

ASMADA QTL (KANTİTATİF KARAKTER LOKUS) ANALİZİ

Burçak İŞÇİ

**Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi
Bahçe Bitkileri Bölümü
Bornova-İzmir/TURKEY**

ÖZ: Son yıllarda, DNA markörlerinin geliştirilmesi bitkilerin genetik yapısının araştırılmasına, kantitatif karakter lokus (QTL) 'u kapsayan tarımsal açıdan önemli genlerin haritalanmasına, evrimsel ilişkilerin analizleri gibi pek çok konuda önemli ve güçlü araçlar olarak bilim dünyasına hizmet etmektedir. DNA markörlerinin asma ıslahında kullanılması, QTL haritalamada önemli gelişmelere yol açmıştır. Asmada QTL analizinin en belirgin uygulamaları ıslah ve ıslah öncesi çalışmalar ile QTL klonlamada markörler aracılığıyla seleksiyondur. Bu derlemede, moleküler markörler sayesinde QTL 'ler gibi karmaşık karakterlerin başarılı şekilde transferleri ve etki derecelerinin belirlenmesi, asmada yapılan çalışmalar ifade edilmiştir.

Anahtar Sözcükler: Asma, QTL (kantitatif karakter lokus), markör.

QTL (QUANTITATIVE TRAIT LOCUS) ANALYSIS IN GRAPEVINE

ABSTRACT: In recent years, the improvement of the DNA markers has been providing the genetic structure of plants to be researched, and genes which covers the QTL (quantitative trait loci) and essential for agriculture to charted, and contributes the science world in many subjects such as the analysis of the evolutionary relations as strong agents. Using the DNA markers in the conditioning of grapevine has given raise to important developments in charting. The most distinct applications of the QTL analysis in grapevine are breeding and then breeding studies and selections in cloning QTL through the markers. In this review, determination of the successful transfers of the complicated characters such as QTLs through the molecular markers and designation of the effect grades of them, and studies made on the grapevine is expressed.

Keywords: Grapevine, QTL (quantitative trait loci), marker.

GİRİŞ

Asma (*Vitis vinifera* L.), Rhamnales takımına bağlıdır. Rhamnales takımının üç familyasından yalnızca *Vitacea* familyasına ait bitkiler, bilinen anlamda asmaları tanımlamaktadır. Kültür asmalarının tümü *Vitis* cinsine ait olup, *Vitis* cinsi, kromozom sayısı 2n=38 olan *Euvitis* ve 40 olan *Muscadinia* diye adlandırılan iki

seksiyondan (alt cins) oluşmaktadır. *Euvitis*, ürününden yararlanılan ve anaç olarak kullanılan 50 dolayında tür ile bu türlere ait binlerce varyete ve kültür çeşidine sahiptir (Winkler ve ark., 1974).

Dünyada 30.000 civarında isimlendirilmiş üzüm çeşidi bulunduğu bilinmektedir. Bunlardan 15.000'inin genotipik olarak farklı olabileceği düşünülmektedir (Allewerdt ve Possingham, 1988). Asmanın meyvesi olan üzümde elde edilen ürünlerin çeşitliliği ve zenginliği (sofralık, şarap, kurutmalık, meyve suyu, pekmez, köfter vb.); üretim alanlarının büyük olmasına ve asma üzerinde çok fazla araştırma yapılmasına sebep olmuştur (Ağaoğlu, 1999).

ASMA ISLAHI VE AMAÇLARI

Bağcılık, sağlıklı asma yetiştirme ve değişik amaçlara göre kaliteli üzüm elde etme sanatı olup, ileri bir tarım uygarlığının göstergesidir (Fidan, 1985). Tüm bitkilerde olduğu gibi asma ıslahında amaç, verimi arttırmak, kaliteyi yükseltmek, asmanın genetik yapısını insanların gereksinimlerini karşılayacak biçimde değiştirmek ve iyileştirmektir.

Bağcılıkta ıslah çalışmaları yazılı belgelere göre ilk olarak M.Ö. 50 yıllarında Columella tarafından gerçekleştirilmiştir. Columella, asmalarda üretimin daima en iyi omcalardan çubuk alınarak yapılması gerektiği fikrini savunmuş ve uygulamaların bu şekilde yapılmasını önermiştir. Asmada bugünkü seleksiyon ıslahının temelini atan kişi Columella'dır (Gülcan ve İter, 1975).

Floksera zararlısının tüm dünya topraklarına yayılmasıyla birlikte bu bulaşık yerlerde eski bağcılık yapılamaması nedeniyle, farklı toprak tiplerine uygun anaç elde etmek, verimli melezler yetiştirmek için, melezleme yoluna başvurulmuştur. Çok çeşitli hastalık etmenlerinin giderek yaygınlaşmasıyla; mevcut genetik potansiyel üzerinde ıslah çalışmalarının başlaması zorunluluğu ortaya çıkmıştır. Üzümlere erkencilik kazandırmak veya istenilen pek çok kalite özelliğini bir araya toplamak, ayrıca bir bölgedeki dejenere olmuş ya da hastalıklı bir çeşidi saflaştırmak ıslah çalışmalarının amaçlarındandır.

Hastalık ve zararlılar ile çevre koşullarına dayanıklılık elde etmek, doğal seleksiyonla ortaya çıkmış bireylerin korunması, bunlardan daha üstün özellikleri taşıyanların ortaya çıkarılması, ya da istenen özelliklerin bir bitkide toplanması ancak belirli ıslah yöntemlerini uygulamakla elde edilebilir. Vegetatif yolla çoğaltılma, asmada ıslah çalışmalarının genellikle klon seleksiyonu yöntemiyle yapılabilmesini olası kılmaktadır. Asmada bazı durumlarda varyasyon yaratma zorunluluğu doğmakta

ve kombinasyon ıslahı, mutasyon ıslahı, türlerarası melezleme ıslahı, poliploidi ıslahı yöntemlerine de başvurulmaktadır (Gülcan ve İter, 1975).

Son yıllarda asmada ıslah çalışmalarında don, yüksek kireç ile bor, ağır metal toksitesi gibi abiyotik stres kaynaklarından meydana gelen problemlerinin çözümünde genetik kontrol mekanizmalarının açığa çıkarılması, yeni çalışma konularını oluştururken, çok iri ve kaliteli çekirdeksiz çeşitlerin elde edilmesi ilk hedefler arasında yer almaktadır.

DNA MARKÖR TEKNİKLERİNİN ASMA ISLAHINA ENTEGRASYONU

Asma, kültürü yapılan ilk meyve türlerinden birisi olup çok zengin genetik çeşitliliğe sahiptir. Bu zenginliğe rağmen sürekli değişen tüketici istekleri, farklı yetiştirme teknikleri, ekolojilere uygun yeni çeşit ve anaçlara gereksinim, biyotik ve abiyotik stres faktörlerine karşı dayanıklı, verim ve kalitesi yüksek çeşit ve anaçlara olan talepler nedeniyle ıslahçılar, istenilen özelliklere sahip yeni genotipleri elde etmeye, ya da var olan çeşitlere bazı özellikler kazandırmaya yönelmişlerdir.

Çeşit geliştirmede ele alınan karakterlerin nesilden nesile aktarılan karakterler olması yani kalıtsal özellik göstermesi gerekmektedir. Bütün canlılarda hayatsal olayların şifresinin taşındığı DNA, bir hücrenin kontrol merkezi olup, bir canlının fenotipi, metabolik yetenekleri, makromoleküler bileşenleri ve morfolojik değişikliklerini tayin etmektedir (Hartl, 1994). Asma (*Vitis vinifera* L.), 483 Mbp/1C DNA'lık bir genomu sahiptir (Arumuganathan ve Earle, 1991). Lodhi (1994), *Vitis* türleri, çeşitleri ve diğer *Vitis* cinsleri arasında DNA kapsamını belirlemek amacıyla gerçekleştirdiği çalışmada, *Vitis* türlerinin ortalama kromozom büyüklüğünün 0.85 -1.07 µm arasında olduğunu ifade etmektedir. Evrimsel ilişkiler kurmak, ekolojik veya çevresel adaptasyon çalışmalarının yanı sıra gen klonlamak, genom haritalamak açısından bu bilgi son derece önemlidir.

Günümüzde, moleküler yöntemlerinin devreye girmesiyle birlikte bitki ıslahı biyoteknolojik bir boyut kazanmıştır. Moleküler markörler DNA'nın aktif bölgelerinden (genler) veya herhangi bir genetik kodlama fonksiyonlarına sahip olmayan DNA dizilerinden geliştirilirler. Moleküler markörler ile, markörler yardımıyla seleksiyon (MAS), QTL analizleri, genetik haritalama, gen izolasyon stratejileri, gen kaynaklarının karakterizasyonu, filogenetik analizler, kültür çeşitlerinin tanımlanması ve genetik akrabalığın belirlenmesi, ebeveynlerin belirlenmesi gibi analizler yapılabilmektedir.

“DNA parmak izi (DNA fingerprint)” adı altında RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism), RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) ve

SSR (Simple Sequence Repeat Polymorphism) teknikleriyle çeşitlerin ve aynı çeşit içerisindeki eko tipler, mutant tipler gibi alt grupların tanımlanmaları üzerinde yoğun olarak çalışılmaktadır (Bowers, 1990; Meredith, ve Dangl, 1994). CAPS (Cleaved Amplified Polymorphic Sequences), ISSR (Basit Dizi Arası Tekrarlar) asmalarda haritalama çalışmalarında yoğun olarak kullanılmaktadır. Son yıllarda “DNA Microarray” adı verilen teknolojiyle, aynı anda binlerce genin birbirleriyle olan ilişkisini öğrenebilme imkanı sağlanarak mutasyon ve polimorfizm tespiti gibi pek çok konuda geniş araştırmalar yapılmaktadır (Yurter, 2002).

Moleküler markörler birden çok gen tarafından idare edilen karmaşık kalıtıma sahip kantitatif karakterlerin ıslahında etkili olarak kullanılırlar. DNA markörlerin keşfi ile birlikte bitki genomlarının haritalanması anlamlı bir hale gelmiş, kantitatif ve kantitatif genlerin haritalanmasına olanak sağlanmıştır. DNA markörleri tekniklerinin bitki ıslahına entegrasyonu ile; arzulanan genlerin çeşitler veya türler arasındaki hareketi hızlanmıştır. Çok gen tarafından idare edilen karmaşık karakterler olan verim, kalite, kurağa ve soğuğa tolerans, hastalık ve zararlılara dayanıklılık gibi kantitatif özelliklerin analizi mümkün kılınmıştır.

Asma çok yıllık ve yabancı döllene görülen bir bitkidir. Diğer çok yıllık bitkilere göre daha kısa gençlik kısırlığı dönemine sahiptirler ama yine de ürün alabilmek için 2-5 yıllık bir sürenin geçmesi gerekmektedir. Asmalarda ilk yıllarda fenotip ve genotipleri arasındaki belirsizlikler, ayrıca kendilenme depresyonu, somatik mutasyonlar ve kimeralar görülebilir. Tüm bunlara karşı moleküler markörler kullanarak çevresel varyansın azaltılmasıyla kalıtım dereceleri başarıyla araştırılmaktadır.

DNA markörleri, teorik olarak genomun her noktasını temsil etme yeteneğine sahiptirler ve sonsuz sayıdadırlar. Bu karakterlerin markör (işaret) olarak isimlendirilmelerinin nedeni, çalışılan organizmadaki ilgilenilen diğer özelliklerin genetiği hakkında, dolaylı da olsa, bilgi sağlamalarıdır. Bitki ıslahında DNA markör sisteminin seçimi; araştırmanın amacına, incelenecek populasyonun yapısına, çalışılan türün genomik çeşitliliğine, markör sisteminin bulunma durumuna göre değişmektedir. Islah amaçlı kullanılan markörlerin seçiminde Çizelge 1’de verilen kriterler göz önüne alınır. DNA ekstraksiyonun süresi, analiz için gerekli DNA miktarı, elektroforez sisteminin otomasyonu, allel varyasyonunun açıklanma durumu (dominant-kodominant), analiz için gerekli zaman ve birim maliyetleri markör sistemi seçimindeki önemli kritik noktalar (Staub ve Serquen, 1996).

Genetik markörlerin en önemli kullanım alanı genetik haritaların hazırlanmasıdır. Genetik haritalama yüksek organizmaların genomlarının kromozom olarak adlandırılan doğrusal üniteler halinde organize olması ve taşınması gerçeğinin

tespit edilmesiyle mümkün olmuştur. Aynı kromozom üzerindeki birbirine yakın genetik markörlerin ebeveynlerden döllere birlikte hareketi veya “genetik bağlantı” olayı kromozom boyunca bulunan markörlerin diziliminin belirlenmesini sağlamıştır. Genetik haritalar bir haritalama popülasyonunda (F₂, geri melez, katlanmış haploid, rekombinant kendilenmiş hat vs.) çok sayıda markörün analiz edilerek bağlantı (linkage) ilişkilerinin bulunması ile hazırlanmaktadır.

Genom haritalarının hazırlanmasında DNA markörlerin temel alınması; kalıtım bilgisinin elde edilmesinde markörler açısından sınırsız bir potansiyel kaynak olması ve haritalar üzerindeki spesifik bazı markörlerin doğrudan belirli genlere ulaşmayı temin etmesi gibi iki önemli avantaj sağlamaktadır.

Bitki boyu, çiçeklenme zamanı, kardeşlenme, verim ve verim unsurları, kalite, bazı hastalık zararlılara karşı dayanıklılık gibi birçok karakter kantitatif olarak kontrol edilmektedir. Kantitatif özelliklerin gen bölgeleri QTL (quantitative trait loci) olarak adlandırılmaktadırlar. DNA ya da moleküler markörler kullanılarak QTL’lerin yerlerini belirlemek ve genom içinde dağılımını ortaya çıkarmak ve haritalamak mümkündür. Bu genlerin genom içerisinde nerede olduklarını bilmek bitki ıslahı çalışmaları açısından oldukça önemlidir. Tarımsal önemi olan kalıtsal özellikler için QTL’lerin yerlerinin tayini, gelecekteki genetik manipülasyonlara (yönlü değişikliklere) ve organizmalar arasında gen transferlerine kapı açar.

Moleküler markörlerin bulunması ve onlardan türetilen kromozom haritaları, kantitatif özelliklerin genetik kontrolüne ve onun parçalara ayrılmasına olanak sağlamıştır. Kantitatif özellikler çok sayıda genden etkilendiği için, bu genlerin genom içerisinde nerede oldukları bilinmelidir. Uygun bir popülasyonda QTL analizi olarak bilinen yöntemin uygulanmasıyla, belirli kromozom bölgesindeki ilgili genlerin yerleri saptanabilir, etkilerinin büyüklüğü tahmin edilebilir, gen etkisinin eklemeli veya baskın olup olmadığı belirlenebilir. Üstün çeşitleri elde etmek için ıslah programlarındaki genlerin düzenlenmesinde bunlar başlangıç adımlarıdır (Asins, 2002).

Kantitatif karakterlerin birden fazla lokustaki genler tarafından idare edilmeleri, her bir lokusun etki derecesinin farklı olması ve çevre şartlarından fazla etkilenmeleri nedeniyle; klasik metodlarla ıslah çalışmalarında belirlenmeleri ve aktarılmaları oldukça zor ve uzun yıllar gerektiren bir olaydır. Oysa moleküler markörler ile yapılan detaylı genetik haritalar sayesinde özellikle diplohaploid ve Rekombinant kendilenmiş hatlar gibi homozigot toplumlar farklı çevre şartlarında yetiştirilmeleri sonucu her bir lokusun etki derecesi belirlenebilmiş ve bu lokusların 10-30 cM (Paterson ve ark., 1988; Lander ve Botstein, 1989) aralık düzeyinde muhtemel yerleri kromozomlar üzerinde tespit edilmiştir. Sonuçta QTL’ler gibi

karmaşık karakterlerin başarılı şekilde transferleri ve etki derecelerinin belirlenmesi moleküler markörler sayesinde nispeten daha kolay bir şekilde gerçekleşmiştir (Özcan ve ark., 2001).

Çizelge 1. Moleküler markörlerin avantaj ve dezavantajları (Özcan ve ark., 2001).
Table 1. Advantage and disadvantages of molecular markers (Özcan ve ark., 2001).

Markör	Avantajlar	Dezavantajlar
RFLP	<ul style="list-style-type: none"> - Yüksek polimorfizm ve ko-dominant - Tekrarlanabilirlik - Kapsamlı genom tanımlama - Tüm organizmalarda uygulanabilir - Tam Güvenli 	<ul style="list-style-type: none"> - Yoğun DNA kullanımı - Zor ve zahmetli - Pratik değil - Radyoaktif madde kullanımı
RAPD	<ul style="list-style-type: none"> - Yüksek polimorfizm ve otomasyon - Az DNA gereksinimi - Radyoaktif tehlike yok ve kolay 	<ul style="list-style-type: none"> - Dominant markör - Tekrarlama zor - Her primer her bitkide çalışmaz
SSR	<ul style="list-style-type: none"> - Orta derecede polimorfizm - Tekrarlanabilirlik ve otomasyon - Radyoaktif tehlike yok - Çoklu allelerde etkindir. 	<ul style="list-style-type: none"> - DNA sekans bilgisi gerekir - Az güvenli - Tüm türlerde uygulanmaz
AFLP	<ul style="list-style-type: none"> - Çok yüksek polimorfizm - Tüm türlerde uygulanabilirlik - BAC haritalama için çok uygun 	<ul style="list-style-type: none"> - Çok hassas, hayalet bant üretir. - Düşük tekrarlanabilirlik - Primer seçimi gereklidir.
STS	<ul style="list-style-type: none"> - Kontig haritalamada uygun - Radyoaktif madde içermez - Orta derecede polimorfizm 	<ul style="list-style-type: none"> - Tekniği zordur - DNA dizi bilgisi gerektirir - Primerlerin klonlanması gerekir
SNP	<ul style="list-style-type: none"> - Allel spesifik analiz - Net sonuç - Basit - Tekrarlanabilir 	<ul style="list-style-type: none"> - Sekans bilgisi şart - Her lokusta yoktur - Düşük polimorfizm - Poliploidlerde kullanımı zor
İzo-Enzimler	<ul style="list-style-type: none"> - DNA izolasyonuna göre kolay - Tüm türlerde uygulanabilirlik - Radyoaktif tehlike yok 	<ul style="list-style-type: none"> - Zor otomasyon, zahmetli teknik - Sınırlı polimorfizm - Pahalı teknik - Bilinen lokuslarda kullanılabilir

QTL analizinin en belirgin uygulamaları ıslah ve ıslah öncesi çalışmalar ile QTL klonlamada markörler aracılığıyla seleksiyondur. QTL analizinin temel amacı, QTL’i dar kromozomal bölgelere yerleştirmektir. Bu amaçla deneme şeklinin, açılan populasyonunun tipinin, büyüklüğünün, sayısının, DNA markörlerinin bilgi sağlama düzeyi ile polimorfikliği, bağlantı haritasının kurulması ve QTL analizinin yapılması için istatistiksel metodolojilerin hepsinin birlikte değerlendirilmesi gerekir. Başarı, bilginin sağlandığı QTL analizinin güvenilirliği ve doğruluğuna dayanır (Asins, 2002).

ASMADA GÜNÜMÜZE KADAR YAPILAN GENETİK HARİTALAMA VE QTL ANALİZİ ÇALIŞMALARI

Başarılı bir haritalama için populasyon seçimi son derece önemlidir. Haritanın ekonomik önemi markör-karakter ilgisine bağlı olduğundan ebeveyn olarak seçilen genetik stoklarda mümkün olduğunca kantitatif kalıtıma sahip morfolojik karakterler bulunmalıdır (Staub ve ark., 1996). Genomun belirli bir bölgesindeki QTL’in belirlenmesi;

- Ebeveynler QTL bakımından polimorfikse veya fenotipik farklılığı oluşturan iki farklı allele sahipse,

- Ebeveynler, QTL içeren kromozom bölgesindeki bir markör tarafından polimorfikse,

- Markör ve QTL linkage dengesizliği varsa, yani aynı ebeveyn kaynaktan markör ve QTL allelleri birlikte kalıtım gösterme eğiliminde olması mümkündür.

Asma bitkisi son derece heterozigot olduğundan haritalama populasyonları için seçilen bireyler genellikle F1 ve çift yönlü yalancı melezleme haritalama stratejisi (pseudo-testcross) kullanılarak oluşturulur. Populasyonun fenotipik verileri dikkatle incelenmekte ve onlar QTL saptaması için moleküler markör verileri ile birleştirilmeden önce, çok sayıda analiz yapılmaktadır.

Üzümle ilgili ilk olarak Weeden ve ark. (1988) ve Mauro ve ark. (1992)’in izoenzimler ve RFLP kullanarak gerçekleştirdikleri çalışmalar, kullanılan markör sistemlerinden dolayı araştırmacıların sınırlı bilgilere ulaşmalarına neden olmuştur.

Lodhi ve ark. (1995) asma için ilk detaylı genetik bağlantı haritasını Cayuga White x Aurore interspesifik hibrid çeşitlerinin çift yönlü yalancı melezleme tekniği kullanılarak oluşturulan F1 populasyonunda gerçekleştirmişlerdir. Asmada gerçekleştirilen bu ilk gerçek haritalama çalışmasında 422 RAPD ile 16 RFLP ve

izoenzim markörleri, çift yönlü yalancı melezleme tekniği kullanılarak oluşturulmuş olan 60 bireylik popülasyonda kullanılmıştır. Ebeveynlere ait haritada markörler arasındaki uzaklık 6.1 cM olarak bulunmuştur. Cayuga White' ait haritada 20 bağlantı grubuyla 214 markör 1.196 cM ve Aurore'e ait haritada 22 bağlantı grubuyla 255 markör ile 1.477 cM uzaklıkta, genom boyunca yerleşmişlerdir. Bu haritalama popülasyonunun hastalıklara direnç ve diğer önemli özellikler için kullanılabilmesi; araştırmacıların bu haritanın hibrit bitkilerin gelişiminin erken dönemlerinde markör aracılığıyla seleksiyon programlarında kullanılabilmesini ileri sürmektedirler. Kullanılan toplam 443 markör ile "Cayuga White" x "Aurore" bağlantı haritalarının orta derecede doygun olduğu bildirilmektedir.

Dalbo ve ark. (2000) Horizon ve Illinois 547-1'in melezlenmesi ile oluşturulan F1 bitkilerinde gerçekleştirdikleri genetik haritalama çalışmasında 277 RAPD, 25 SSR, 4 CAPS ve 12 AFLP markörü kullanmışlardır. Bu haritada çift yönlü yalancı melezleme tekniği ile oluşturulmuş 58 bireylik haritalama popülasyonunda Horizon' ait haritada 153 markör 1.199 cM ile ortalama 7.6 cM, Illinois 547-1'e ait haritada ise 153 markör 1.470 cM ile ortalama 8.1 cM'de yer almış, her haritada 20 adet bağlantı grubu tespit edilmiştir. Bazı rekombinantların varlığına rağmen VVS3, *Vitis* ıslah programlarında erkek tiplerin çıkartılması amacıyla yönelik olarak en fazla kullanılma olanağına sahip olduğu, asmalarda cinsiyeti kontrol eden tek bir lokusun bir mikrosatelit (VVS3) ve bir RAPD (GY104i) markörü ile yakından bağlantılı olduğu bulunmuştur.

Doligez ve ark. (2002) *V. Vinifera*'yı temel alan genetik bağlantı haritasını yayınlamıştır. Bu harita kısmen çekirdeksiz iki genotipin MTP2223-2 (Dattier de Beyrouth x Pirovano 75) x MTP2121-30 (Alphonse Lavallée x Sultanina) arasındaki melezleme sonucu oluşturulan 139 bireylik F1 popülasyonunda gerçekleştirilmiştir. Bu çalışmada toplamda 301 markörün, 250'sini AFLP, 44'ünü SSR, 3'ünü izoenzim, 2'sini RAPD ve 12'sini SCAR markörler oluşturmaktadır. Araştırma sonucunda 20 bağlantı grubunun 1.002 cM'lık alanı kapsadığı tespit edilmiştir. Tane rengi için majör gen, hem babaya ait haritada hem de birleştirilmiş haritada tespit edilmiştir.

Grando ve ark. (2003) şaraplık bir üzüm çeşidi olan *V. Vinifera* 'Moscato bianco' x *V. riparia* Wr63 bireylerinden oluşturulan haritalama popülasyonunda AFLP, SSR ve SSCP toplam 338 markörü test ederek haritalama çalışmasını gerçekleştirmiştir. 81 bireylik bu popülasyonda 338 markör ana ebeveyne ait haritada 20 bağlantı grubunda 1,639 cM'e yerleşmiştir. Baba ebeveynde ise 19 bağlantı grubunun 429 lokusda 1,518 cM'da yerleştiği tespit edilmiştir.

1998 yılında, üzüm genetiğini araştırmak ve üzüm genomuyla ilgili artan bilgileri bir araya getirmek için IGPP (International Grape Genome Program

“Uluslararası Üzüm Genom Programı”) topluluğu bir araya gelmiştir (<http://www.vitaceae.org>). Bu işbirliği sonucunda VCM (Vitis Microsatellite Consortium “Asma Mikrosatellit Birliği”) kurulmuş, Fransa’da AgroGene S.A.’ın çabalarıyla da geniş sayıda kodominant SSR markörler üretilmiştir (Anonymous, 1998). IGGP’ nin en önemli hedefleri arasında, yaratılacak referans bağlantı haritası için uyum sağlayan bağlantı gruplarının sonuçlarından bireysel haritalama projeleri ve fiziksel haritalama projeleri için kaynak olabilecek hizmeti sağlayabilmek gelmektedir.

İlk referans harita sadece kodominant markör olan SSR temelli mikrosatellit markörleri kullanarak *V. vinifera* ‘Riesling’ x *V. vinifera* ‘Cabernet Sauvignon’ popülasyonunda gerçekleştirilmiştir (Riaz ve ark., 2004). IGGP tarafından fiziksel harita için hedef çeşit olarak Riesling, özellikle soğuk iklime sahip örneğin Almanya, Kanada gibi yerlerde yetiştirilen önemli bir beyaz şaraplık üzüm çeşidi olduğundan, Cabernet Sauvignon ise dünyanın çok geniş bir alanında dağılmış kırmızı şaraplık üzüm çeşit olması sebebiyle seçilmiştir. Bu referans haritalama popülasyonu 153 bireyden oluşmaktadır. 153 moleküler markör ile gerçekleştirilen bu çalışmada; 152 SSR markör ve 1 adet EST markör ile 20 bağlantı grubu bulunmuştur. Bu birleştirilmiş bağlantı analizi konsensus harita elde etmek için gerçekleştirilmiştir. Sonuçta markörler arası ortalama uzaklık 11,0 cM ile 1,728 cM’lık bir kısım kapsamıştır.

IGGP’nin bir parçası olan IGGI’da (International Grape Genomics Initiative), farklı haritalama popülasyonlarından kodominant markör verilerini tamamlamak için uluslar arası konsensus genetik bağlantı haritası oluşturmayı planlamışlardır. Bu amaç için beş farklı popülasyonu seçmişlerdir. İlk popülasyon Syrah x Grenache’de (Adam-Blondon ve ark., 2004), ikinci popülasyon Riesling’de (Adam-Blondon ve ark., 2004), üçüncü popülasyon Chardonnay x Bianca çeşitleri arasından (Di Gaspero ve ark., 2007), dördüncü popülasyon MTP2223-27 x MTP2121-30 (Bouquet ve Danglot 1996), beşinci popülasyon ise Riesling x Cabernet Sauvignon arasından oluşturulmuştur (Riaz ve ark., 2004). İlk iki ve dördüncü popülasyonlar INRA, Fransa’da; üçüncü popülasyon ise İtalya’da Udine Üniversitesinde, son popülasyon ise Amerika Davis’te, Ulusal Gen Kaynaklarında korunmaktadır.

Son on yıl içerisinde pek çok araştırma grubunun üzüm için gerçekleştirmiş olduğu haritalama çalışmalarında kullanılan markör sistemleri ve popülasyon sayıları ile ilgili bilgiler Çizelge 2’de verilmiştir (Riaz ve ark., 2004).

Üzümde pek çok karakter çoklu gen tarafından kontrol edilmektedir ve genleri izole etmek; genlerin yerlerinin değiştirilmesi bu nedenle son derece zordur.

Asmada moleküler markörlerin kullanımıyla öncelikle hastalık ve zararlılara dayanıklılığı kontrol eden herhangi bir genetik karakterin bitkide olup olmadığı, biyotik ve abiotik stres koşullarına dayanıklılıkla ilgili genleri, yani hangi allel olduğu güvenilir bir şekilde tespit edilebilmektedir. Markör, bir karakteri kontrol eden gene ne kadar yakınsa, rekombinasyonla markör ve genin birbirinden ayrılma ihtimali de o kadar düşüktür. Bu nedenle bir türe ait genetik haritadaki markör sayısı yüksek olmalıdır.

Çizelge 2. Üzümde yayınlanmış haritaların tümünün listesi (Riaz ve ark., 2004).
Table 2. A list of all published maps in grapes (Riaz et al., 2004).

Populasyon	Markör sistemi	Genotip sayısı	Ortalama markör uzaklığı (cM)	Referans
CayugaWhite (Hybrid of <i>V. vinifera</i> , <i>V. labrusca</i> , <i>V. rupestris</i> and <i>V. aestivalis</i>) × Aurora (Hybrid of <i>V. vinifera</i> , <i>V. rupestris</i> and <i>V. aestivalis</i>)	RAPD, RFLP, Isoenzim	60	6.1	Lodhi ve ark. 1995
Horizon ('Seyval' × 'Schuyler') × Illinois 547-1 (<i>V. rupestris</i> × <i>V. cinerea</i>)	RAPD, SSR, CAPS, AFLP	58	7.8	Dalbo ve ark. 2000
MTP2223-2 (Dattier de Beyrouth × Pirovano 75) × MTP2121-30 (Alphonse Lavallée × Sultanina)	AFLP, SSR, RAPD, SCAR, Isoenzim	139	6.2	Doligez ve ark. 2002
Moscato bianco (<i>V. vinifera</i> L.) × <i>V. riparia</i> Mchx	SSR, AFLP, SSCP	81	8.1	Grando ve ark. 2003
Riesling × Cabernet Sauvignon	SSR, EST	153	11	Riaz ve ark. 2004
<i>V. rupestris</i> and <i>V. arizonica</i> hybrids	AFLP, SSR, RAPD, ISSR	116	10.2	Doucleff ve ark. 2004
Syrah × Grenache	SSR	96	6.4	Adam-Blondon ve ark. 2004
Regent × Lemberger	AFLP, RAPD, SSR, SCARs/CAPS	153	5.9	Fisscher ve ark. 2004
Riesling Self	SSR	96	6.4	Adam-Blondon ve ark. 2004

Asmada gerçekleştirilen çalışmalar fungal ve bakteriyel hastalıklar ile çekirdeksizlik üzerine yoğunlaşarak devam etmektedir. Ye ve ark. (1995) asmalarda külleme (*Uncinula necator*) hastalığına karşı dayanım haritasını oluşturmak için Horizon ve Illinois 547-1; iki interspesifik hibritinde RAPD primerlerinden yararlanılmışlardır. Elde edilen F1 populasyonunda, incelenen 327 RAPD primerinden 90 adedi ile 504 adet skorlanabilen ve açılım gösteren DNA parçası çoğaltılmış ve haritalamada kullanılmıştır. Bunlardan 42 adedi Horizon çeşidinde 19 bağlantı grubunda 1,099 cM'lık ve 48 adedi de Illinois 547-1 çeşidinde 20 bağlantı grubunda 1,059 cM'lık alana yayıldığı bildirilmektedir. Çalışmada 4 yıl boyunca gerçekleştirilen arazi gözlemlerinde; incelenen bireylerin 3 yıllık arazi gözlemlerinin değerlendirilmesi ile dayanıklı 547-1 çeşidinde 10 numaralı bağlantı grubunda bir bölgenin, küllemeye dayanımı etkileyen bir QTL taşıdığı sonucuna ulaşılmıştır.

Dalbo (1998) külleme ve siyah çürüklük hastalıklarına dayanımın kalıtımını çalışmak için Ye ve ark. (1995)'in oluşturduğu Horizon x Illinois 547-1 populasyonunu kullanmıştır. Her iki ebeveyne ait genetik haritalar çıkarılmış ve 20 adet bağlantı grubu belirlenmiştir. Çalışmada RAPD primerleri temel oluştururken, ek olarak 30 mikrosatelit ve 4 STS (Sequence Tagged Sites) markörü sonuçlarına göre 10 adet homolog bağlantı grubu tespit edilmiştir. Birbirlerinden ortalama uzaklığı 7.5 cM olan 451 markör haritalar üzerine yerleştirilmiştir. Küllemeye dayanım QTL'inin bulunduğu bağlantı gruplarında aynı zamanda siyah çürüklük için de bulunmuştur. İslah programında kullanıma amacıyla, küllemeye dayanımda görev alan en güçlü QTL (547-1 çeşidinde 10. bağlantı grubu) seçilmiştir. Bu QTL'e yakından bağlı bir RAPD markörü (CS25b) ve bir AFLP markörü (AfAA6), CAPS markörlerine dönüştürülerek aynı dayanım kaynağının kullanıldığı farklı melezlerde QTL açılımı takip edilmiştir. Bütün melezlerde, küllemeye duyarlı bireylerin yüzdesinin, bu markörler esas alınarak yapıldığında önemli ölçüde azaltılabileceği sonucuna varılmıştır.

Striem ve ark. (1996) 82 bireyden oluşan populasyonda çekirdeksizlik karakteri ile ilgili özellikler analiz etmişlerdir. Early Muscat ve Flame Seedless çeşitleri arasında yapılan melezleme sonucunda elde edilen bireylerde; bir çekirdeğin ortalama taze ağırlığı, tanedeki çekirdeklerin toplam taze ağırlığı, çekirdeğin kapsam algısı, görsel değerlendirilen çekirdek büyüklüğü kategorileri, tohum kabuğunun sertlik derecesi, endospermin gelişme derecesi ve embriyonun gelişme derecesini içeren 7 özellik analiz edilmiştir. 160 RAPD primeri kullanılarak gerçekleştirilen çalışmada 110 adedi belirgin bant deseni elde edilmiştir. İncelenen 12 markör bir çekirdeğin ortalama taze ağırlığı ve tanedeki çekirdeklerin toplam taze ağırlığı ile önemli korelasyon göstermiştir. 4 markör, 9 adet çekirdekli bireyi tanımlamıştır. Ayrıca, 3 markör, 21 adet çekirdekli ve 4 görülebilen çekirdek izine sahip bireylerin tanımlanmasını sağlamıştır. Araştırmacılar bu sonuçların ön seleksiyon amaçlı

kullanılabileceği ifade etmektedirler. Bu işlem ile populasyon büyüklüğü %44 oranında azaltılabilmektedir.

Bouquet ve Danglot (1996) çekirdeksizliğin birbirinden bağımsız kalıtım gösteren 3 adet tamamlayıcı resesif gen ile 1 adet dominant gen (sdI, seed development inhibitor) tarafından kontrol edildiğine dair bir model ileri sürmüşlerdir. Lahogue ve ark. (1998) ise asmada çekirdeksizlik karakterini kodominant SCAR markörlerle tanımlamışlardır.

Grando ve ark. (2000) Moscato bianco ve *Vitis riparia* arasındaki melezleme ile elde ettikleri 90 bitkilik populasyonda, polimorfizm ve moleküler karakterlerin açılımını test etmek amacıyla mikrosatelit ve RAPD markörleri kullanmışlardır. RAPD markörlerinin açılımı haritalama için daha az yararlı olurken, allel açılım oranları Mendel değerlerine yakın olan VVMD6 ve VVMD7 lokusları dışındaki tüm lokuslar bağımsız şekilde kalıtım göstermiştir.

Buck ve Zyprian (2000) fungal hastalıklara dayanıklı “Regent” ve duyarlı “Lemberger” çeşidi arasındaki melezleme sonucunda elde edilen 150 bireylik popülasyondan seçtikleri 47 birey üzerinde genom haritası çıkarmak için RAPD markörlerini test etmişlerdir. Araştırmacılar 11 bağlantı grubu ortaya çıkarmışlardır.

Kozma (2000) *Vitis amurensis* hibritleri, *Vitis vinifera* çeşitleri ve Franko Amerikan hibritlerinin kullanıldığı bu çalışmada, fungal hastalıklara dayanımı araştırmıştır. Franko-Amerikan hibritleri ile Doğu Asya *V. amurensis* hibritlerinin dayanım ıslahı çalışmaları için iyi bir kaynak olabileceği araştırmacı tarafından belirtilmiştir. Doğal ve yapay enfeksiyonun yapıldığı çalışmada, külleme ve mildiyöye dayanımın dominant karakterde olduğu tespit edilmiştir. Dayanım derecesi ebeveynin genetik kaynağına göre değişmiştir.

Ren ve ark. (2000) Summit (beyaz) x Noble (kırmızı) üzüm çeşitlerini kullanarak elde edilen F1’lerde, tane rengine yönelik markör tespit etmeye çalışmışlardır. Toplam 350 adet RAPD primeri, 7’şer bireyden oluşan kırmızı ve beyaz DNA havuzunda polimorfizm açısından incelenmiştir. F1 populasyonunda tane rengine yönelik açılım kırmızı rengin tek bir dominant gen tarafından kontrol edildiğini göstermiştir. Hedef gene bağlı 2 RAPD markörü tespit edilmiştir. Sonuçlar RAPD markörünün tane rengine yönelik erken seleksiyonda güvenilir olduğunu göstermiştir. RAPD-PCR tekniği ve BSA yöntemi tane rengi karakterini etiketlemek için kullanılmıştır.

Milutinovic ve ark. (2000) renkli meyve suyuna sahip çekirdeksiz bir çeşit elde etmek amacıyla yapılan melezlemede (Evita x Beogradska Besemena) kalıtım

şekli incelenmiş ve tane rengi ile meyve suyu rengi için tek gen kalıtımının olduğu gözlemlenmiştir. Verim ve salkım ağırlığı için, düşük verim ve salkım ağırlığına sahip ebeveynin (Evita) dominantlığı saptanmıştır. Bunun yanında tane ağırlığı için düşük tane ağırlıklı ebeveynin (Evita) kısmi dominantlığı belirlenmiştir. Çekirdeksizliğin monogenik kalıtımın dışında bir kalıtıma sahip olduğu belirtilmektedir.

Walker ve Yin (2000) *V. rupestris* x *M. rotundifolia* melezi olan 200 F1 bireyde *Xiphinema index*'e (kamalı nematod) karşı taramış ve 70 adedini dayanıklı bulunmuştur. Analiz edilen (OPA-12) primeri dayanım ile bağlantılı bulunmuştur. OPA-12 ürünü klonlanmış ve bir SCAR markörüne dönüştürülmüştür.

Adam-Blondon ve ark. (2001), Lahogue ve ark. (1998) tarafından bulunan sdl genine bağlı RAPD markörleri, Sultana kökenli kısmen çekirdeksiz iki genotipin melezlenmesi ile elde edilen popülasyonda BSA yöntemi ile araştırılmıştır. OPC-08 ve OPP-18, RAPD markörleri sadece çekirdeksiz genotiplerde bulunmuş ve bu karakter ile bağlantılı bir majör lokusun varlığı gösterilmiştir. OPC-08 RAPD markörü SCAR markörüne (SCC8) dönüştürülmüştür. Moleküler markör sistemlerini temel alan haritalama çalışmalarıyla çekirdeksiz üzüm çeşitlerinin erken seleksiyonu için yoğun olarak çalışılmaktadır (Meredith, 2001).

Georgiady ve ark. (2001) *Vitis*'e ait bir genomik harita çıkartılması için F1'in kendilenmesi ile oluşturulan 1000 bireylik F2 popülasyonu oluşturmuştur. Yaklaşık 700 AFLP ve SSR markörleri kullanılarak asmada ekonomik anlamda öneme sahip birçok özelliğin birden fazla gen grubu tarafından kontrol edildiği poligenik karakterleri daha iyi anlamak için; bu popülasyondan seçilen ve vegetatif olarak çoğaltılan 300 bireyde hastalığa dayanım, genel bitki gelişmesi ve şekli ile meyve verimi ve kalitesi gibi kantitatif karakterlerin haritalanması çalışmasını yapmışlardır.

Blondon ve ark. (2001) PCR temelli, RAPD markör sisteminden geliştirilmiş olan SCP18 ile çekirdeksizliği tespit edilebilmektedir. Çekirdeksiz x çekirdeksiz ve çekirdekli x çekirdekli bireylerden meydana getirilmiş bir popülasyonda seçilen 81 adet, çekirdekli ve çekirdeksiz bireyde çekirdeksizliği tespit için, Lahogue ve ark. (1988) tarafından geliştirilmiştir, sdl, ana lokuslarda incelemiştir. Araştırma sonucunda SCP18, SSC8'nin çekirdeksiz x çekirdeksiz'lerde erken dönemde çekirdeksizliği tespit etmede yararlı bir şekilde kullanılabileceğini belirtmektedirler.

Reisch (2001) horizon (hassas) ve Illinois 547-1 (*V. rupestris* x *V. cinerea*) (dayanıklı) bireylerin melezlerinden oluşturduğu popülasyonu 8 yıl boyunca gözlemlemiş ve bu popülasyon içerisinde seçtiği 272 bireyle kurduğu yeni plantasyonda, AFLP markör sistemini kullanarak gerçekleştirdiği BSA analizi

sonuçlarına göre, külemeye dayanıklı lokus tespit etmiştir. Mahanil ve ark. (2007)'de gerçekleştirdikleri araştırma çalışmasında Reisch (2001)'de kullanılan çalışma popülasyonu; *Vitis cinerea*, *V. rupestris* ve *Horizon* melezleriyle; nukleotit bağlayıcı yerlerin varlığıyla (NBS) direnç geni benzerlerini (RGAs) klonlamışlardır. İki dejenere PCR primer çifti, bilinen direnç genleri içerisinde NBS motiflerinin korunan bölgelerinden ve farzedilen PGAs'lerin PCR için kullanımıyla dizayn edilmiştir. Bu toplamda 122 varsayılan RGA dizileri, P-loop/GLPLAL-1 primeriyle tüm üç genotipte klonlanmış, temel alınan nükleik asitlerin sekans tanımlamalarının %90 ya da daha büyük, RGA klonlarının sırasıyla *V. cinera* için 8, *V. rupestris* 4 ve *Horizon* için 8 gruba bölünmüş olduğunu belirlemişlerdir. Bu klonların tümü benzerliğin nukleotit dizilimleri için diğer bilinen *R* genleri yada NBS- model nukleotit dizilimleri ve 7 klonun yüksek benzerlik gösterdiği görülmüştür. Otuz dizi *V. cinera*'dan P-loop/Rev loop ile klonlanmış ve dört dizi grubu içinde bir kez daha bölünmüştür, bunlardan hiçbiri nukleotiti dizilerinin diğer *R* genleriyle benzer değildirler. Yirmüç STS ve üç CAPS markör onsekiz uygunluğu kanıtlanan ve *Horizon* x *Illinois* (III) 547-1'in 179 melez arasından ayırım için kontrol edilerek, khikare testleri kullanılarak; RGAs'lardan geliştirilmiştir. Bu popülasyon içerisinde külemeye dayanım için ayırımla ilgili stk Va011 markörü ilişkilendirilmiştir. Bu STS markörü hastalıklara dayanım için moleküler ıslah içinde araştırılmaktadır.

Pauquet ve ark. (2001) AFLP markörlerini kullanarak yaptıkları çalışmada, Cabernet Sauvignon çeşidini duyarlı kontrol çeşit olarak kullanmışlardır. 157 bireyden oluşan BC5 popülasyonu üzerinde 13 AFLP markörü 22 adet Run1 taşıyan genotip ile 16 duyarlı genotip üzerinde daha da ileri düzeyde araştırmışlardır; 3 markör sadece dayanıklı genotiplerde bulunmuştur. Araştırmacılar bu çalışma sonucunda daha büyük popülasyonlarla çalışılması gerekliliğini bildirmektedirler.

Callahan ve ark. (2002) 418 AFLP, 32 ISSR, 23 RAPD markörü ve 18 SSR markörü kullanılarak *V. rupestris* "A. de Serres" (2n=38) x *M. rotundifolia* "Cowart" (2n=40) hibridine ait genetik bağlantı haritasını, yalancı melezleme stratejisi kullanılarak çıkartılmıştır. Ebeveynler için oluşturulan haritalarda 19 bağlantı grubu tespit edilmiştir.

Donald ve ark. (2002) tarafından yapılan çalışmada RFLP ve AFLP markörleri Run-1 lokusuna bağlantı açısından taranmıştır. İncelenen markörlerden 3 markörün sadece dayanıklı genotiplerde bulunmuş olması, külemeye dayanıklı asma çeşitlerinin markör aracılığıyla seleksiyonu için bir olanak sağlayabileceği belirtilmekte ve daha büyük popülasyonlar üzerinde araştırmaların devam edilmesi gerekeceği ifade edilmektedir.

Luo ve ark. (2002) *Vitis quinquangularis* (83-4-96) ile *Vitis vinifera* L. (Muscat Rose) arasındaki melezleme ile oluşturulan 80 bireylik F1 hibrit popülasyonunda, ön çalışmalar sonucunda 280 RAPD primerini incelemişlerdir. 39 primerin polimorfik bant deseni verdiği tespit edilmiş; bu primerler ile DNA çoğaltımı gerçekleştirilmiştir. 1:1 veya 3:1 oranında açılım gösteren 90 adet RAPD markörünün ebeveynlere ait bağlantı haritalarının çıkartılmasında kullanılabileceği bildirmişlerdir. Sonuçlar Çin'e özgü üzümlerin genomlarını çalışmak için RAPD markörlerin kullanılabileceğini göstermektedir.

Zavala ve ark. (2002) 50 SSR, 150 AFLP ve 30 RAPD markörleri ile, Ruby Seedless x Thompson Seedless melezlenmesi sonucu elde edilmiş olan 127 bireylik bir popülasyonda sofralık üzüm ıslahı için bir bağlantı haritası hazırlanmıştır. Ebeveynlere ait sadece sırasıyla 13 ve 11 bağlantı grubu oluşturulmuştur. Araştırmacılar bunu kullanılan markör sayısının az olmasının neden olduğunu belirtmektedirler. Bu çalışmanın ikinci kısmında çekirdeksizliğe bağlı markörler tanımlanmıştır. 350 RAPD primer testinden sonra 10 adet aday markör tespit edilmiştir.

Zyprian ve ark. (2002) Lemberger ve Regent çeşitlerinin melezlenmesiyle elde edilen popülasyonda fungal hastalıklara (*Uncinula necator* ve *Plasmopara viticola*) ve bazı karakterlere yönelik QTL analizi yapılmıştır. Araştırmacılar harita tabanlı klonlama yaklaşımını kullanarak ilgili genlerin izole edilmesi için çalışmışlardır.

Riaz ve Walker (2003) *Vitis rupestris* x *Muscadinia*'dan meydana gelmiş F2 popülasyonundan oluşturulmuş popülasyonunda SSR, AFLP ve ESTP markör sistemleri incelemişlerdir. Orijinal haritalama popülasyonu 181 bireyden meydana gelmektedir. Bu popülasyonda 210 SSR, 63 ESTP ile test edilmiş; 127 SSR ve 14 ESTP'de polimorfizm saptanmıştır. 54 EcoRI ve MseI kombinasyonu ile oluşturulan 216 AFLP markörünün sonuçlarına göre; SSR markörlerin hem referans haritada hem de orijinal haritada yaygın olarak kullanılabileceği sonucuna varılmıştır.

Kozma Jr. ve Dula (2003) iki hibrit ailesinde [*Muscadinia* x *V. vinifera* BC4 x Franco-American hibrit x *V. vinifera* x *V. amurensis* ve *Muscadinia* x *V. vinifera* BC4 x (*V. amurensis* x *V. vinifera*) BC2] külleme dayanımını inceledikleri çalışma sonucunda *Muscadinia*'dan gelen külleme dayanımından sorumlu Run1 geninin mildiyö dayanımı ile bağlantılı olduğunu belirlemişlerdir. Araştırmacılar ebeveynlerinden daha fazla mildiyöye dayanıklı hibritler elde etmişlerdir.

Doligez ve ark. (2003) iki kısmen çekirdeksiz genotip (Dattier de Beyrouth x 75 Pirovano) x (Alphonse Lavallée x Thompson Seedless) arasındaki melezleme

sonucunda elde edilmiş tam akraba döllerde bazı kalite ile ilişkili özelliklere yönelik QTL'leri 300 AFLP lokusu ile 182 SSR lokusun genotipi çıkarılarak araştırmışlardır.

Marino ve ark. (2003) *Vitis* Muscato bianco x *V. riparia* popülasyonunda SSR ve AFLP markörleri kullanarak yapraklarda mildiyöye dayanım ve tanede aroma bileşikleri için QTL analizi yapmışlardır. Ana ebeveyn haritası 403 SSR ve AFLP markörleri ile 21 bağlantı grubundan (1,128 cM) ve baba ebeveyn haritası 502 SSR ve AFLP markörleri ile 20 bağlantı grubundan (1,143 cM) oluşmuştur.

Mejia ve Hinrichsen (2003) 127 bireylik Ruby Seedless x Sultanina F1 popülasyonunda çekirdeksizlik ile ilişkili bir SCAR markör geliştirmek amacıyla, 336 adet RAPD primeri test etmiştir. Sadece çekirdeksiz genotiplerde bulunan, WF27-2000 adı verilen bir RAPD markörü klonlanmış, dizisi belirlenmiş ve bir SCAR markörüne dönüştürülmüştür. Bu marköre dayalı seleksiyonun popülasyonda incelenecek birey sayısını azaltmada faydalı olabileceğini ifade edilmektedirler.

Merdinoğlu ve ark. (2003) 151 RAPD, 13 ISSR ve 208 SSR primeri kullanarak Muscadiniya üzümüne mildiyö dayanımı kazandıran gene bağlı moleküler markörleri tanımlamak amacıyla BSA metodunu kullanmışlardır. Varyans analizi sonucunda 1 RAPD, 4 ISSR ve 8 SSR'in dayanım üzerine önemli etkide bulunduğunu belirlemişlerdir. Bunlardan 12 adedi aynı bağlantı grubunda 4,5 cM'lik bir bölge içine yerleşmiştir. Dayanım QTL'in varlığı aralık (interval) haritalama ile doğrulanmıştır. Bu sonuçlar; Rpv1 (Plasmopara viticola dayanım geni) olarak isimlendirilen bu QTL'in muscadinia üzümünde dayanım sağlayan gen olduğunu düşündürmektedir. Rpv1, ayrıca külleme dayanım geni Run1'e yakından bağlantılı bulunmuştur.

Regner ve ark. (2003) 160 SSR ve 190 RAPD markörü kullanılarak 70 bireylik bir Welschriesling x Sirius (KI.K1977) popülasyonunu külleme ve mildiyöye tolerans açısından araştırmışlardır. 7 RAPD markörünün külemeye dayanımla önemli derecede bağlantılı olduğunu bulmuşlardır. Araştırmacılar Gr. Veltliner x Seyyal=KI.K1979 popülasyonunu elde edilen bu markörlerle incelemişler; ancak RAPD markörleri arasında herhangi bir ortaklık sağlanmadığını tespit etmişlerdir.

Zyprian ve ark. (2003) Gf.Ga-47-42 ve Villard blanc, fungusu dayanıklı iki hattın melezlenmesi ile elde ettikleri popülasyonu külleme ve mildiyö hastalıklarına karşı analiz etmişlerdir. Bu çalışma sonucunda elde edilen haritanın daha önceki çalışmalarında kullandıkları Regent x Lemberger popülasyonuna ait harita kadar doygun olmamakla birlikte Gf.Ga-47-42 x Villard blanc genetik haritasının, fenotipik karakterlere ait QTL'lerin genetik bölgelerinin korelasyonu çalışmasında kullanılabileceği görüşünü bildirmektedirler. Her iki haritayı kullanarak fungal

patojenlere dayanımla ilgili genetik faktörlerin karşılaştırmasını yapabileceklerini dile getirmektedirler.

Madini ve ark. (2003) *V. vinifera* L. ve *V. riparia* Michx.'a ait hastalığa dayanım ve kalite amaçlı ıslah çalışmalarında kullanılmak üzere QTL bilgilerinin üretimine yönelik olarak 350 AFLP ve mikrosatellit markörüne dayalı olarak gerçekleştirilen çalışma sonucunda, her iki haritanın yaklaşık 1,150 cM'ı kapsadığını belirlemişlerdir.

Adam-Blondon ve ark. (2004) Syrah ve Grenache melezi olan populasyonda 346 adet SSR markörü kullanarak gerçekleştirdikleri haritalama çalışmasında, toplamda 310 markörde başarı elde etmişlerdir. İki ebeveynden en az birisi için bu markörlerin %84.4'ü polimorfik olduğu belirlenmiştir. 177 adet markör Syrah'ta 19 bağlantı grubu oluşturduğunu, toplam 1,172 cM'lık alanı kapsadığını tespit etmişlerdir. Grenache haritasında 178 markör 18 bağlantı grubuna yerleşmiştir ve 1,306 cM'lık alanı kapsamaktadır.

Doucleff ve ark. (2004) yalancı melezleme stratejisi kullanarak *Vitis rupestris* x *V. arizonica* melezlenmesinden elde edilen 116 bireylik populasyonda 410 AFLP, 24 ISSR, 32 RAPD, 9 SSR kullanarak bir genetik harita çıkarmışlardır. İncelenen 475 adet DNA markörü sonucunda, ana ebeveyne ait haritada 17 bağlantı grubu (756 cM), baba ebeveynde ise 19 bağlantı grubu (1,082 cM) bulunmuştur. 181 markör 3:1 ayrımıyla, iki ebeveyn haritasını bağlanabilmiştir. Bu orta yoğunluktaki haritanın, genlerin ilk eşleştirilmeleri için veya QTL'de asma vebası (*Pierce's disease*)'na sebep olan bakteri, kamalı nematod (*Xiphinema index*), *Xylella fastidiosa* ve nematod için faydalı olabileceğini sonucuna varılmıştır.

Sevini ve ark. (2004) yoğun bir aromaya sahip *V. Vinifera* cv. Moscato bianco ile önemli fungal hastalıklara dayanıklı *V. riparia* arasında yapılan melezleme ile elde edilen 81 bireylik bir populasyonda SSR, AFLP ve SSCP markörleri kullanarak tane aromasını belirleyen ana bileşiklerin (terpenler) genetik kontrolünü araştırmışlardır. Karakter analizi MapQTL 4,0 yazılım programı ile belirlemişlerdir. Monoterpenlerin tanedeki miktarlarına yönelik ilk QTL'ler tanımlanmıştır.

Fischer ve ark. (2004) 185 AFLP, 137 RAPD, 85 SSR ve 22 SCAR veya CAPS markörünü kullanarak, 'Regent x Lemberger' populasyonuna ait 153 bireyde fungal hastalıklara dayanıma yönelik haritalama yapmışlardır. Ana ebeveynde külemeye dayanım için 1 adet QTL ve mildiyöye dayanım için birden fazla QTL saptanmıştır. Olgunlaşma zamanı, tane büyüklüğü ve koltuk sürgünü büyümesine yönelik başka QTL'ler bulunmuştur.

Yaşa (2005), 300 adet RAPD primeriyle Italia x Mercan'dan meydana getirilen F1 popülasyonunu incelemiş, test edilen RAPD primerleri ile bu popülasyon içinde çok düşük oranda (%37) polimorfizm tespit etmiştir. LOD 3.0'da Mercan ve Italia çeşidine ait elde edilen haritalarda sırasıyla 8 ve 6 adet bağlantı grupları üzerinde sayıları 2-3 arasında değişen markör bulmuştur. Italian çeşidinde sadece OPI4c ve OPI4d arasında (5.0 cM) ve OPD3a ve OPD4a arasında (9.2 cM) gerçek bir bağlantı tespit edilmiştir. Mercan çeşidinde ise sc10826b ile OPM2a arasında (6.8 cM) bir bağlantı gözlenmiştir.

Fanizza ve ark. (2005) sofralık üzümlere (*Vitis vinifera*) ait 184 bireyden oluşan bir popülasyonda 203 AFLP ve 110 SSR markörü kullanarak meyve ürün komponentleri bakımından QTL ilişkisiyi araştırmıştır. Fenotipik korelasyon analizi, meyve ürün bileşenleri arasında yapılandırılmıştır. Tane ağırlığı ve salkımdaki tane sayısı arasında negatif bir ilişki olduğu, bu indirekt etkinin salkım ağırlığını etkilediğini bildirmektedirler. Bu negatif korelasyon, moleküler düzeyde desteklenmemiştir.

Zyprian ve ark. (2005) fungal hastalıklara dayanım ve tat bileşiklerine yönelik çalışmalar yapmışlardır. Gf.Ga.47-42 ve Villard blanc arasında yaptıkları melezlemede, popülasyondan elde edilen sonuçları, Regent çeşidine ait genetik bilginin QTL ilişkisi ile karşılaştırmışlardır. Regent'te saptanan külleme hastalığına dayanım markörleri yeni bir melezlemede test edilmiştir. Dayanımın yanında tat bileşiklerinin Gf.Ga 47-42 ıslah hattından elde edildiğini ve Villard blanc'ın daha natürel beyaz şarap verdiği ifade etmektedirler.

Doligez ve ark. (2006) 46, 95, 114, 139 ve 153 bireyden oluşan 5 farklı popülasyonda 502 SSR ve 13 diğer PCR temelli markör gibi geniş bir markör setiyle LOD 2.0'de haritalama gerçekleştirmişlerdir. Popülasyondaki birey sayısı ve markör etkinliği analiz edilmiştir. Kosambiye göre ortalama 1,647 cM uzaklıkta 19 bağlantı grubu tespit edilmiştir.

Mandl ve ark. (2006) Welschriesling x Sirius çeşitleri kullanılarak çift yönlü yalancı melezleme tekniği ile elde edilmiş 92 bireylik melezlerde; 237 SSR, 14 RAPD markörü kullanarak haritalama yapmışlardır. Mapmaker 3.0 kullanılarak gerçekleştirilen çalışmada 20 bağlantı grubu tespit etmişlerdir ve VVS2 ve VMC 6g1 markörü Mg-QTL ile yüksek oranda bağlantılı bulunmuştur.

İşçi (2006) Italia ve Mercan üzüm çeşitlerinin melezlenmesi sonucu elde edilen F1'lerde genom haritasını kodominant markörlerden SSR (Simple Sequence Repeats) ve dominant markörlerden AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) kullanarak gerçekleştirmiştir. Genom haritalaması için çift yönlü

yalancı melez tekniği kullanılmıştır. Haritalamanın yapılmasında Mapmaker/Exp 3.0 paket programında 3.0 LOD değeri kullanılmış, ana ve babaya ait 2 ayrı genetik bağlantı haritası bulunmuştur. Haritanın anaya ait 6, babaya ait 1 bağlantı grubu içerdiği bildirilmektedir.

Welter ve ark. (2007) fungusu dayanıklı Regent ve hassas Lembergent çeşitleri arasındaki melezleme sonucu mevcut F₁ popülasyonda patojen direnci ve yaprak morfolojisini etkileyen faktörleri lokalize edebilmek için haritalama çalışması gerçekleştirmişlerdir. 398 adet kodominant mikrosatellit markör ile incelenen bu popülasyonda 19 bağlantı grubu tespit edilmiştir. Markörler arası mesafe 1.631 cM ve 4.67 cM arasında olup; bir büyük QTL mildiyö için ve bir büyük; bir de küçük QTL külleme için bulunmuştur. Diğer taraftan yaprak morfolojisini etkileyen 27 QTL tespit edilmiştir. Bu yeni harita, asma ıslahı ve hastalıklara direnç çalışmaları için önemli bir araştırma çalışması olma özelliğine sahiptir.

Salmaso ve ark. (2008) asmada (*Vitis vinifera* L.) 139 ifade edilen genin konumunu bütünleştirici harita oluşturmuşlardır. Toplam 138 SNPs, 108 SSR markör ve bir fenotipik özellik (üzüm rengi) konsensus haritasında 19 büyük bağlantı grubunda haritalandırılmıştır. Antosyanin metabolizması için ilişkilendirilen genler, farklı bağlantı grupları içinde haritalandırılmıştır. Antosyanin biyosenteziyle bağdaştırılan myb geni, 2 bağlantı grubu üzerinde meyve rengi ile ilişkilendirilmiştir.

Dünyada ve Türkiye’de gerçekleştirilen bu araştırmalarla asmada genetik ilerlemeye büyük fayda sağlanmaktadır. Asmanın ana vatanı olan ve büyük bir genetik potansiyele sahip olduğumuz asma için ülkemizde de bu alanda öncü ve daha ileri çalışmalar planlanmalı ve gerçekleştirilmelidir.

SONUÇ

Modern bitki ıslahı uygulamalı bilim içerisinde dinamik bir alandır. Islahçı, genetik varyasyonları kullanarak yetiştirici ve tüketicilerin ilgilendiği karakterleri içeren yeni çeşitlerin geliştirilmesi için çalışır. 75 yıldan daha uzun bir zamandır QTL tanımlanması için DNA markörlerin ve güçlü biyometrik metodların geliştirilmesi; bitkilerde QTL haritalaması için oldukça önemli gelişmelerin meydana gelmesine yol açmıştır. Bu anlamda moleküler markörler bitkilerin genetik yapısının araştırılması, kantitatif karakter lokuslarını (QTL) kapsayan tarımsal açıdan önemli genlerin haritalanması, evrimsel ilişkilerin analizleri gibi pek çok konuda önemli ve güçlü araçlar olarak bilim dünyasına hizmet etmektedir (Asins, 2002).

Markörlerin kullanımı ile verim, kalite, bitki boyu, çiçeklenme zamanı gibi özelliklerle ilişkili olan, birçok gen tarafından yönetilen ve çevre koşullarından

etkilenen Kantitatif Karakter Lokuslarının (QTL) haritalanması ve etkilerinin ortaya konmasıyla önemli mesafeler alınmıştır (Lamkey ve Lee, 1993). Genel olarak QTL çalışmaları markör destekli seleksiyonda (Marker Assisted Selection, MAS) başarı ile kullanılmaları mümkündür. Bu yolla ıslah çalışmalarının erken evrelerinde seleksiyona geçilerek hem zamandan tasarruf edilmiş olur hem de populasyon küçültülerek başarı şansı artırılmış olur.

Gelecekte ise genetik haritaların daha detaylı yapılması sayesinde bitki türlerindeki aktif bütün genlerin yerlerinin kesin olarak belirlenmesi ve ürünleri bilinmeyen birçok genin (hastalıklara dayanıklılık veya stres şartlarına tolerans gibi) klonlanması mümkün olabilecektir.

LİTERATÜR LİSTESİ

- Adam-Blondon, A.-F., F. Lahogue-Esnault, A. Bouquet, J. M. Boursiquot, and P. This. 2001. Usefulness of Two SCAR Markers for Marker-Assisted Selection of Seedless Grapevine Cultivars. *Vitis*, 40 (3): 147-155.
- Adam-Blondon, A.-F., C. Roux, D. Claux, G. Butterlin, D. Merdinoğlu, and P. This. 2004. Mapping 245 SSR Markers on The *Vitis vinifera* Genome: A Tool for Grape Genetics. *Theor.Appl. Genet.*, 109 (5): 1017-1027.
- Ağaoğlu, Y. S. 1999. Bilimsel ve Uygulamalı Bağcılık (Asma Biyolojisi). Kavaklıdere Eğitim Yayınlatı, No: 1. 205 s, Ankara.
- Alleweldt, G. and J. V. Possingham. 1988. Progress in Grapevine Breeding. *Theor. Appl. Genet.*, 75: 669-673.
- Anonymous. 2008. <http://www.vitaceae.org>
- Arumuganathan, K. and E. D. Earle. 1991. Nuclear DNA Content of Some Important Plant Species. *Plant Molecular Biology Reporter*, 9 (3): 208-218.
- Asins, M. J. 2002. Present and Future of Quantitative Trait Locus Analysis in Plant Breeding. *Plant Breeding*, 121: 281-291.
- Blondon, A. F. A., F. Lahogue-Esnault. A. Bouquet. J. M. Boursiquot, and P. This. 2001. Usefulness of two SCAR Markers for Marker-Assisted Selection of Seedles Grapevine Cultivars. *Vitis.*, 40 (3): 147-155.

- Bouquet, A. and Y. Danglot. 1996. Inheritance of Seedlessness in Grapevine (*Vitis vinifera* L.). *Vitis*, 35: 35-42.
- Bowers, J. E. 1990. DNA Fingerprint Analysis of Some Wine Grape Cultivars. MSc. Thesis, University of California, Davis.
- Buck, S. and E. Zyprian. 2000. First Approaches of Molecular Mapping in a Model Population Derived from The Crossing of The Grapevine Varieties 'Regent'x'Lemberger'. Proc. of VII. International Symp. on Grapevine Genetics and Breeding, Montpellier, France, 6-10 Tem. 1998, Vol 2, Acta Horticulture, No:528: 203-207.
- Callahan, M., Y. Jin, F. Gao, and M. A. Walker. 2002. A Genetic Map of *Vitis rupestris* x *Muscadinia rotundifolia* Locating Resistance to Xiphinema index, the Dagger Nematod. Plant Animal & Microbe Genome X Conference Abst. 12-16 Ocak 2002, San Diego, CA, ABD.
- Dalbo, M. A. 1998. Genetic Mapping, QTL Analysis and Marker- Assisted Selection for Disease Resistance Loci in Grapes. Ph.D. Thesis, Cornell Univ., Ithaca, NY.
- Dalbo, M. A., G. N. Ye, N. F. Weeden, H. Steinkellner, K. M. Sefc, and B. I. Reisch. 2000. A Gene Controlling Sex in Grapevines Placed on a Molecular Marker-Based Genetic Map. *Genome*, 43: 333-340.
- Di Gaspero, G., G. Cipriani, A.-F. Adam-Blondon, and R. Testolin, 2007 Linkage maps of grapevine displaying the chromosomal location of 420 microsatellite markers and 82 markers for R-gene candidates. *Theor. Appl. Genet.* Doi: 10.1007/s00122-007-0516-2.
- Doligez, A., A. Bouquet, Y. Danglot, F. Lahogue, S. Riaz, C. P. Meredith, K. J. Edwards, and P. This. 2002. Genetic Mapping of Grapevine (*Vitis vinifera* L.) applied to the detection of QTLs for seedlessness and berry weight. *Theor. Appl. Genet.*, 105: 780-795.
- Doligez, A., A. Bouquet, J. Ballester, M. Farnos, Y. Danglot, A.-F. Adam-Blondon, C. Roux, P. Domergue, and P. This. 2003. QTLs for Quality-Related Traits in Table Grapes. Plant Animal & Microbe Genome X Conference Abst. 12-16 Ocak 2002, San Diego, CA, ABD.

- Doligez, A., Bouquet, A. F. Adam-Blondon, G. Cipriani, V. Laucou, D. Merdinoğlu, C. P. Meredith, S. Riaz, C. Roux, P. This, and G. Di Gaspero. 2006. An Integrated SSR Map of Grapevine Based on Five Mapping Populations. *Theor. Appl. Genet.*, 113 (3): 369-382.
- Donald, T., J. Pauquet, F. Pellerone, A. F. Adam-Blondon, A. Bouquet, M. Thomas, and L. Dry. 2002. Identification and Local Mapping of Resistance Gene Analogs Linked to a Powdery Mildew Resistance Locus in Grapevine. *Plant Animal & Microbe Genome X Conference Abst.*, 12-16 Ocak 2002, San Diego, CA, ABD.
- Doucleff, M., Y. Jin, F. Gao, S. Riaz, A. F. Krivanek, and M. A. Walker. 2004. A Genetic Linkage Map of Grape, Utilizing *Vitis rupestris* and *Vitis arizonica*. *Theor. Appl. Genet.*, 109: 1178-1187.
- Fanizza, G., F. Lamaj, L. Costantini, R. Chaabane, and M. S. Grando. 2005. QTL Analysis for Fruit Yield Components in Table Grapes (*Vitis vinifera*). *Theor. Appl. Genet.*, 111: 658- 664.
- Fidan, Y. 1985. Özel Bağcılık. Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları: 930 Ders Kitabı No: 265. 401s.
- Fischer, B. M., I. Slakhtudinov, M. Akkurt, R. Eibach, K. J. Edwards, R. Topher, and E. M. Zyprian. 2004. Quantitative Trait Locus Analysis of Fungal Disease Resistance Factors on a Molecular Map of Grapevine. *Theor. Appl. Genet.*, 108; 501-515.
- Georgiady, M., R. DeScenzo, D. W. Cain, and N. Irelan. 2001. Linkage Mapping And QTL Mapping In Grape. *Plant And Animal Genome IX Conference Abst.* 13-17 Ocak 2001, San Diego, CA, ABD.
- Grando, M. S., C. Frisinghelli, and M. Stefanini. 2000. Polymorphism and Distribution of Molecular Markers in a Segregating Population Derived from The Cross 'Moscato Bianco' X *Vitis riparia*. *Proc. of VII. International Symp. On Grapevine Genetics and Breeding*, Montpellier, France, 6-10 Tem. 1998, Vol 2, *Acta Horticulturae*. No: 528, 209 213.
- Grando, M. S., D. Bellin, K. J. Edwards, C. Pozzi, M. Stefanini, and R. Velasco. 2003. Molecular Linkage Maps of *Vitis vinifera* L. and *Vitis riparia* Mchx. *Theor. Appl. Genet.*, 106 (7): 1213-224.

- Gülcan, R. ve E. İlter. 1975. Bağcılıkta İslah Metodları. Ege Ü. Z. F. Bahçe Bitkileri Bölümü.
- Hartl, D. L. 1994. Genetics, Third Edition. Jones and Bartlett Publishers Int., London.
- İşçi, B. 2006. Asma (*Vitis vinifera* L.)’da Genom Haritalaması: Önemli Morfolojik Karakterlere ve Fungal Kökenli Hastalıklara Yönelik AFLP Ve SSR Linkage Gruplarının Oluşturulması. Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı, Doktora Tezi, 211 s.
- Kozma, Jr, P. 2000. Winegrape Breeding for Fungus Disease Resistance. Proc. of VII. International Symp. on Grapevine Genetics and Breeding, Montpellier, France, 6-10 Tem. 1998, Acta Horticulturae, Vol 2, No. 528.
- Kozma, Jr, P. and T. Dula. 2003. Inheritance of Resistance to Downy Mildew and Powdery Mildew of Hybrid Family *Muscadinia* x *V. vinifera* x *V. amurensis* x *Franco American* Hybrid. Proc. VIIIth Int’l. Congress on Grape. Acta Hort., 603: 457-463.
- Lahogue, F., P. This, and A. Bouquet. 1998. Identification of a Codominant SCAR Marker Linked to The Seedlessness Character in Grapevine. Theor. Appl. Genet., 97: 950-959.
- Lahogue, F., P. This, A-F. Adam-Blondon, and A. Bouquet. 1998. Identification of Markers Linked to The Seedlessness Character in Grapevine. Plant and Animal Genome VI Conference Abst. , 18-22 Ocak 2003, San Diego, CA, ABD.
- Lamkey, K. R. and M. Lee. 1993. Quantitative genetics, molecular markers, and plant improvement. p. 104-115. In: B. C. Imrie and J. B. Hacker (ed.) Focused plant improvement: Towards responsible and sustainable agriculture. Proc. 10th Australian Plant Breeding Conf., Gold Coast, 18-23 April 1993. Organising committee, Australian Convention and Travel Service: Canberra.
- Lander, E. S. and D. Botstein. 1989. Mapping Mendelian Factors Underlying Quantitative Traits Using RFLP Linkage Maps. Genetics, 121: 185-199.
- Lodhi, M. A. 1994. Genetic Mapping and Genome Analysis of Grape (*Vitis* sp.). Ph.D. Thesis, Cornell University, 233 p., New York.
- Lodhi, M. A., M. A. Daly, N. F. Weeden, and B. L. Reisch. 1995. A Molecular Marker Based Linkage Map of *Vitis*. Genome, 38: 786-794.

- Luo, S., P. He, X. Zheng, and P. Zhou. 2002. Inheritance of RAPD Markers in An Interspecific F1 Hybrid of Grape Between *Vitis quinquangularis* ve *V. vinifera*. *Scientia Horticulturae*, 93: 19-28.
- Madini, A., Marino, R., Sevini, F., Di Gaspero, G., Velasco, R. and Grando, M.S., 2003. Mapping Defense-Related Genes and QTLs in *Vitis*. Plant and Animal Genome XI Conference Abst. 11-15 Ocak 2003, San Diego, CA, ABD.
- Mandl, K., J. L. Santiago, R. Hack, A. Fardossi, and F. Regner. 2006. A Genetic Map of Welschrieslingx Sirius for The Identification of Magnesium-Deficiency by QTL Analysis. *Euphytica*, 149 (1-2): 133-144.
- Mahanil, S., I. B. Reisch, L. C. Owens, P. Thipyapong, and P. Laosuwan. 2007. Resistance Gene Analogs from *Vitis cinerea*, *Vitis rupestris*, and *Vitis* Hybrid Horizon. *Am. J. Enol. Vitic.* 58:4:484-493.
- Marino, R., F. Sevini, A. Madini, A. Vecchione, I. Perlot, A. Della Serra, G. Versini, R. Velasco, and M. S. Grando. 2003. QTL Mapping for Disease Resistance and Fruit Quality in Grape. ISHS VIII International Conference on Grape Genetics and Breeding. *Acta Horticulturae*, 603: 528-533.
- Mejia, N. and P. Hinrichsen. 2003. A new, Highly Assertive Scar Marker Potentially Useful to Assist Selection for Seedlessness in Table Grape Breeding. *Proc. VIIIth Int'l. Congress on Grape. Acta Hort.*, 603: 559-564.
- Merdinoğlu, D., S. Wiedeman-Merdinoğlu, P. Coste, V. Dumas, S. Haetty, G. Butterlin, and C. Greif. 2003. Genetic Analysis of Downy Mildew Resistance Derived from *Muscadinia rotundifolia*. ISHS Acta: VIII International Conference on Grape Genetics and Breeding. *Horticulturae*, 603: 451-456.
- Meredith, C. P. and G. S. Dangl. 1994. Clarifying the Identity of Some California Winegrapes by DNA Profiling Proceedings, American Society for Enology and Viticulture 45th Annual Meeting, June 30- July 2, Anaheim, California.
- Meredith, C. P. 2001. Grapevine Genetics: Probing the Past and Facing the Future. *Agriculturae Conspectus Scientificus*, Vol. 66, No: 1, 21-25.
- Milutinovic, M., D. Nikolic, L. Avramov, and V. Rakonjac. 2000. Recombination of Some Characteristics in F1 Generation of Grapevine. *Proc. of VII. International Symp. On Grapevine Genetics and Breeding, Montpellier, France, 6-10 Tem. 1998, Vol 2, Acta Horticulturae*, 528: 641-644.

- Özcan, S., E. Gurel ve M. Babaoğlu. 2001. Bitki Biyoteknolojisi (Genetik Mühendisliği ve Uygulamaları). S. Ü. Vakfı Yayınları, 456s.
- Paterson, A. H., E. S. Lander, J. D. Hewitt, S. Paterson, S. E. Lincoln, and S. D. Tanksley. 1988. Resolution of Quantitative Traits into Mendelian Factors by Using a Complete Map of Restriction Fragment Length Polymorphisms. *Nature*, 335: 721-726.
- Pauquet, L., A. Bouquet, P. This, and A.-F. Adam-Blondon. 2001. Establishment of a Local Map of AFLP Markers Around the Powdery Mildew Resistance Gene Rm1 in Grapevine and Assessment of Their Usefulness for Marker Assisted Selection. *Theor. Appl. Genet.*, 103: 1201-1210.
- Regner, F., A. Fradossi, C. Eisenheld, I. Stierschneider, and M. Haas. 2003. Genetic Analysis of a Segregating Population Derived by a Cross of Welschriesling x Sirius. *Proc. VIIIth Int'l. Congress on Grape. Acta Hort.*, 603: 141-148.
- Ren, Z., O. Lamikanra, and J. Lu. 2000. Identification of a RAPD Marker Closely Linked to The Fruit Color in Muscadine Grapes (*Vitis rotundifolia*). *Proc. of VII. International Symp. On Grapevine Genetics and Breeding, Montpellier, France, 6-10 Tem. 1998, Vol 2., Acta Horticulturae*, 528: 263-266.
- Reisch, B. 2001. Map-based Cloning of a Powdery Mildew Resistance Locus in *Vitis*. Report to the American Vineyard Foundation.
- Riaz, S. and M. A. Walker. 2003. Extended Genetic Linkage Map of a *Vitis rupestris* and *Muscadinia rotundifolia* Population and Comparisons with the International *Vitis vinifera* Reference Map. *Genetics, ASEV 54th Annual Meeting Reno, Nevada*.
- Riaz, S., G. S. Dnagl, K. J. Edwards, and C. P. Meredith. 2004. A Microsatellite Marker Based Framework Linkage Map of *Vitis vinifera* L. *Theor. Appl. Genet.*, 108: 864-872.
- Salmaso, M., G. Malacarne, M. Troglio, G. Faes, M. Stefanini, M. S. Grando, and R. Velasco. 2008. A grapevine (*Vitis vinifera* L.) Genetic Map Integrating the Position of 139 Expressed Genes. *Theor Appl Genet.*, 116:1129–1143.
- Sevini, F., R. Marino, and M. S. Grando. 2004. Mapping Candidate Genes and QTLs For Aroma Content in Grape. *Proc. Ist Int'l. Symp. on Grapevine. Acta Hort.*, 652: 439-446.

- Staub, J. E. and F. C. Serquen. 1996. Genetic Markers, Map Construction, and Their Application in Plant Breeding. Hortscience, Vol: 31(5): 729-741.
- Striem, M. J., G. Ben-Hayyim, and P. Spiegel-Roy. 1996. Identifying Molecular Genetic Markers Associated with Seedlessness in Grape. J. Amer. Soc. Hort. Sci., 121 (5): 758-763.
- Yaşa, Z. 2005. Asma (*Vitis vinifera* L.)'da Önemli Vegetatif ve Generatif Karakterler ile Hastalıklara Dayanım Özelliklerine Yönelik Genom Haritalaması. Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı, Doktora Tezi, 123 s.
- Ye, G. N., M. A. Lodhi, N. F. Weeden, and B. I. Reisch. 1995. A RAPD Linkage Map for Grape and Identification of Major QTL for Powdery Mildew Resistance. BARD Project. Final BARD Report, US 1888-90. pp 54-67.
- Yurter, H. E. 2001. Gen Ekspresyon Analizinde Microarray Teknolojisinin Kullanımı. DEU Tıp Fakültesi Dergisi Özel Sayısı 41-48.
- Walker, M. A. and Y. Jin. 2000. Breeding *Vitis rupestris* x *Muscadinia rotundifolia* Rootstocks to Control Xiphinema index and Fanleaf Degeneration. Proc. of VII. International Symp. On Grapevine Genetics and Breeding, Montpellier, France, 6-10 Tem. 1998, Vol 2. Acta Horticulturae, 528: 511-515.
- Welter, L., N. Göktürk-Baydar, M. Akkurt, E. Maul, R. Eibach, R. Töpfer, and M. E. Zyprian. 2007. Genetic Mapping and Localization of Quantitative Trait Loci Affecting Fungal Disease Resistance and Leaf Morphology in Grapevine (*Vitis vinifera* L). Molecular Breeding. Vol 20 (4), 359-374.
- Winkler, A. J., J. A. Cook, W. M. Kliwer, and A. Lider. 1974. General Viticulture. Univ. Calif. Pres, Berkeley and Los Angeles, 710 p.j.
- Zavala, K., N. Mejia, B. Sagredo, and P. Hinrichsen. 2002. Construction of a Linkage Map for Apirenic Table Grapes and Identification of Markers Linked to Seedlessness. Plant Animal & Microbe Genome x Conference Abst. 12-16 Ocak 2002.
- Zyprian, E., L. Salakhutdinov, B. Fischer, M. Akkurt, and R. Topfer. 2002. Molecular Mapping of Grapevine and QTL Analysis of Fungal Disease Resistances. Plant and Animal & Microbe Genome x Conference Abst. 12 -16 Ocak 2002, San Diego, C A, ABD. San Diego, C A, ABD.

Zyprian, E., R. Eibach, and R. Topfer. 2003. Comparative Molecular Mapping of Fungal Disease Resistance and Agronomic Traits in Segregating Populations of Grapevine. Plant and Animal Genome XI Conference Abst. 11-15 Ocak 2003, San Diego, CA, ABD.

Zyprian, E., R. Eibach, M. Akkurt, and R. Topfer. 2005. Genetic Mapping of SSR Markers in Grapevine for The Analysis of Disease Resistance and Flavor Compounds. Plant and Animal Genome XIII Conference Abst. 15-19 Ocak 2005, San Diego, CA, ABD.