, Bieniasz M, Doniec S (2008). Biology of sweet cherry flowering. *Journal of Fruit and Ornamental Plant Research*, 16: 189-199.
- Lefort F, Lally M, Thompson D, Douglas GC (1998). Morphological traits and microsatellite fingerprinting of a stand of elite irish oaks. *Silvae Genetica*, 47 (5-6): 257- 262.
- Mısırlı A (2000). Bazı sert çekirdekli meyve türlerinde eşeyssel uyumsuzluk ile fenolojik madde içeriği arasındaki ilişkiler. *Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 37 (1): 161-168.
- Moghadam EG, Hosseini P, Mokhtarian A (2009). Blooming phenology and self-incompatibility of some commercial cherry (*Prunus avium* L.) cultivars in Iran. *Scientia Horticulturae*, 123 (1): 29-33.
- Nawirska-Olszan A, Kolniak-Osteka J, Oziembłowski M, Tichac A, Hyšpler R, Zadac Z, Zidovád P, Paprstein F (2017). Comparison of old cherry cultivars grown in czech republic by chemical composition and bioactive compounds. *Food Chemistry*, 228, 136-142.
- Öz F (1978). Marmara bölgesinde yetiştirilen yerli kiraz çeşitlerinin döllenme biyolojileri üzerinde araştırmalar. *Bahçe*, 9 (1-3): 1-15.
- Özçağırın R, Ünal A, Özeker E, İsfendiyoğlu M (2003). İlman iklim meyve türleri. Sert çekirdekli meyve türleri Cilt I. Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları, Ege Üniversitesi Basımevi. İzmir, Türkiye.
- Özçağırın R, Ünal A, Özeker E, İsfendiyoğlu M (2005). İlman iklim meyve türleri sert çekirdekli meyveler. Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları. İzmir, Türkiye.
- Quero-García J, Fodor A, Reignier A, Capdeville G, Joly J, Tauzin Y, Fouilhaux L, Dirlewanger E (2014). QTL detection of important agronomic traits for sweet cherry breeding. *Acta Horticulturae*, 1020: 57-64.
- Sansavini S, Lugli S (2005). New sweet cherry cultivars developed at the university of Bologna. *Acta Horticulturae*, 667: 45-52.
- Saunier R (1996). Sweet cherry breeding at the research station in Bordeaux. *Acta Horticulturae*, 41: 35-40.
- Schuster M (2012). Incompatible (S-) genotypes of sweet cherry cultivars (*Prunus avium* L.). *Scientia Horticulturae*, 148: 59-73.
- Schuster M (2017). Self-incompatibility (S) genotypes of cultivated sweet cherries – An overview. *Quedlinburg. Open Agrar – Repositorium*, 1: 1-37.
- Schuster M, Grafe C, Wolfram B, Schmidt H (2014). Cultivars resulting from cherry breeding in Germany. *Erwerbs-Obstbau*, 56 (2): 67-72.
- Sonneveld T, Robbins TP, Boskovic RK, Tobutt R (2001). Cloning of six cherry self-incompatibility alleles and development of allele-specific PCR detection. *Theoretical and Applied Genetics*, 102: 1046-1055.
- Sonneveld T, Tobutt KR, Robbins TP (2003). Allele-specific PCR detection of sweet cherry self-incompatibility (S) alleles S1 to S16 using consensus and allele-specific primers. *Theoretical and Applied Genetics*, 107: 1059-1070.
- Sonneveld T, Tobutt KR, Vaughan SP, Robbins TP (2005). Loss of pollen-S function in two self-compatible selections of *Prunus avium* is associated with deletion/mutation of an s haplotype-specific f-box gene. *The Plant Cell*, 17: 37-51.
- Sütyemez M, Eti S (1999). Pozantı ekolojik koşullarında yetistirilen bazı kiraz çeşitlerinin döllenme biyolojileri üzerine araştırmalar. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 23: 265-272.
- Tao R, Yamane H, Sugiura A, Murayama H, Sassa H, Mori H (1999). Molecular typing of S-alleles through identification, characterization and cDNA cloning for S-RNases in sweet cherry. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 124: 224-233.

- Tehrani G, Brown SK (1992). Pollen-incompatibility and self-fertility in sweet cherry. *Plant Breeding Reviews*, 9: 367–388.
- Tsukamoto T, Potter D, Tao R, Vieira CP, Vieira J, Lezzoni AF (2008b). Genetic and molecular characterization of three novel S-haplotypes in sour cherry (*Prunus cerasus* L.). *Journal of Experimental Botany*, 59: 3169-3185.
- Tsukamoto T, Tao R, Lezzoni AF (2008a). PCR markers for mutated S-haplotypes enable discrimination between self-incompatible and self-compatible sour cherry selections. *Molecular Breeding*, 21: 67-80.
- Türkiye İstatistik Kurumu (TÜİK), 2019. Türkiye istatistik Kurumu (TÜİK). <http://www.tuik.gov.tr/> (Son Erişim Tarihi: 15.11.2020).
- Ülger M, Özçağırın R (1989). Salihli kirazının (*Prunus avium* cv. Salihli) pomolojik özellikleri ve dölleyici tespiti üzerinde bir araştırma. *Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 26 (2): 53-63.
- Wang C, Chen, C, Wang S (2009). Changes of flavonoid content and antioxidant capacity in blueberries after illumination with UV-C. *Food Chemistry*, 117: 426-431.