

## Moleküler Markörlerin Meyve Islahında Kullanım Alanları

Mehmet AKSU<sup>1</sup>, Mehtap ŞAHİN-ÇEVİK<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Meyvecilik Araştırma İstasyonu Müdürlüğü, Eğirdir, İSPARTA

<sup>2</sup>Süleyman Demirel Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü İSPARTA  
mehmetaksu\_43@hotmail.com (Sorumlu yazar)

### Özet

1990'lı yıllardan itibaren geliştirilen moleküler markörler, günümüzde tarımsal üretimde ıslah çalışmalarında önemli bir yer almaktadır. Bugüne kadar moleküler markörler konusunda yapılan çalışmalar sayesinde, birçok canlı türünde olduğu gibi ekonomik öneme sahip bitki türlerinin genetik özellikleri ve kalıtımı hakkında önemli bilgilere kısa zaman içinde ulaşılabile imkânına sahip olunmuştur. Bu bilgiler, özellikle ıslahın uzun zaman gerektirdiği meyve türlerinde, ıslah süreçlerinin kısaltılmasına ve dolayısıyla da alan ve iş gücünden tasarruf sağlanmasına neden olmuştur. Aynı zamanda, meyvecilikte moleküler markörler kullanılarak üretilen bilgilerin meyve yetiştiriciliği ve ıslahı hakkında çalışma yapan araştırmacılar tarafından kullanılmasıyla meyvecilikte daha kaliteli ve verimli çeşitlerin geliştirilmesi sağlanacaktır. Bu derlemede, moleküler markör tekniklerinin meyvecilikte kullanılmalarıyla üretilen bilgiler özetlenmektedir.

**Anahtar Kelimeler:** Moleküler markörler, ıslah, meyve yetiştiriciliği

### Use of Molecular Markers in Fruit Breeding

### Abstract

Molecular markers have been developed since 1990's and they currently have an important place in breeding studies in agricultural production. As in many other organisms, studies related with molecular markers provide valuable and reliable information about genetics and inheritance of many economically important traits in various plant species in a short time. This information has become especially useful for fruit crops requiring much longer time for breeding by shortening of breeding period and saving space and labor. At the same time, use of information generated using molecular markers by researchers in fruit production and breeding will contribute significantly to the development of higher quality and higher yielding fruit varieties. In this review, information generated by the use of molecular markers techniques in fruit breeding was summarized.

**Key Words:** Molecular markers, breeding, fruit growing

### 1. Giriş

Meyveler günümüze ulaşmaya kadar insanlar tarafından bilinçli veya bilinçsiz olarak seçilmiş, böylece kalitesi, verimi ve tüketimi yüksek olan meyvelerin korunması sağlanmıştır. İnsanlık tarihi kadar eski olan bu seleksiyon belli bir noktada durmuş ve yeni meyve tür ve çeşitlerini geliştirme ve koruma çalışmaları sürekli olarak devam etmiştir. Halen dünyanın birçok yerinde yeni meyve türlerinin geliştirilmesi, korunması ve sınıflandırılması gibi birçok konuda çalışmalar yürütülmektedir. Meyvecilikte ıslah zor ve uzun soluklu çalışma istemektedir. Bir meyve çeşidinde ıslah süresi 20-25 yıl gibi uzun bir süreyi gerektirmektedir. Bu da meyvecilikte yeni çeşitlerin geliştirilmelerinin önünü tıkayan büyük bir sorundur. Bu sürenin çeşitli uygulamalar ile kı-

saltılması gerekmektedir. İşte moleküler markörler tam burada devreye girmekte ve uzun olan bu ıslah süresini kısaltmaya yönelik birçok yollar sunmaktadır. Moleküler markörler yardımıyla yapılan seleksiyonla zamanın yanında, alan ve iş gücünden de tasarruf edilmektedir. Gen kaynaklarının tam ve daha sağlıklı olarak tespit edilmesi ve korunmasında güvenilir bir yol olarak da yine moleküler markörlerden yararlanılmaktadır. Ülkemiz birçok bitkide olduğu gibi bazı meyvelerin de anavatanı konumundadır. Bu zenginliğin yeterli düzeyde kayıt altına alınmasında diğer yöntemlerin yanında moleküler markörlerde kullanılmaktadır. Son yıllarda ülkemizde bu konularda birçok çalışma yapılmıştır.

Moleküler markörlerin geliştirilmesinde, 1953 tarihinde James D. Watson ve Francis Crick

tarafından DNA'nın çift sarmallı yapısının keşfi (Watson and Crick, 1953) ve daha sonrasında polimeraz zincir reaksiyonunun (Polymerase Chain Reaction, PCR) icadı (Mullis, 1992) çok önemli adımlar olarak göze çarpmaktadır. Son yıllarda ise genomu tamamlanan organizmalar arasına birçok bitki türü de dâhil olmuştur. Buna paralel olarak moleküler markör bilgileri de artmış ve meyve ıslahında kullanımlarının daha da çok yaygınlaşması beklenmektedir. Bu derlemede moleküler markörlerin meyvecilikte kullanım alanları hakkında bilgi ve örneklere yer verilmiştir.

## 2. Moleküler Markör Teknikleri

Bir popülasyonu oluşturan bireylerin genetik materyalini oluşturan DNA'larının baz dizilimindeki farklılıkları değişik yollarla ortaya koyan markörlere moleküler markörler denir. Moleküler markörlerin geliştirilmesiyle birlikte morfolojik ve biyokimyasal markörlerden daha üstün, çabuk sonuç alınabilinen ve zaman sınırlaması olmayan çalışmalar yapılmaya başlanmıştır (Yıldırım ve Kandemir, 2001). Diğer organizmalarda olduğu gibi bitkilerde de yaygın olarak kullanılan moleküler markörlerin bitki ıslahı ile bütünleştirilmesi sayesinde birçok yenilik ortaya çıkarılmıştır (Agarwal et al., 2008). İstenen genlerin çeşit ve türler arasındaki hareketinin hızlandırılması, akraba olan yabancı türlerden yeni genlerin aktarılmasına olanak verilmesi, birden fazla gen tarafından kontrol edilen karmaşık karakterlerin genetik analizlerinin yapılmasına olanak sağlaması, melezleme çalışmalarında birbirleriyle çaprazlanma imkânı bulunmayan bitkiler arasındaki genetik ilişkilerin ortaya çıkarılması, gen klonlamasının kolaylaştırılması ve hızlandırılması bu yenilik ve avantajları arasında bulunmaktadır (Vardar-Kanlıtepe vd., 2010; Yıldırım ve Kandemir, 2001). İdeal bir moleküler markörün; üretim ve uygulama maliyetinin düşük olması, tehlikeli kimyasallarla çalışmayı gerektirmemesi, otomasyona uygun olması, yüksek polimorfizm göstermesi, birçok bilgi içermesi, sonuçlarının tekrarlanabilir olması, analizinin kolay ve basit olması ve uygulama ve sonuç alma süreçlerinin kısa olması gibi özelliklere sahip olması istenmektedir (Joshi et al., 1999; Kesawat and Das, 2009). Bitkilerde kullanılan moleküler markörler nasıl üretildiklerine göre polimeraz zincir reaksiyonuna dayalı olmayanlar (RFLP) ve olanlar (RAPD, AFLP, SSR vb.) olmak üzere iki gruba ayrılmaktadırlar (Staub et al., 1996; Ridout and

Donini, 1999). Ayrıca moleküler markörler skorlanabilirlik ve kalıtlarına göre de dominant markörler ve kodominant markörler şeklinde de sınıflandırılmaktadırlar (Devran, 2003). Bugüne kadar geliştirilen birçok moleküler markör bulunmakta ve her geçen gün sayılarında artışlar gözlenmektedir (Çizelge 1).

**Çizelge 1.** Moleküler markör teknikleri  
**Table 1.** Molecular markers techniques

Kısa adı	Tam adı
RFLP	Restriction Fragment Length Polymorphisms
RAPD	Random-Amplified Polymorphic DNA
SSR	Simple Sequence Repeats
AFLP	Amplified Fragment Length Polymorphism
SCAR	Sequence Characterized Amplified Regions
CAPS	Cleaved Amplified Polymorphic Sequence
SRAP	Sequence Related Amplified Polymorphism
SNPs	Single Nucleotide Polymorphism
STS	Sequence Tagged Sites
SSCP	Single strand conformation polymorphism
DGGE	Denaturing Gradient Gel Electrophoresis
ASAP	Allele Specific Associated Primers
SPAR	Single Primer Amplification Reaction
RAMP	Randomly amplified microsatellite polymorphisms
TRAP	Target Region Amplification Polymorphism
SSLP	Simple Sequence Length Polymorphism
VNTR	Variable Number of Tandem Repeats
ALP	Amplicon Length Polymorphism
AP-PCR	Arbitrarily Primed PCR - Rastgele Primerli-PCR
AS-PCR	Allele-specific PCR
DAF	DNA Amplification Fingerprinting
ISSR	Inter-SSR Amplification
SAP	Specific Amplicon Polymorphism

### 3. Meyvecilikte Moleküler Markörlerin Kullanımı

Moleküler markörler, kaynağını kendilerinin üretildiği bitkilerin hücrelerinde bulunan DNA'larından almaktadır. Canlıların yapısını belirleyen şifre de DNA zincirlerinde olduğundan moleküler markörler, bitki popülasyonundaki çeşitlilik veya o popülasyon içindeki bitki genotipleri arasındaki ilişkileri %100'e yakın güvenilirlikle tespit etmektedirler. Son yıllarda meydana gelen teknolojik gelişmeler ile moleküler markörler meyveciliğin geliştirilmesi ve korunması amacıyla birçok çalışmada kullanılmaktadır. Günümüzde moleküler markörler diğer bitkilerle benzer şekilde meyvelerde; (i) genotipik tanımlama, sistematik ve karakterizasyon, (ii) genetik ve QTL (Quantitative Trait Loci) haritalaması, (iii) markör yardımıyla seleksiyon ve (iv) genetik kaynaklarının belirlenmesi ve korunması gibi konularda kullanılmaktadır (Andersen and Lübberstedt; 2003; Aka Kaçar, 2004; Vardar-Kanlıtepe vd., 2010).

#### 3.1. Genotipik Tanımlama, Sistematik ve Karakterizasyon

Biyokimyasal ve moleküler markörlerin keşfinden önce çok uzun yıllar morfolojik markörler, analizlerinin kolay olması nedeniyle genotipik tanımlama amacıyla bütün bitki türlerinde olduğu gibi meyvecilikte de kullanılmıştır. Fakat son yıllarda çevresel faktörlerden etkilenebilme ve mutasyonla oluşma ihtimallerinin bulunması nedeniyle kullanımları yok denecek kadar azdır. Morfolojik markörlerdeki bu olumsuzluk ve yetersizlikler genotipik tanımlamada moleküler markörlerin kullanılmasının önünü açmış ve gerekli kılmıştır (Karp, 1997; Çalışkan, 2005). Moleküler markörler ile türler, cinsler ve familyalar arası genetik farklılıkların düzeyi daha etkin olarak belirlenmektedir (Federici et al., 1998). Dünyada ve ülkemizde genotipik tanımlama, sistematik ve karakterizasyon ile ilgili araştırmalara baktığımızda birçok çalışmanın yürütüldüğü görülmektedir.

Demirtaş vd. (2009) tarafından yapılan bir araştırmada, kiraz yetiştirilen bölgelerde 0900 Ziraat, Napolyon, Salihli Napolyonu, Uluborlu Napolyonu, Dalbastı gibi isimlerle adlandırılan kirazlar 6 yıl boyunca aynı lokasyonda gözlemlenmiştir. Arazi ve pomolojik çalışmaların yanında, ele alınan bu tipler arasında genetik farklılık olup olmadığını anlamak için AFLP markörleri ile DNA parmak izi çalışması yapılmıştır. Araştırma-

nın sonucunda bütün genotiplerin farklı olduğu tespit edilmiştir. Örneklerin bazılarının yakın, bazılarının uzak akraba genotipler olduğu, içlerinden birinin (3503 nolu tipin) ise diğerlerinden tamamen farklı genetik yapıda olduğu belirlenmiştir. Turet-Sayar vd. (2012) Türkiye'nin en önemli kiraz çeşidi olan 0900 Ziraat'ın, benzerleri ve diğer ticari kiraz çeşitleri ile arasındaki genetik ilişkileri incelemek amacıyla başka bir çalışma yürütmüşlerdir. Ülkemizin farklı bölgelerinden '0900 Ziraat' ve 6 tane 0900 Ziraat benzeri çeşit/tipi ile dünyada kiraz yetiştiriciliğinde yaygın olarak kullanılmakta olan 8 kiraz çeşidinden oluşan 15 kiraz çeşit ve tipi, 23 SSR markörü kullanılarak moleküler karakterizasyonu gerçekleştirilmiştir. Çalışma sonucunda incelenen kiraz çeşit ve tiplerinin 2 ana grupta kümelendikleri görülmüştür. Kullanılan markörlerle yapılan analizler sonucunda, '0900 Ziraat' ve benzeri 2 genotip olan 'YLV0900H' ile 'Alara900' arasında fark tespit edilememiştir. Ayrıca '0900 Ziraat' ile 'Kazancıoğlu' arasındaki benzerlik oranının yüksek (%97) olduğu görülmüştür. Ülkemizin birçok bölgesinde 0900 Ziraat çeşidine benzer birçok tip bulunmaktadır. İncelenen materyal içerisinde '0900 Ziraat' çeşidine Kazancıoğlu tipinin %97 gibi çok yüksek bir oranda benzerlik gösterdiği ortaya konmuştur. Yine Aksu vd. (2012) tarafından yapılan bir araştırmada, kiraz ve vişne türlerinde anaç olarak kullanılmak üzere selekte edilen yabancı vişne tipleri RAPD yöntemi ile tanımlanmıştır. Farklı bölgelerden selekte edilen 38 yabancı vişne tipi 16 RAPD primeri kullanılarak genetik benzerlikleri incelenmiştir. Çalışmada kullanılan tipler arasında iki sinonim grup olduğu tespit edilmiştir. En düşük genetik benzerlik Simav-1 ile diğer 37 tip (%89) arasında bulunmuştur. En yüksek genetik benzerlik %99 ile Yenişarbademli-6 ve Yenişarbademli-7, Sultandağı-7, Sultandağı-1 tiplerinden oluşan sinonim grup arasında tespit edilmiştir. Ülkemizde yapılan bir karakterizasyon çalışması ile Çoruh vadisinden selekte edilen 18 yabancı kirazın karakterizasyonu 10 SSR primeri kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Gerçekleştirilen çalışma sonucunda yabancı kirazlar arasındaki genetik çeşitlilik oranının yüksek olduğu tespit edilmiştir. Belirlenen yüksek genetik çeşitlilikten faydalanılarak çalışmada kullanılan tiplerin, gelecekte kiraz ıslah programlarında yer almalarının yararlı olacağı belirtilmiştir (Ercişli vd., 2011). Abedian et al. (2012), kiraz çeşitleri (*Prunus avium* L.) ve kirazda anaç olarak kullanılan idris anaçları (*Prunus mahaleb* L.)

arasındaki genetik benzerliği SRAP markör tekniğini kullanarak araştırmışlardır. Çalışmada 6 kiraz çeşidi, 47 idris anacından oluşan popülasyon 13 SRAP primer kombinasyonu ile incelenmiştir. Çalışma sonucunda idris anaçlarının bir grubu, kiraz çeşitlerinin ise diğer grubu oluşturmasıyla 2 ana grup elde edilmiştir. En yüksek genetik benzerlik %93 ile T109 ile T136 idris genotipleri arasında olduğu belirlenmiştir. İki ana grubun birbirine benzerlik oranı olan %16 en düşük benzerlik değeri olarak tespit edilmiştir.

Trabzon hurmasının 18 ayrı çeşidinin RAPD analizi ile genetik akrabalıklarını araştıran Güneri (2005), PCR aşamasında 10 adet primer kullanmış ve primerlerin hepsi polimorfizm gösterdiğini belirtmiştir. Araştırmada 13 ve 5 numaralı bireylerin (Karaköse Köyü ve Yayladağı merkezden alınan bireyler) en düşük oranda benzerlik gösterdiği, yine 15 ve 4 numaralı bireylerin de (Hisarcık Köyü ve Güneysöğüt Köyü'nden alınan bireyler) düşük oranda benzerlik gösterdiği belirlenmiştir. 2 ve 3 numaralı bireyler ise (Kocaman Köyü ve Yayladağı merkezinden alınan bireyler) en yüksek düzeyde benzerlik göstermiştir.

Gökırmak vd. (2004), fındıkta SSR primerlerini kullanarak genetik benzerlik çalışması yapmışlardır. Çalışmada *C. avellana* türüne ait 274 genotip 10 SSR primeri kullanılarak incelenmiştir. Araştırılan genotiplerden 84'ünün aynı klonlar olabileceği yapılan çalışmalar sonucunda bildirilmiştir. Böylece bu popülasyonda yürütülecek bir ıslah veya yetiştiricilik çalışmasında seçilecek genotipler hakkında önemli bilgiler sağlanmıştır. Özellikle aynı klon oldukları düşünülen genotiplerden birinin çalışmalarına dahil edilmesinin yeterli olabileceği ortaya konmuştur. Sert kabuklu meyve türlerinin önemli üyesi olan cevizle ilgili de ülkemizde karakterizasyon çalışması yürütülmüştür. Türkiye'nin çeşitli bölgelerinden selekte edilen ve dünyada kullanılan önemli çeşitlerden oluşan 59 ceviz genotipi 66 moleküler markör (25 RAPD, 25 ISSR, 16 SSR) yardımıyla analiz edilmiştir. Çalışma sonucunda elde edilen dendogramda 59 genotipin 3 ana grupta kümelendiği görülmüştür. Kahramanmaraş ve Yalova illerinden toplanan genotipler birinci grupta; Kırşehir, Tokat ve Çorum'dan selekte edilen genotipler ikinci grupta; Amerika ve Fransa'ya ait çeşitler ise son grupta yer aldığı tespit edilmiştir. Genotipler arasındaki benzerlik oranının %58-91 arasında değiştiği görülmüştür. 'KR-2' ve

'Karabudur' genotipleri arasındaki benzerlik oranı %58 ile en düşük, 'Akça-2' ve 'Back' genotipleri arasındaki benzerlik oranı %91 ile en yüksek olarak belirlenmiştir (Doğan vd., 2014).

Çin'in 'Xinjiang Uygur Özerk Bölgesi' Ily Vadisindeki kayısı popülasyonlarının genetik yapısı SSR markörleri kullanılarak araştırılmıştır. Çalışmada 3 farklı lokasyonda bulunan 81 yabancı kayısı tipi 8 SSR markörüyle incelenmiştir. Popülasyonlar arasındaki genetik farklılığın coğrafi bölgelerinin birbirlerine uzaklıklarıyla önemli derecede ilişkili olduğu ortaya çıkmıştır. Elde edilen dendogramda tiplerin 3 alt grupta toplandıkları ve alt grupların genellikle aynı bölgedeki tipler tarafından oluşturuldukları gözlemlenmiştir. Ayrıca Ily Vadisinde yabancı kayısı tiplerinin yüksek çeşitliliğinin korunduğu tespit edilmiştir (Tian-Ming et al., 2007). Pınar vd. (2013) tarafından ülkemizde kayısı ile ilgili yürütülen bir çalışmada, Akdeniz Bölgesinde yer alan Sakit Vadisinde doğal olarak yetişen, erken olgunlaşma özelliğine sahip 57 kayısı genotipinin moleküler karakterizasyonları 19 SRAP markörü kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Çalışma sonucunda elde edilen dendogramda 57 genotipin 3 ana grupta kümelendiği belirlenmiştir. Genotipler arasındaki benzerlik oranının %73-94 arasında değişiklik gösterdiği tespit edilmiştir.

Bazı turuncuğil türlerinin RAPD tekniği ile karakterizasyonunun yapılabilirliğinin araştırılması amacıyla, 4 farklı tür 16 RAPD markörü kullanılarak analiz edilmiştir. Araştırma sonucunda elde edilen polimorfik bantların tekrarlanabilir olduğu, *Citrus* ve *Poncirus* cinslerine ait türlerde RAPD tekniğinin uygulanabilir olduğu bildirilmiştir. Benzerlik oranının %21 - 56 arasında gerçekleştiği, en düşük benzerlik oranının %21 ile 'Pixie' mandarin çeşidi ve *Poncirus* cinsine ait 'Flying Dragon' anacı arasında olduğu, en yüksek benzerlik oranının ise %56 ile 'Pixie' mandarin çeşidi ile 'Navelina' portakal çeşidi arasında olduğu belirlenmiştir (Göçmen vd., 2014).

Gür ve Şeker, (2012) tarafından 2 beyaz nektarin tipinin diğer *Prunus* türleri (şeftali, nektarin, kiraz, kayısı, badem ve erik) ile olan genetik benzerliklerini incelemek amacıyla 6 AFLP markörü yardımıyla moleküler karakterizasyon çalışması yürütülmüştür. Yapılan çalışma sonucunda, en yüksek benzerlik oranının %87'i ile her iki beyaz nektarin arasında olduğu, en düşük benzerlik oranının %58 ile BN1 (beyaz nektarin) tipi ile

Premier Giant (kiraz) arasında olduğu tespit edilmiştir. AFLP markörleriyle yapılan bu karakterizasyon çalışmasıyla beyaz nektarin tiplerinin diğer şeftali ve nektarin türleriyle aralarında farklı genetiksel özelliklere sahip olduğu belirlenmiştir.

### 3.2. Genetik ve Nicel Özellik Lokusu (Quantitative Trait Loci, QTL) Haritalamaları

Canlıların sahip olduğu genetik bilgilerin tamamına genom denir. Gen haritalamalarıyla da bir genin genom veya kromozom üzerindeki özgün yeri belirlenebilmektedir. Genetik haritalama, genomdaki yeri aranan gen ile bilinen bir genetik markörün kuşaklar arasında birlikte kalıtımının test edilmesi esasına dayanmaktadır (Sözen vd., 2007). Genetik bağlantı haritaları, moleküler markörlerin kalıtımı temeline dayanmaktadır. Amaç, ilgilenilen bitkisel özellikten daha etkili tespit edilebilen markör genlerini geliştirmek ve bu haritalara dayalı olarak, önemli bitkisel karakterleri kontrol eden genleri klonlamaktır (Rafalski and Tingey, 1993).

QTL terimi ilk olarak Geldermann (1975) tarafından ileri sürülmüştür. QTL belirleme konusu ise yaklaşık 80 yıl önce yapılan çalışmaların ardından geliştirilmiştir. Son yıllarda DNA markörlerinin geliştirilip ıslahta kullanılması ile güçlü biyometrik metodların varlığı, bitkilerde QTL haritalamada önemli gelişmelere yol açmıştır. Markör genlerin açılımı ve birey veya hatların fenotipik değerlerinin analiziyle, nicel özellikleri etkileyen lokusların yerini saptamak ve tanımlamak mümkündür. QTL'lerin belirlenmesi, kesin fenotipik açılımların olmayışı ve kompleks bir karakter ile ilgili her bir genin fenotipe olan etkisinin küçük olması nedeniyle zordur. QTL analizi, bir ya da daha fazla kalitatif karakter açısından farklı ebeveynlerin seçilmesi ve melezlenmesi ile açılım gösteren döllerin analiz edilip, bilinen DNA molekülleri ile nicel özellik lokusu arasında bir bağlantının kurulmasıyla yapılmaktadır. Islahçı bu bilgiyi, örneğin dolaylı seleksiyonu kullanarak, kendi avantajına kullanabilir. QTL analizinin en belirgin uygulamaları ıslah ve ıslah öncesi çalışmalarda markörler aracılığıyla seleksiyonun yapılmasıdır. QTL analizinin temel amacı, QTL'i dar kromozomal bölgelerine yerleştirmektir. Bu amaçla deneme şeklinin, açılım popülasyonu tipinin, büyüklüğünün, kullanılan DNA markörlerinin bilgi sağlama düzeyinin, bağlantı haritasının kurulması ve QTL analizinin

yapılması için istatistiksel metodolojilerin hepsinin birlikte değerlendirilmesi gerekmektedir (Asins, 2002).

Olmstead et al. (2008), *Prunus* referans haritasından yararlanarak kirazda türe has genetik harita ve gen analizi yapımı ile ilgili bir çalışma yapmışlardır. Çalışmada toplam 190 melez birey ve 197 farklı primer (102 SSR, 61 AFLP, 7 SRAP ve 27 gene spesifik) kullanılmıştır. Çalışma sonucunda *Prunus* türleri için geliştirilen markörlerden yararlanılarak kiraz türüne has 2 yeni genetik harita oluşturulmuştur. Zhang et al. (2010), kirazda QTL geliştirmek amacıyla yabani ve yetiştiriciliği yapılan formlarının melezlenmesi ile elde edilen 190 melez birey üzerinde çalışma yapmışlardır. 3 yıl süren arazi gözlemleri ve moleküler çalışmalar sonucunda meyve ağırlığı ile ilgili QTL'lerin EF (Emperor Francis) haritasının (EF2) 2. LG (Linkage Group; Bağlantı Grubu) üzerinde olduğu bildirilmiştir. Kirazda yapılan bir başka genetik haritalama çalışmasında 'Black Tartarian' x 'Kordia' ve 'Regina' x 'Lapins' kombinasyonlarından elde edilen 210 bitki, toplamda 5.696 SNP markörü kullanılarak incelenmiştir. Yapılan analizler sonucunda 'Black Tartarian' x 'Kordia' melezlerinde 723, 'Regina' x 'Lapins' melezlerinde 687 markör, 8 bağlantı grubu (LG) üzerinde haritalanmıştır. Elde edilen haritalarda markörler arası mesafenin oldukça yakın oldukları belirlenmiştir. 'Black Tartarian' x 'Kordia' kombinasyonunda markörler arasında ortalama 1.1 santimorgan (cM) mesafe bulunmakta ve geliştirilen harita ile toplamda 752.9 cM'lik bir bölgeyi kapsamaktadır. 'Regina' x 'Lapins' kombinasyonundan geliştirilen haritada ise markörler arasında ortalama 0.9 cM mesafe bulunduğu ve haritanın 639.9 cM'lik bir bölgeyi kapsadığı belirlenmiştir (Klagges et al., 2013).

Şeftalide (*Prunus persica* L.) depolama esnasında soğuk zararına dayanıklılığı artıran geni tespit etmek amacıyla soğuk zararına dayanıklı 'Oded' ve soğuğa karşı hassas olan 'Hermoza' çeşitlerinin melezlenmesiyle elde edilen 51 Pop-DG melez bitkileri çalışmada kullanılmıştır. Pop-DG popülasyonu daha önce belirlenen aday genlere spesifik olan SSR ve SNP primerleri kullanılarak incelenmiştir. Çalışma sonucunda soğuk zararı toleransında görev alması muhtemel 12 genin 26 SNP ve 8 SSR markörleriyle birlikte Pop-DG popülasyonuna haritalanması sağlanmıştır (Dhanapal et al., 2012). Farklı araştırmacıların işbirliği ile şeftalide SNP markörleri kullanılarak

birleştirilmiş bağlantı haritası yapılmıştır. Elde edilen genetik haritada, moleküler markörler arasında ortalama 0.81 cM mesafe bulunmakta olup geliştirilen 588 SNPs markörü toplamda 454 cM'lik bir alanı kaplamakta ve 8 bağlantı grubunda yer almaktadır. Çalışmada 4. bağlantı grubunda unluşma ve meyve eti kırmızılaşması, 5. bağlantı grubunda ise meyve eti karaması ile ilgili olan önemli QTL'lerin var olduğu tespit edilmiştir (Martínez-García et al., 2013). Şeftalide yapılan bir başka çalışmada ise, bitkilerin böcek zararına dayanımını artıran ve meyve aromasında önemli etkileri olan organik uçucu bileşiklerin üretiminde rol alan QTL'lerin tespiti amaçlanmıştır. Aroma özellikleri farklılık gösteren 'Boloro' ve 'OroA' çeşitlerinin melezlenmesiyle oluşturulan 126 F<sub>1</sub> bitkisi ile yapılan bir çalışmada, SNP ve SSR markörleri kullanılarak QTL haritası geliştirilmiştir. Çalışmada 23 organik uçucu bileşiğin üretiminde rol alan 72 QTL tanımlanmıştır (Eduardo et al., 2013).

'Bayuehong' ve 'Dangshansuli' armut çeşitlerinin melezlemelerinden elde edilen 97 F<sub>1</sub> bitkileri üzerinde yapılan bir çalışmada ise AFLP, SSR, SRAP markörleri ve kendine verimliliği kontrol eden S lokusu markörü birlikte kullanılarak ebeveynlere ait 2 bağlantı haritası oluşturulmuştur. Bayuehong' çeşidine ait harita, toplamda 1.352,7 cM uzunluğunda ve 17 bağlantı grubuna ayrılmakta olup toplamda 214 markör (143 AFLPs, 64 SRAPs, 6 SSRs, ve S) içermektedir. 'Dangshansuli' çeşidine ait geliştirilen harita ise toplam olarak 122 markör (83 AFLPs, 37 SRAPs, 1 SSR, ve S) içermekte ve 17 bağlantı grubuna ayrılan harita 1.044.3 cM uzunluğundadır. Geliştirilen bu harita üzerinde 2 yıllık gözlemler sonucu elde edilen veriler kullanılarak meyve ağırlığı, meyve eni, meyve uzunluğu, suda çözünebilir kuru madde, meyve şekil indeksi ve olgunlaşma tarihi ile ilgili olarak toplam 19 QTL belirlenmiştir (Zhang et al., 2013).

Şahin-Çevik and Moore (2012), turuncgillerde *Citrus* ve *Poncirus* cinslerine ait türlerin çaprazlanması ile oluşturulan popülasyonu ve RAPD markörlerini kullanarak geliştirdikleri harita üzerinde morfolojik karakterlerle ilgili QTL'ler belirlenmiştir. Toplam olarak 98 melez bitki kullanılarak geliştirilen harita 9 bağlantı grubu üzerinde 69 RAPD markörü içermektedir. Popülasyon 2 yıl boyunca 6 ağaç, 2 yaprak, 6 çiçek ve 3 meyve özellikleriyle ilgili olarak toplam 17 farklı özellik açısından değerlendirilmiştir. Yapılan

analizler sonucunda gözlemlenen bu özellikler ile ilgili olarak toplam 18 QTL belirlenmiştir. Tespit edilen bu QTL'lerin farklı bağlantı gruplarına dağıldığı ve benzer özellikler ile ilişkili QTL'lerin aynı ya da yakın bağlantı gruplarında oldukları görülmüştür.

### 3.3. Markör Yardımıyla Seleksiyon

Markör yardımıyla seleksiyon, önemli agronomik karakterleri kontrol eden genlerin bu genler ile sıkı bir bağlanma durumunda olan ve kolaylıkla tanımlanabilen moleküler markörler yardımıyla tanımlanması esasına dayanmaktadır. Markör yardımıyla seleksiyon uygulanan bitki ıslah çalışmaları, klasik ıslah çalışmalarındaki seleksiyon hızını ve etkinliğini artırma yönünde önemli ilerlemeler sağlamaktadır (Tan vd., 2009). Birçok bitki türünde gen ve QTL haritaları oluşturulmuş ve markör yardımıyla seleksiyon ıslah çalışmalarındaki yerini almıştır. ıslah çalışmalarında önemli yetiştiricilik özelliklerinin fenotipik olarak seleksiyonu uzun zaman gerektirmektedir. Morfolojik markörler yardımıyla seleksiyonda; markörlerin azlığı, pleiotropik ve epistatik etkilerin bulunması ve çevre koşullarının değişken olması gibi sorunlarla karşılaşmaktadır. Moleküler markörler yardımıyla seleksiyon, bu tür sorunların çözümü için iyi bir potansiyeldir (Melchinger, 1990). Özellikle hastalık ve zararlılara dayanıklılık, pomolojik özellikler ve fenolojik gözlemlerin belirlenmesi gibi uzun zaman gerektiren verilere moleküler markörler sayesinde çok erken ulaşılmaktadır. Elma kabuk ve meyve eti renginin genetik kontrolünü anlamak amacıyla çeşitli çalışmalar yapılmıştır. Cheng et al. (1996), RAPD markörleri ile yaptıkları çalışmada, daha önce yapılan çalışmalarda belirtilen elma meyve kabuğunda antosiyanin kırmızılığının tek bir dominant gen tarafından kontrol edildiği hipotezine kuvvetli bir destek sağlamıştır ve elma kabuğundaki farklı renklemelerle ilişkili olarak RAPD markörleri geliştirmişlerdir. Waka-sa et al. (2003), Cheng et al. (1996), bulduğu RAPD markörlerini kullanarak 'Jonathan', 'Narihokoh' ve 'Golden Delicious' çeşitlerini sırasıyla A<sub>1</sub>(kırmızı), a<sub>1</sub>(sarı), a<sub>2</sub>(sarı) olarak tanımlamışlardır. Yapılan bir başka çalışmada *McMYB1* geni Takos et al. (2006), tarafından kırmızı kabuklu 'Cripps Pink' elma çeşidinden izole edilmiştir. Sekans analizleri sonucunda bu genin farklı allellerinin olduğu tespit edilmiştir. *McMYB1-1* allelinin yalnızca kırmızı renkli meyvelerde bulunduğu görülmüştür. Sonra

*MaMYB1-1* allelinin promotör bölgesinde bir tek nükleotid polimorfizmi (SNP) bulunmuştur. Bu SNP'in belirlenmesine yönelik olarak kesilip çoğaltılmış polimorfik diziler (dCAPS) markörü dizayn edilmiştir. Bu gene spesifik primerler dizayn edilerek kırmızı renkli olanların, kırmızı meyve kabuğuna sahip olmayan meyvelerden ayırt edilmesi sağlanmıştır. Chagne et al. (2007), kırmızı yaprak ve meyve etli elmalarda renklenmeyi sağlayan *MaMYB10* genini tespit etmişlerdir. Kırmızı yaprak, kırmızı meyve kabuğu ve kırmızı etli elmalarda *MaMYB10* genine spesifik markörlerin varlığı tespit edilmiştir. Bu markör kullanılarak kırmızı meyve etli elmalar ayırt edilmiştir. Elmada renklenme ile ilgili moleküler markör çalışmalarına devam edilmekte ve ıslah programlarında kullanılmaktadır.

Moleküler markörler hastalıklara dayanıklılık genlerinin belirlenmesinde de sıklıkla kullanılmaktadır. Bu tür çalışmalar ıslah çalışmalarının başlatılmasında veya çalışma esnasında materyal ve zaman tasarrufu sağlaması bakımından önem arz etmektedirler. Kaymak vd. (2009), elma genetik kaynaklarında *Vf* karaleke (*Venturia inaequalis* (Cke.) Wint.) dayanıklılık geninin tespitine yönelik yapılan bir çalışmada, bu gene spesifik SCAR markörleri kullanılarak 50 çeşit ve tipin bu markör bakımından durumları incelenmiştir. Araştırma sonunda 28 çeşit ve tipte *Vf* karaleke dayanıklılık geninin olduğu bildirilmiştir. Bu çalışmaya benzer başka bir çalışma bir ıslah programı kapsamında yürütülmüştür. Karalekeye dayanıklı elma çeşitlerinin geliştirilmesi amacıyla yürütülen bir çalışmada, 200 melez bitki 3 SCAR markörü kullanılarak incelenmiştir. Çalışma sonucunda Golden Delicious x William's Pride kombinasyonu melez bitkilerinin %46'sı, Golden Delicious x Priscilla kombinasyonu melez bitkilerinin ise %44'ünün *Vf* karaleke dayanıklılık genini taşıdıkları tespit edilmiştir (Kaymak vd., 2013). Karalekeye dayanıklı olmayan tipler ıslah programından çıkarılarak iş gücü, zaman ve mekan tasarrufu sağlanmıştır. Sharka hastalığı, bazı sert çekirdekli meyve türlerinde önemli hasarlara sebep olmaktadır. Bu hastalığın etkilediği türlerden birisi olan kayısıda yapılan bir çalışmada dayanıklılık sağlayan genin tespiti amacıyla 'ssrPaCITA5' olarak adlandırılan bir SSR markörü geliştirilmiştir. Bu markör yardımıyla hastalığa dayanıklı melez bitkiler ve genetik kaynak popülasyonlarında dayanıklı tiplerin seçilebildiği görülmüştür (Soriano et al., 2008).

### 3.4. Genetik Kaynaklarının Belirlenmesi ve Korunması

Moleküler markörler sayesinde gen kaynaklarının tüm genetik kökenleri ile ilgili oldukça faydalı bilgiler elde edilmektedir. Bu bilgiler ıslahçılar için, yapacakları çalışmalarda özellikle nadir bulunan genleri içeren gen kaynaklarının kullanılıp kullanılmayacağına karar vermede önemlidir (Çalışkan, 2005). Değişen ekoloji ve pazar talepleri, kültürü yapılmakta olan ticari çeşitlerin geliştirilmesini zorunlu kılmaktadır. Yeni çeşitlerde değişik bir meyve rengi veya herhangi bir hastalığa dayanıklılık gibi özellikler istenebilir. Gerektiğinde bir karakter, koleksiyonda bulunan bir bitkiden melezleme yoluyla piyasada kabul görecektir çeşitlere aktarılabilir. İşte bu durumda, genetik çeşitliliğin korunması ve gerektiğinde kullanılması amacıyla genetik kaynakların korunması ve gen kaynaklarında yer alan genlerin belirlenmesi gerekmektedir. Moleküler markörlerden faydalanarak farklı genetik yapıdaki bitkiler tespit edilerek koruma altına alınabilmektedir. Çok hızlı polimorfik markör üreten RAPD, SSR ve AFLP gibi markörler doğal popülasyondaki varyasyonu yaklaşık olarak temsil edecek genetik kaynakların oluşturulmasında etkili rol oynamaktadır (Baird et al., 1996; Roose, 1998).

Ülkemizde bulunan elma, armut ve incir gen kaynaklarının karakterizasyonu amacıyla çalışma başlatılmıştır. Araştırmada her türe ait 4'er, toplamda 12 SSR primer çifti kullanılmıştır. İlk sonuçlarda 44 elma, 51 armut ve 90 incir genotipinde, türlerde az sayıda SSR lokusları kullanıldığı halde genel olarak genotipik farklılıklar ortaya konmuştur (Burak vd., 2007). Öz vd. (2007), yaptıkları çalışmada Erzincan Bahçe Kültürleri Araştırma Enstitüsü gen kaynaklarında yer alan 18 erik (*Prunus domestica* L.) ve 17 kiraz (*Prunus avium* L.) genotipinin kimlik tanıları SSR düzeyinde 6 primer kombinasyonu kullanılarak gerçekleştirilmiştir ve araştırmacılar bu konudaki çalışmalarına devam etmektedirler. İsveç'te kültürü yapılan bitkilerin korunması amacıyla taşıyan bir ulusal çalışmada 68 yerel elma çeşit ve tipi 10 SSR primer çifti kullanılarak incelenmiş ve yerel çeşit ve tiplerin tanımlamaları yapılarak genetik benzerlikleri gösterilmiştir (Garkava-Gustavsson et al., 2008). Zhebentyayeva et al. (2003), kayısı gen kaynaklarında bulunan genetik çeşitliliği şeftali için geliştirilen SSR markörlerini kullanarak belirlemeye çalışmışlardır. Gen kaynağında yer alan Avrupa,

İran, Çin ve Orta Asya menşeli 74 farklı tip ve çeşit 30 SSR primer çiftiyle analiz edilerek moleküler karakterizasyon gerçekleştirilmiştir.

Cantini et al. (2001), yaptıkları çalışmada, Amerika Tarım Araştırma Servisi (USDA/ARS) Geneva, NY, koleksiyon parselinde bulunan vişne (*P. cerasus* L.), *P. fruticosa* Pall. ve bunların hibritlerinin de bulunduğu 75 bireyi tam ve doğru olarak tanımlamalarını yapıp genetik kaynakların korunması ve kullanılmasını amaçlamışlardır. Kiraz, vişne ve şeftali genomlarından elde edilmiş 10 adet SSR primer çifti ile yüksek oranda polimorfizm sağlanmıştır. Araştırmacılar SSR verilerine dayanarak koleksiyonda yer alan tüm bireylerin DNA parmak izlerini çıkararak tanımlamışlardır.

Orjini dünyanın çeşitli bölgeleri olan erik tip ve çeşitleri, 1 kayısı çeşidi ve erik x kayısı hibritlerinin bulunduğu 104 bitkiden oluşan popülasyonun genetik benzerlikleri ISSR markörü kullanılarak araştırılmıştır. Popülasyon 42 ISSR primerinden seçilen 12 primer kullanılarak incelenmiştir. Çalışmadan elde edilen dendogramın 3 ana gruba ayrıldığı görülmüştür. 1. Grupta kayısı ('Yinxiangbai') ve erik x kayısı hibritleri, 2. Grupta Asya orjinli diploid erik tipleri ve 3. Grupta Avrupa orjinli diploid tipler ve Çin'de bulunan yabani Avrupa grubu erik türlerinin yer aldığı belirlenmiştir (Liu et al., 2007). Ülkemizde yapılan bir çalışmada, Malatya ilinde bulunan kayısı genetik kaynaklarından 95 kayısı çeşit ve tipi ile 1 kayısı eriği (Plumcot) polimorfik ve tekrarlanabilir bantlara sahip 56 moleküler markör (20 ISSR, 20 RAPD, 16 ISSR) kullanılarak analiz edilmiştir. Araştırmanın sonucunda kayısı genotipleri arasındaki benzerlik oranının %49-94 arasında değiştiği görülmüştür. Elde edilen dendogramda 95 genotipin 2 ana grupta kümelendiği, kontrol amacıyla kullanılan kayısı eriğinin bu kümelerin dışında yer aldığı belirlenmiştir. En yüksek benzerlik oranı %94 ile 'Şekerpare Iğdır' ile 'Şekerpare Benzeri' çeşitleri arasında olduğu görülmüştür. Akdeniz bölgesine ait genotipler grubun birinde, diğer bölgelere ve Malatya'ya ait genotiplerin ise diğer grupta kümelendikleri tespit edilmiştir (Yılmaz vd., 2012).

Isparta ili Eğirdir ilçesinde bulunan Meyvecilik Araştırma İstasyonu genetik kaynakları koleksiyonunda yer alan 15 ticari ayva çeşidi 8 SSR markörü kullanılarak analiz edilmiştir. Bitki materyaline ayrıca 3 armut, 2 elma çeşidi referans

olarak eklenmiştir. Çalışma sonucunda genotipler arasındaki yüksek farklılıklar olduğu, benzerlik oranının %18 - 87 arasında değiştiği tespit edilmiştir. En düşük benzerlik oranının (%18) 'Eşme' ve 'Bardakcık' çeşitleri arasında olduğu belirlenmiştir (Yüksel vd., 2013). Beyazıt vd. (2011) ayva ile ilgili yaptıkları başka bir çalışmada Anadolu'dan selekte edilen çeşit ve tiplerde moleküler karakterizasyon çalışması gerçekleştirmişlerdir. Türkiye'nin farklı bölgelerinden toplanan 13 ayva çeşit/tipi 16 RAPD markörü yardımıyla analiz edilmiştir. Sonuçta elde edilen dendogramda 2 ana grupta kümelenen meyvedana geldiği, benzerlik oranının %48 - 93 arasında değiştiği belirlenmiştir.

#### 4. Sonuç

Moleküler markörler diğer ıslah çalışmalarında olduğu gibi meyve ıslahında da yeni bir dönemin açılmasını sağlamıştır. Moleküler markörlerin kullanımı sayesinde uzun süren meyve ıslah çalışmalarını kısa süreye indirmek mümkün olabilmektedir. Gen kaynaklarımızın korunması, belirlenmesi ve kayıt altına alınmasında moleküler markörler kullanılmaktadır. Gelişmiş ülkelerde olduğu gibi ülkemizde de meyvecilikte moleküler markör ile ilgili araştırmaların sayısının artması, desteklenmesi, üniversiteler ile özelkamu araştırma kuruluşlarının ortak çalışmalar yapılmasıyla ileride meyve ıslahında olumlu gelişmeler gözlenebilecektir. Moleküler markör çalışmaları ile ıslah çalışmalarının birlikte yapılması, çalışmalardan daha çabuk ve etkili sonuçlar alınabilmesi açısından oldukça önemlidir.

#### Kaynaklar

Abedian M, Talebi M, Golmohammadi HR, Sayed-Tabatabaei BE, 2012. Genetic Diversity and Population Structure of Mahaleb Cherry (*Prunus mahaleb* L.) and Sweet Cherry (*Prunus avium* L.) Using SRAP Markers. *Biochemical Systematics and Ecology* 40:112-117.

Agarwal M, Shrivastava N, Padh H, 2008. Advances in Molecular Marker Techniques and Their Applications in Plant Sciences. *Plant Cell Reports* 27(4): 617-631.

Aka Kaçar YA, 2004. Moleküler Markörlerin *Prunus* Türlerinde Kullanımı. *Alatırım*, 3 (2): 15-22.



- Aksu M, Sarısu HC, Kaymak S, Öztürk Y, Gür İ, Koçal H, 2012. Bazı Yabani Vişne (*Prunus cerasus* L.) Tiplerinin RAPD Tekniği ile Moleküler Karakterizasyonu. Tarım Bilimleri Araştırma Dergisi 5 (1): 78-81.
- Andersen JR, Lübberstedt T, 2003. Functional Markers in Plants. Trends in Plant Science 8 (11), 554-560.
- Asins MJ, 2002. Present and Future of Quantitative Trait Locus Analysis in Plant Breeding. Plant Breeding 121:281-291.
- Baird WV, Ballard RE, Rajapakse S, Abbott, AG, 1996. Progress in *Prunus* Mapping and Application of Molecular Markers to Germplasm Improvement. HortScience 7:1099-1106.
- Bayazıt S, Imrak B, Küden A, Kemal GM. 2011. RAPD Analysis of Genetic Relatedness Among Selected Quince (*Cydonia oblonga* Mill.) Accessions From Different Parts of Turkey. Horticultural Science (Prague), 38, 134-141.
- Burak M, Ayanoglu H, Akçay ME, Kocataş H, Öz MH, Demirtaş İ, Akpınar AE, Aslantaş Ş, Soydam S, Yüksel C, Aygün H, Bakır M, Yılmaz F, Şahin N, Tan N, Karadoğan B, Vurgun H, Doğan A, Öztürk G, Pektaş M, Küden AB, Bayazıt S, Çömlekçioğlu S, Kazan K, Ergül A, 2007. Bazı Meyve Türlerine Ait Gen Kaynaklarının High-Throughput Moleküler Yöntemlerle Tanımlanması-I, Türkiye V. Ulusal Bahçe Bitkileri Kongresi, Cilt 1, Meyvecilik 60-65, ERZURUM.
- Cantini C, Iezzoni AF, Lamboy W, Boritzki M, Struss D, 2001. DNA Fingerprinting of Tetraploid Cherry Germplasm Using Simple Sequence Repeats. Journal of the American Society for Horticultural Science 126: 205-209.
- Chagne D, Carlisle CM, Blond C, Volz RK, Whitworth CJ, Oraguzie NC, Crowhurst RN, Allan AC, Espley RV, Hellens RP, Gardiner SE, 2007. Mapping A Candidate Gene (*MaMYB10*) for Red Flesh and Foliage Colour in Apple. Biomedcentral (BMC) Genomics 8, 212.
- Cheng FS, Weeden NF, Brown SK, 1996. Identification of Co-Dominant RAPD Markers Tightly Linked to Fruit Skin Colour in Apple. Theoretical and Applied Genetics 93:222-227.
- Çalışkan M, 2005. Rapd Analizi ile Güllerde (*Rosa* spp.) Genetik Tanımlama. Ankara Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi, ANKARA.
- Demirtaş İ, Sarısu HC, Eryılmaz İ, Karamürsel ÖF, Kafkas S, 2009. Kiraz Çeşit ve Tiplerinin Pomolojik, Moleküler ve Genetik Yöntemlerle Karakterizasyonu, TKB Eğirdir Bahçe Kültürleri Araştırma Enstitüsü, Yayın No:31, Eğirdir-İSPARTA.
- Devran Z, 2003. Moleküler İşaretleyicilerin (Markörlerin) Dayanıklılık İslahında Kullanılması. Derim 20:1-6.
- Dhanapal AP, Martinez-Garcia P, Gradziel T, Crisosto C, 2012. First Genetic Linkage Map of Chilling Injury Susceptibility in Peach (*Prunus persica* (L.) Batsch) Fruit with SSR and SNP Markers. Journal of Plant Science and Molecular Breeding 1(1), 3.
- Doğan Y, Kafkas S, Sütyemez M, Akça, Y, Türemiş N, 2014. Assessment and Characterization of Genetic Relationships of Walnut (*Juglans regia* L.) Genotypes by Three Types of Molecular Markers. Scientia Horticulturae 168, 81-87.
- Eduardo I, Chietera G, Pirona R, Pacheco I, Troggio M, Banchi E, Bassi D, Rossini L, Vecchiatti A, Pozzi C. 2013. Genetic Dissection of Aroma Volatile Compounds From the Essential Oil of Peach Fruit: QTL Analysis and Identification of Candidate Genes Using Dense SNP Maps. Tree Genetics & Genomes 9(1), 189-204.
- Ercişli S, Açar G, Yıldırım N, Duralija B, Vokurka A, Karlıdağ H, 2011. Genetic Diversity in Wild Sweet Cherries (*Prunus avium*) in Turkey Revealed by SSR Markers. Genetics and Molecular Research 10 (2): 1211-1219.
- Federici CT, Fang DQ, Scora RW, Roose ML, 1998. Phylogenetic Relationships within the Genus *Citrus* (*Rutaceae*) and Related Genera as Revealed by RFLP and RAPD Analysis. Theoretical and Applied Genetics 96: 812-822.
- Garkava-Gustavsson L, Kolodinska Brantestam A, Sehic J, Nybom H, 2008. Molecular Characterisation of Indigenous Swedish Apple Cultivars Based on SSR and S-allele Analysis. Hereditas, 145(3), 99-112.

- Geldermann H, 1975. Investigations on Inheritance of Quantitative Characters in Animals by Gene Markers I. Methods. Theoretical and Applied Genetics 46(7), 319-330.
- Gökırmak T, Mahlenbacher SA, Bassil NV, 2004. Investigation of Genetic Diversity Among European Hazelnut (*Corylus avellana*) Cultivars Using SSR Markers. VI. International Congress on Hazelnut, June 14. 2004 Spain.
- Güneri M, 2005. Hatay'da Yetiştirilen Trabzon Hurmasının (*Diospyros Kaki* L.) RAPD (Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA) Analizi, Ankara Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, ANKARA.
- Gür E, Şeker M, 2012. Beyaz Nektarin Tiplerinin AFLP Moleküler Markör Polimorfizminin *Prunus* Cinsine Giren Önemli Türlerle Karşılaştırılması. Journal of Agricultural Faculty 26(2), 29-36.
- Joshi SP, Prabhakar K, Ranjekar PK, Gupta VS, 1999. Molecular Markers in Plant Genome Analysis. Current Science Vol. 77, No:2.
- Karp A, Edwards KJ, Bruford M, Funk S, Vosman B, Morgante M, Seberg O, Kremer A, Boursot P, Arcander P, Tautz D, Hewitt GM, 1997. Molecular Technologies for Biodiversity Evaluation: Opportunities and Challenges. Nature Biotechnology. Vol. 15:625-628.
- Kaymak S, Kaçal E, Öztürk Y, 2013. Screening Breeding Apple Progenies with *vf* Apple Scab (*Venturia inaequalis* (cke.) wint.) Disease Resistance Gene Specific Molecular Markers. Integrated Protection of Fruit Crops IOBC-WPRS Bulletin Vol.91, 361-365pp.
- Kaymak S, Şahin-Çevik M, Çevik B, 2009. Elma Genetik Kaynaklarının *Vf* Kara Leke (*Venturia inaequalis* (Cke.) Wint.) Dayanıklılık Genine Spesifik Moleküler Markörlerle Taranması, Türkiye III. Bitki Koruma Kongresi Bildirileri, 15-18 Temmuz 2009, s:230.
- Kesawat MS, Das BK, 2009. Molecular Markers: It's Application in Crop Improvement. Journal of Crop Science and Biotechnology 12 (4), 169 - 181.
- Klagges C, Campoy JA, Quero-García J, Guzman A, Mansur L, Gratacos E, Silva H, Rosyara UR, Iezzoni A, Meisel LA, Dirlewanger E, 2013. Construction and Comparative Analyses of Highly Dense Linkage Maps of Two Sweet Cherry Intra-Specific Progenies of Commercial Cultivars. PloS one 8(1), e54743.
- Liu W, Liu D, Zhang A, Feng C, Yang J, Yoon J, Li S, 2007. Genetic Diversity and Phylogenetic Relationships Among Plum Germplasm Resources in China Assessed with Inter-Simple Sequence Repeat Markers. Journal of the American Society for Horticultural Science 132(5), 619-628.
- Martínez-García PJ, Parfitt DE, Ogundiwin EA, Fass J, Chan HM, Ahmad R, Lurie S, Dandekar A, Gradziel TM, Crisosto CH, 2013. High Density SNP Mapping and QTL Analysis for Fruit Quality Characteristics in Peach (*Prunus persica* L.). Tree Genetics & Genomes, 9(1), 19-36.
- Melchinger AE, 1990. Use of Molecular Markers in Breeding for Oligogenic Disease Resistance. Plant Breeding 104:1-19.
- Mullis KB, 1987. Process for Amplifying Nucleic Acid Sequences. U.S. Patent No: 4,683,202.
- Olmstead JW, Sebolt AM, Cabrera A, Sooriyapathirana SS, Hammar S, Iriarte G, Wang D, Chen CY, Knaap E, Iezzoni AF, 2008. Construction of an Intra-Specific Sweet Cherry (*Prunus avium* L.) Genetic Linkage Map and Synteny Analysis with the *Prunus* Reference Map. Tree Genetics & Genomes DOI 10.1007/s11295-008-0161-1.
- Öz MH, Aygün H, Soydam S, Çukadar K, Bakır M, Yılmaz F, Ünlü HM, Karadoğan B, Vurgun H, Ergül A, 2007. Doğu Anadolu Erik ve Kiraz Gen Kaynaklarının SSR'a Dayalı Moleküler Analizi. V. Bahçe Bitkileri Kongresi, Erzurum.
- Pinar H., Unlu M, Ercisli S, Uzun A, Bircan M, Yılmaz KU, Agar G, 2013. Determination of Genetic Diversity Among Wild Grown Apricots from Sakit Valley in Turkey Using SRAP Markers. Journal of Applied Botany and Food Quality, 86(1).
- Rafalski JA, Tingey SV, 1993. Genetic Diagnostics in Plant Breeding, RAPDs, Microsatellites and Machines. TIG, 9(8); 275-280.
- Ridout CR, Donini P, 1999. Use of AFLP in Cereals Research. Trends in Plant Science. 4:76-79.

- Roose ML, 1998. Phylogenetic Relationships Within the Genus *Citrus* (*Rutaceae*) and Related Genera as Revealed by RFLP and RAPD Analysis. *Theoretical and Applied Genetics* 96: 812-822.
- Soriano JM, Vera-Ruiz EM, Vilanova S, Martínez-Calvo J, Llácer G, Badenes ML, Romero C, 2008. Identification and Mapping of A Locus Conferring Plum Pox Virus Resistance in Two Apricot-Improved Linkage Maps. *Tree Genetics & Genomes*, 4(3), 391-402.
- Sözen E, Yıldırım A, Arslanyolu M, Parmaksız İ, 2007. Rekombinant DNA Teknolojisi (Kitap Bölümü), sayfa 469-518. *Moleküler Biyoloji*, (Editörler: Yıldırım A, Bardakçı F, Karataş M, Tanyolaç B.) Nobel Yayınları No: 1170, Ankara.
- Staub JE, Serquen FC, Gubta M, 1996. Genetic Markers, Map Construction, and Their Application in Plant Breeding. *HortScience* 31: 729-740.
- Şahin-Çevik M, Moore GA, 2012. Quantitative Trait Loci Analysis of Morphological Traits in Citrus. *Plant Biotechnology Reports*, 6(1), 47-57.
- Takos AM, Robinson SP, Walker AR, 2006. Transcriptional Regulation of The Flavonoid Pathway in the Skin of Dark-Grown 'Cripps' Red' Apples in Response to Sunlight. *Journal Horticulture Science Biotech.* 81: 735-744.
- Tan A, İnal A, Taşkın T, 2009. Bitki Genetik Kaynakları ve Biyoteknoloji. *Teknik Broşür No: 6*, Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü, Menemen-İZMİR.
- Tian-Ming H, Xue-Sen C, Zheng X, Jiang-Sheng G, Pei-Jun L, Wen L, Qing L, Yan W, 2007. Using SSR Markers to Determine the Population Genetic Structure of Wild Apricot (*Prunus armeniaca* L.) in the Ily Valley of West China. *Genetic Resources and Crop Evolution* 54(3), 563-572.
- Turet-Sayar M, Turkeç A, Demir T. 2012. Identification of Sweet Cherry Cultivars (*Prunus avium* L.) and Analysis of Their Genetic Relationship Using Microsatellite DNA Fingerprinting. *Journal of Agricultural Science* 4(8), p134.
- Vardar-Kanlıtepe Ç, Aras S, Cansaran-Duman, D. 2010. Bitki Islahında Moleküler Belirteçlerin Kullanımı ve Gen Aktarımı. *Türk Hijyen ve Deneysel Biyoloji Dergisi*, 33.
- Wakasa Y, Ishikawa R, Niizeki M, Harada T, Jin S, Senda M, Akada S, 2003. Majin: A Miniature DNA Element Associated with the Genomes of Pome Fruit Trees. *Horticulture Science* 38(1):17-20.
- Watson JD, Crick, FCH, 1953. Molecular Structure of Nucleic Acids; A Structure for Deoxyribose Nucleic Acid. *Nature* 171.
- Yıldırım A, Kandemir N, 2001. Bitki Biyoteknolojisi II. *Genetik Mühendisliği ve Uygulamaları*. (Ed: Özcan S, Gürel E, Babaoğlu M.) *Genetik Markörler ve Analiz Metodları*. Selçuk Üniversitesi, Vakıf Yayınları, KONYA.
- Yılmaz KU, Paydas-Kargı S, Dogan Y, Kafkas S, 2012. Genetic Diversity Analysis Based on ISSR, RAPD and SSR among Turkish Apricot Germplasms in Iran Caucasian Eco-Geographical Group. *Scientia Horticulturae* 138, 138-143.
- Yüksel C, Mutaf F, Demirtaş I, Oztürk G, Pektaş M, Ergül A, 2013. Characterization of Anatolian Traditional Quince Cultivars, Based on Microsatellite Markers. *Genetics and Molecular Research GMR*, 12(4), 5880.
- Zhang G, Sebolt AM, Sooriyapathirana SS, Wang D, Bink MC, Olmstead JW, Iezzoni AF, 2010. Fruit Size QTL Analysis of An F<sub>1</sub> Population Derived From A Cross Between A Domesticated Sweet Cherry Cultivar and A Wild Forest Sweet Cherry. *Tree Genetics & Genomes* (2010) 6: 25-36.
- Zhang RP, Wu J, Li XG, Khan MA, Chen H, Korban SS, Zhang SL, 2013. An AFLP, SRAP, and SSR Genetic Linkage Map and Identification of QTLs for Fruit Traits in Pear (*Pyrus* L.). *Plant Molecular Biology Reporter*, 1-10.
- Zhebentyayeva T, Reighard G, Gorina V, Abbott A, 2003. Simple Sequence Repeat (SSR) Analysis for Assessment of Genetic Variability in Apricot Germplasm. *Theoretical and Applied Genetics* 106 (3), 435-444.