

Şarka (*Plum Pox Virus*) hastalığı: kayısında hastalığa dayanıklılığın genetiği ve moleküler çalışmalar

*Kahraman GÜRCAN¹, Kadir Uğurtan YILMAZ²

¹Erciyes University, Agriculture of Faculty, Department of Agricultural Biotechnology, 38039, Kayseri

²Erciyes University, Agriculture of Faculty, Department of Horticulture, 38039, Kayseri

ÖZET

Şarka Hastalığı etmeni olan Plum Pox Virüsü (PPV), Potyviriidae familyasına bağlı olup, yaptığı zararlar ve sosyal etkileri bakımında sert çekirdekli meyvelerin en önemli hastalıklarından biridir [1]. Son 30 yılda 10 milyar dolar ekonomik zarar yapmıştır [2]. Virüsün kontrolü Avrupa'da mümkün olmadığından, dayanıklı çeşitlerin elde edilmesi ve dayanıklılığın moleküler genetiğini belirlemek, kayısı ıslahı çalışmalarının ana hedefi olmuştur. Islah programlarında, hastalığa duyarlı Avrupa çeşitleri hastalığa dayanıklı Kuzey Amerika çeşitleri ile melezlenmektedir. Stark Early Orange, Goldrich, Harcot, Harleyn ve Stella çeşitleri yaygın olarak kullanılan dayanıklı ebeveynlerdir. Segregasyon popülasyonlarından elde edilen fenotipik değerlere göre bazı araştırmacılar dayanıklılığın tek genle kontrol edildiğini ifade ederken, bir çok çalışma dayanıklılığın kantitatif özellikte olduğunu savunmaktadır. Moleküler haritalama ve fenotiplemenin birlikte yürütüldüğü çalışmaların birçoğu birinci bağlantı gurubu (BG) üzerinde, tek bir major lokusun dayanıklılığı büyük oranda kontrol ettiğini belirtmektedir. 3. ve 5. bağlantı gruplarının üzerinde birer minör lokusun bulunması dayanıklılığın çoklu genlerle kontrol edildiğini göstermektedir. Çok sayıda bireye sahip bir melez popülasyonun genotipik ve fenotipik olarak taranması ve doymun bir genetik haritanın yapılması major lokusdaki genin izolasyonuna olanak sağlayacaktır. Bu derleme çalışmada kayısıda şarka dayanıklılık genetiğini belirlemek üzere yapılan araştırma sonuçları özetlenmektedir.

Anahtar

Kelimeler:

Şarkaya dayanıklılık, Kayısı, *Plum Pox Virus*

Sharka (*Plum Pox Virus*) Disease: Genetics of resistance to the disease in apricot and molecular studies

ABSTRACT

Sharka disease is caused by Plum Pox Virus (PPV) which belongs to Potyviriidae family. It is accepted as one of the most harmful diseases of stone fruits considering economic and social impacts [1]. The cost caused by the disease for the last 30 years was estimated to be 10 milyar euros [2]. The protection methods have not been affective to halt the spread of the disease in Europa. Understanding molecular mechanism of the disease resistance and breeding resistant varieties have become promising objective in apricot breeding programs. European apricot breeding programs initiated breeding programs crossing the resistant North American cultivars with the susceptible European cultivars. Stark Early Orange, Goldrich, Harcot, Harleyn, and Stella are the main cultivars used as resistance donor in the breeding programs. Having considered phenotypic anaylsis of segregation population some researchers proposed single gene for the resistance while many researches reported multiple locus for the resistance. Most of the apricot molecular maps constructed with phenotypic data revealed a major QTL on linkage group 1 and two small loci on LG3 and LG5, respectively.

Key Words:

Resistance to Sharka, Apricot, *Plum Pox Virus*

Giriş

PPV'nin etmeni olduğu Şarka Hastalığı Akdeniz ülkelerinde sert çekirdekli meyvelerde en fazla zarar yapan hastalıklardan biridir. Yaprak bitleri ile taşınan hastalık ilk olarak 1915 yılında Bulgaristan'da tespit edilip, hastalığın viral olduğu 1932 yılında rapor edilmiştir [3]. 'Şarka' (Sharka) hastalığın Slavca'sı olup, İngilizce'de 'Plum pox' olarak adlandırılmaktadır.

Türkiye, dünyada önemli sert çekirdekli meyve üreticisi ve ihracatçısı konumundadır. Özellikle dünya kurutmalık kayısı pazarının %70'ine Türkiye hâkimdir. Sosyal açıdan da bir o kadar önemli olan kayısı ile geçinen aile sayısı sadece Malatya'da 50 binin üzerindedir. Bu durum göz önünde bulundurulduğunda Şarka Hastalığı Türkiye kayısı tarımı ve buna bağlı endüstrisi için önemli bir tehdittir. Amerika ve Kanada bu tehditi çok iyi fark edip, üniversite – üretici – Tarım Bakanlığı iş birliğinde yürütülen çalışmalarla hastalık eradike etmişlerdir [4]. Türkiye ve Avrupa ülkelerinde hastalık eradike edilemeyecek boyutlardadır. Şarka çalışmalarında hastalığın epidemolojisinin anlaşılması, virüs genlerinin işlevlerinin bulunması, dayanıklı çeşitlerin geliştirilmesi, dayanıklılığın genetik mekanizmasının anlaşılması ve dayanıklılık genlerinin izolasyonu üzerine odaklanılmıştır. Hastalıkla mücadelede Türkiye ve Avrupa ülkelerinde dayanıklı çeşitlerin geliştirilmesi en ümit var yaklaşım olmuştur.

Avrupa kayısı çeşitlerinde şimdiye kadar hastalığa dayanıklılık kaynağı tespit edilememiştir. Buna karşın Kuzey Amerika çeşitlerinin bazıları dayanıklı bulunmuştur. Bu dayanıklılığın Orta Asya orijinli kaynaklardan geldiği tespit edilmiştir [5]. İslah çalışmalarında yaygın olarak dayanıklı 5 Kuzey Amerika çeşiti (Stark Early Orange, Goldrich, Harcot, Harleyn, Stella) kullanılmaktadır. Şeftalide dayanıklılık kaynağının keşfedilememiş olması ve erikte çok sınırlı sayıda dayanıklılık bulunması sert çekirdekli meyveler grubunda Şarka çalışmalarının kayısı üzerinde yoğunlaşmasına neden olmuştur. Kayısı dayanıklılığının anlaşılması ve keşfedilecek genler şeftali ve diğer sert çekirdekli meyvelerde dayanıklılığın anlaşılmasına ve homolog genlerin keşfine olanak sağlayacaktır. Bu derleme makalede öncelikle kayısı, Şarka hastalığı ve Plum pox virüsünde yapılan son çalışmalar özetlenmiş, daha sonra dayanıklılığın genetiği, haritalamada kullanılan SSR markırlar, moleküler haritalar ve dayanıklılığın moleküler genetiği tartışılmıştır.

Türkiye'de Kayısının Önemi ve Yeri

Kayısı taksonomik olarak *Rosaceae* sınıfında, *Prunus L.*, taksonunun altında yer alır. Dört kayısı türü mevcuttur; bütün dünyada kültürü yapılan *P. armeniaca L.*; Sibirya kayısı, *P. sibirica L.*; Mançurya kayısı *P. mandshurica* (Maxim.); Japon kayısı *P. mume* (Sieb.) Sieb. Et Zucc. Kültür kayısı *P. armeniaca*'nın farklı çeşitleri dünyada yayılmış olup, ekonomik olarak kayısı üretiminin yapıldığı en önemli türdür. Diğer türler genellikle anavatanlarında, doğal yaşam habitatlarında yaygındırlar. Kayısıda diploid kromozom sayısı $2n=16$ olup, türler arası melezler de mevcuttur [6]. Dünya kayısı üretimi 2010 yılı itibariyle 3.442.450 ton civarındadır [7]. Bu üretim içinde Türkiye'nin payı ise yıllara göre değişmekle birlikte genellikle 500 bin ila 800 bin ton

arasındadır. Türkiye'de en fazla kayısı üretiminin yapıldığı il olan Malatya'da, üretilen kayısı miktarı 400.000 ton civarındadır. 2008 yılında Türkiye'de 98.178 ton dolayında kuru kayısı ve 22.101 ton sofralık kayısı dışsatımı yapılmış, bunlardan da yaklaşık toplam 345.464.000 \$ civarında bir gelir elde edilmiştir [8].

Türkiye'deki kayısı çeşit ve tiplerinin bir kısmı Malatya Kayısı Araştırma İstasyonu'nda yer alan koleksiyon parselinde koruma altındadır. Koleksiyon parselindeki çeşit ve tip sayısı yaklaşık 285'tir. Bu koleksiyon parseli 700 kayısı türü, çeşidi ve tipi içeren Ukrayna'daki Nikita Botanik Bahçesi ve Özbekistan'daki Bitki Endüstrisi Enstitüsü Orta Asya Deneysel Araştırma İstasyonu'ndaki koleksiyon parsellerinden sonra [9, 10, 11] dünyadaki en büyük kayısı koleksiyonu konumundadır. Malatya'daki bu kayısı koleksiyon parselinde *Prunus armeniaca* dışındaki türlerin ve Şarka'ya dayanıklılık gösteren Orta Asya çeşit ve tiplerinin bulunmaması önemli bir eksikliklerdir.

Şarka (PPV) Hastalığı

PPV'nin etmeni olduğu Şarka Hastalığı sert çekirdekli meyve grubunda en önemli hastalıklardan biri olup, ekonomik olarak çok önemli kayıplara neden olmaktadır [1]. Avrupa'nın birçok ülkesinde hastalıklı ağaçlar sökülerek binlerce hektar bahçe bertaraf edilmiştir [2]. PPV, bitki hastalıklarının % 30'undan sorumlu olan Potyviridae familyasının bir üyesidir. Avrupa'nın neredeyse tamamına ve Akdeniz havzası ülkelerine yayılmıştır [12, 13, 14].

Son 15 yılda, Şili'de [15], Kanada'da [16] ve ABD'de [17] de tespit edilmiştir. Son olarak Japonya'ya da hastalığın ulaştığı belirlenmiştir [18]. PPV, Türkiye'de ilk defa 1968 yılında tespit edilmiştir. Türkiye'de özellikle park alanlarında ve ev bahçelerinde süs bitkileri olarak kullanılan sert çekirdekli meyvelerde görülen hastalık, kayısı yetiştiriciliğinin yoğun olduğu Malatya'da şu an için görülmemiştir [19, 20, 21, 22, 23].

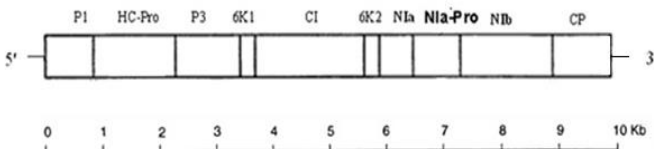
Hastalığın uzun mesafede yayılması, enfekteli fidan ve gözlerin bir bölgeden başka bir bölgeye transferi ile olmaktadır. Hastalığın yayılımı kısa mesafede ise yaprak bitleriyle gerçekleşmektedir. Yaprak biti, yaprak veya meyve dokusuyla beslendiğinde, böceğin bitki öz suyuna emdiği stilet organı, bitki veya meyve dokusuna girer ve buradaki öz suyu emer. Virüs bu emme esnasında yaprak biti tarafından çekilir ve stilet organı ile gıda kanalının duvarına yapışır. Virüs burada 3 saate kadar varlığını sürdürür. Bu üç saat içerisinde yaprak bitinin sağlıklı yeni bir bitkiye gidip, yeniden beslenmeye başlaması durumunda, virüs sağlıklı bitkiye taşınmış olur. Yaprak biti yeni bir bitkide beslenmeye başladığında, gıda kanalındaki virüsleri bu bitkiye aktarır. Böylece bitki enfekte olurken, böcek bünyesindeki virüsü tamamen boşaltır [24, 25].

Afitlerin kimyasal uygulamalarla kontrolü etkin olmadığı için hastalığın yayılmasını kesin olarak engellemek mümkün değildir [26]. PPV'ye karşı mücadele, koruyucu önlemler almaktan ibarettir. Hastalığın erken teşhisi biyolojik, serolojik ve moleküler yöntemlerle yapılmaktadır [27, 28, 29, 30, 31, 32]. Şarka belirtilerinin görülmesi, virüsün grubuna, konukçu bitkinin türü ve çeşidine bağlı olarak 2-4 yıl sürebilir. Yaprakta soluk yeşil noktalar, halkalar ve çizgiler, meyvelerde halkalar ve lekeler, çürüme ve yumuşak çukurluklar oluşmaktadır. Meyvelerde enfeksiyonla beraber, şeker miktarında düşüş, tatta bozulma ve erken meyve dökümü gözlenir.

Plum Pox Virüsü (PPV)

Günümüzde PPV'nin yedi alt grubu tanımlanmıştır; M (Marcus) , D (Dideron), C (Cherry), EA (El Amar) , T (Turkey), W (Winona) ve Rec [33, 34, 35, 36, 37, 38]. En yoğun olarak görülen alt grup PPV-M ve PPV-D'dir [31]. PPV-M grubu, Orta ve Doğu Avrupa'da yaygın iken, PPV-D Batı Avrupa'da gözlenmektedir. D ırkı ABD'de belirlenmiş olup, eradike edildiği rapor edilmiştir [39]. Irkların hemen hepsi birkaç Prunus türünü ve birçok otsu bitkiyi konukçu olarak kullanır. PPV-D, erik, kayısı, nektarin ve şeftalileri enfekte ederken, kiraz ve vişnede hastalık oluşturmaz. Afitlerin D ırkının taşınmasında çok etkili olmadığı bilinmektedir. İlk defa Yunanistan'da şeftalilerde belirlenen M ırkı, şeftalide ve kayısıda agresiftir [39]. M ırkının bitkiler arası taşınımında afitlerin rolü D ırkının taşınımından daha etkilidir. M ırkının yayılımı daha hızlı olup, virüsün eradikasyonu zordur. PPV-Rec alt grubu Orta Avrupa'da [33] görülmektedir. PPV-C, PPV-EA, PPV-W yaygın değildir [40]. PPV-C ırkı sadece kiraz ve vişnede enfeksiyon oluşturmaktadır olup, Avrupa ülkelerinde tespit edilmiştir. PPV-EA Mısır'da kayısı dışında rapor edilmemiştir. PPV-W Kanada'da yayınlanmış ve eradike edilmiştir. PPV-T ırkı sadece Ankara ve yöresindeki bahçelerde tespit edilmiştir [38]. Serçe ve ark. (2009), Ankara'dan izole ettikleri virüsün nükleotid dizisini belirleyip, rekombinasyon tespit etmiş ve bu ırka T (Türkiye) adını koymuşlardır. T ırkı, PPV-M ve PPV-D ırkları arasında HC-Pro geni üzerinde tek bir homolog rekombinasyon sonucu oluşmuştur [38].

Plum Pox Virüsü (PPV) 750 nm uzunluğunda ve 15 nm çapında bir tek iplikli RNA virüsüdür. RNA genom büyüklüğü yaklaşık 9.786 baz olup, tek bir okuma çerçevesinden oluşmaktadır. Bu tek okuma çerçevesi 350 kDa ağırlığında bir tek polipeptini kodlamakta olup, bu polipeptin, yine PPV genomu tarafından kodlanan üç enzim tarafından kesilip 10 protein ürününe dönüştürülür [41]. Bu proteinler P1, HC-Pro, P3, 6K1, CI, 6K2, NIa-VPg, NIa-Pro, NIb ve CP'dir. Şekil 1, PPV genlerini ve bu genlerin virüs genomu üzerindeki yerlerini ve genlerin yaklaşık büyüklüklerini göstermektedir. PPV ırklarının tüm genom dizi analizleri yapılmış [33, 34, 35, 37, 38, 42, 43, 44, 45, 46] ve genomlar NCBI (National Center for Biotechnology Information) GeneBank'a kaydedilmiştir (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/Browser/wwwtax.cgi?id=12211>).



Şekil 1. PPV genlerinin genom üzerinde yerleri Türkiye'de PPV-M [19, 20, 21, 47] yaygındır. PPV-Rec grubu Isparta'da tespit edilmiştir [48]. Ulubaş Serçe ve ark., (2011) PPV-T ırkını Ankara ve İzmir'de tespit etmişlerdir [22]. Kayseri dâhil Türkiye'de 56 ilde Şarka Hastalığı araştırılmış ve birçok ilde virüsün varlığı tespit edilmiştir [22, 23, 49, 50].

Kayısıda şarka ıslah çalışmaları ve dayanıklılık testi

Şarka dayanıklılık çalışmaları 1980'li yıllarda öncelikle dayanıklı çeşit ve tiplerin belirlenmesi ile başlamıştır. İlk

yapılan çalışmalarda doğal enfeksiyon testleri yapılmıştır. Bu testlerde test edilecek çeşit ve tipler hastalıkla bulaşık ağaçlarla yanyana dikilerek dayanıklılık tespit edilmiştir [51]. Aynı zamanda afitler aracılığıyla veya göz aşısı kullanılarak yapay enfeksiyon çalışmaları başlatılmıştır. Avantajları nedeniyle göz aşısı kullanılarak enfeksiyon bulaştırma hakim bir yöntem olmuştur [26]. Aşılama çalışmalarında GF-305 şeftali anaçları semptomları çabucak gösterdiği ve çok iyi bir PPV indikatör bitkisi olması nedeniyle tercih edilmektedir [52, 53, 54]. GF-305 anacı kullanılarak kayısıda hastalığa dayanıklılığı belirlemede iki yöntem uygulanmaktadır. Birinci yöntemde GF-305 tohum yada klon anacı üzerine test edilecek kayısı çeşit veya tipleri aşılanır. Kayısı gözü sürdükten sonra bu sürgün üzerine enfekteli göz aşılanarak hastalıkla kontaminasyon sağlanır [52, 55]. İkinci yöntemde ise önce GF-305 anacı hastalıkla bulaştırılır, daha sonra üzerine kayısı gözü aşılanır. Moustafa ve ark. (2001) yaptıkları çalışmada her iki yöntemi kıyaslamış ve ikinci yöntemin çok daha iyi sonuç verdiğini belirtmişlerdir [54]. Yapay inokulasyonlardan sonra, semptomlar gözlemlenir. Virüsün sürgünlerde varlığı genelde ELISA tekniğiyle belirlenir. Eğer semptom gözlenmez ve aynı zamanda ELISA testi ile de virüs tespit edilmezse, kayısı dayanıklı olarak tanımlanır. Semptom gözlenmediği halde, testler virüsün varlığını gösteriyorsa kayısı tolerant, virüs ve hastalık semptomları birlikte gözleniyorsa dayanıksız olarak tanımlanır.

Virüs tespitinde yoğun olarak ELISA kullanılmakla beraber farklı serolojik ve moleküler yöntemlerde mevcuttur; PPV testinde kullanılan bazı yöntemler şunlardır; Immunocapture PCR(IC-PCR), reverse transcriptase PCR (RT-PCR), RFLP ile RT-PCR, PCR-ELISA, print-capture PCR ve entegre RT-PCR/nested PCR [28, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67]. Antibodies: 5B-IVIA [30] PPV için evrensel antibodidir. PPV-D ve PPV-M [30, 68] ile PPV-C ve PPV-EA [68, 69, 70, 71] hatlarına spesifik antibodiler piyasada mevcuttur. Clark ve Adams (1977) PPV için spesifik ELISA testini geliştirmiştir [72]. Moleküler olarak ta PPV kılıf proteinin karboksil ucunu amplifike edecek primerler ve yöntemler geliştirilmiştir. Amplifike olan ürünün sekanslanması [73, 74] ve yahut PCR ile direkt amplifikasyonu sonuçlarına göre PPV-D ve PPV-M ırkının varlığı test edilmiştir [73].

Yapılan testleme çalışmaları kayısı ve erikte sınırlı sayıda dayanıklılık kaynağının olduğunu [75], şeftali de ise dayanıklılık kaynağının bulunmadığını [76] göstermektedir. Kayısı dayanıklılık çalışmalarıyla Avrupa çeşitlerinin Şarka Hastalığı'na dayanıksız olduğu belirlenmiştir [77, 78]. Yapılan bir çalışmada Hacıhaliloğlu dâhil Türkiye kayısılarının 7 tanesinin ve 5 erik çeşidinin PPV'ye dayanıksız olduğu belirlenmiştir [79]. Kuzey Amerika kayısı çeşitlerinden "Goldrich", "Harlayne", "Stark Early Orange", "Stella" ve "Harcot" dayanıklı oldukları belirlenen ve üzerine yoğun olarak çalışılan çeşitlerdir. Akrabalık çalışmaları Kuzey Amerika'ya dayanıklılığın Orta Asyadan taşındığını göstermektedir [9, 80, 81]. Günümüzde yapılan birçok kayısı ıslah ve genetik çalışmasında, bu beş dayanıklı çeşit melezlemelerde ebeveyn olarak kullanılmakta ve ekonomik öneme sahip önemli kayısı çeşitlerine dayanıklılık aktarılmaya çalışılmaktadır. Kegler ve ark., (1998) 50 yıl süre ile Prunus familyasında yapılan 280 Şarka'ya dayanıklılık çalışmasını hazırladıkları derlemelerinde tartışmışlardır [26]. Martinez-Gomez ve Dicente, (2000) kayısıda yapılan dayanıklılık çalışmalarını özetleyerek kayısıda

tip ve çeşitlerin Şarka'ya dayanıklılık durumlarını listelemişlerdir [75]. 1980'lerden itibaren çeşitli Avrupa ülkelerinde melezleme yoluyla yeni çeşitlerin geliştirilmesine yönelik ıslah çalışmaları başlatılmıştır. Bu çalışmalarda dayanıklılık lokuslarının ekonomik önemi olan çeşitlere aktarılması amaçlanmıştır. İspanya [82, 83, 84], Yunanistan [85, 86], Fransa [55], İtalya [87] ve Çek Cumhuriyeti [88] kayısı ıslah çalışmalarının yürütüldüğü başlıca ülkelerdir. Bu çalışmalar sonucunda Yunanistan'da 'Lito' ve 'Pandora', Fransa'da 'Avilara', Çek Cumhuriyeti'nde 'Leronda' geliştirilmiştir. ABD'de son otuz yılda ıslah çalışmaları sonucunda 50 yeni çeşit piyasaya sürülmüştür. Bu çeşitler geliştirilirken PPV dayanıklılığı göz önünde bulundurulmamış ise de, hali hazırda PPV Amerika'da eradike edilmiştir ve Amerika kayısı ıslahında bundan sonraki birincil hedef, geliştirilen yeni çeşitlerin PPV'ye dayanıklı olmasıdır [89].

Moleküler haritalarda kullanılan SSR primerleri

Dayanıklılığın genetiğini anlamaya yönelik çalışmalar doksanlar ve ikibinlerde yapılmıştır. Segregasyon popülasyonları oluşturulmuş, moleküler marköler ile dayanıklılık geninin melez popülasyona aktarımı birlikte analiz edilmiştir.

İlk moleküler çalışmalarda RAPD (Random Amplification of Polymorphic DNA) ve AFLP ([Amplified Fragment Length Polymorphism](#)) kullanılmış [90] ise de SSR (Simple Sequence Repeats) primelerinin geliştirilmesiyle, çalışmalara bu primerler hakim olmuştur. 1-6 tekrarlanabilir bölgeden oluşan SSR lokusları, kaynaklarına göre genomik ve EST (cDNA veya işlevsel) olarak ikiye ayrılırlar. EST markırlar genlerden geliştirildikleri için, bunların çeşit ve türler arası aktarımları daha yüksek oranda olur. Ayrıca önemli karakterleri kodlayan genlerin bulunmasında EST-SSR'ların kullanılması başarı şansını artırır. EST-SSR'lar cDNA kütüphaneler kurulduktan sonra cDNA parçacıklarının sekanslanmasıyla keşfedilmektedir. SSR primerlerinin taksonlar arası korunduğu [102] ve türler arası amplifikasyonu [92, 105, 110, 111, 112] bilinmektedir. Prunuslarda SSR hangi türde olursa olsun bir defa geliştirildikten sonra diğer türlerde de kullanılabilir. Şeftali primerlerinin kayısıya transferi % 50-60 oranındadır [9, 110]. 360 üzerinde Prunus türlerine özgü SSR primeri geliştirilmiştir. Bunların birçoğu dayanıklılık genini bulmak için yapılan kayısı genetik haritalarında kullanılmıştır. Prunus türlerinde geliştirilen primerler Çizelge 1'de özetlenmiştir. Şeftalide [92, 94, 99, 100, 105, 110, 113, 114], kiraz ve vişnede [96, 104, 105, 111]; bademde [93, 109, 113] ve erikte de [95] SSR primerleri geliştirip yayınlanmıştır.

Tablo 1. Kayısıda Şarka'ya dayanıklılık çalışmalarında kullanılan SSR primerleri

Primerin adı	Tür	SSR kaynağı	SSR sayısı	Kaynak
AMPA	<i>P. armeniaca</i>	Genomik	13	[91]
AMPA	<i>P. armeniaca</i>	cDNA	8	[91]
BPPCT	<i>P. persica</i>	Genomik	39	[92]
CPDCT	<i>P. dulcis</i>	Genomik	22	[93]
CPPCT	<i>P. persica</i>	Genomik	27	[94]
CPSCT	<i>P. salicina</i>	Genomik	24	[95]
EMPA	<i>P. avium</i>	Genomik	11	[96]
EMPaS	<i>P. avium</i>	Genomik	7	[97]
EPPB	<i>P. persica</i>	cDNA	16	[98]
EPPCU	<i>P. persica</i>	cDNA	6	[99]
M	<i>P. persica</i>	cDNA	9	[100]
MA	<i>P. persica</i>	cDNA	44	[100]
MD	<i>P. persica</i>	cDNA	5	[101]
PacC25	<i>P. armeniaca</i>	cDNA	10	[102]
PaCITA	<i>P. armeniaca</i>	Genomik	21	[103]
Pce	<i>P. cerasus</i>	Genomik	7	[104]
Pchems	<i>P. persica</i>	cDNA	3	[105]
Pchems	<i>P. persica</i>	Genomik	12	[105]
PMS	<i>P. avium</i>	Genomik	8	[104]
PS	<i>P. cerasus</i>	Genomik	5	[104]
UCD-CH	<i>P. avium</i>	Genomik	5	[106]
UDA	<i>P. dulcis</i>	Genomik	29	[107]
Aprigms	<i>P. armeniaca</i>	Genomik	10	[108]
UDAp	<i>P. armeniaca</i>	Genomik	20	[109]
TOPLAM			348	

Şarka'ya Dayanıklılık Kaynakları ve Moleküler Genetiği

Kuzey Amerika kayısı çeşitlerinden 10'un üzerinde dayanıklı kayısı çeşidinin olduğu belirtirse de [75] ıslah ve genetik çalışmalarda "Goldrich", "Harlayne", "Stark Early Orange", "Stella" ve "Harcot" yaygın olarak kullanılmaktadır.

"Stark Early Orange" (SEO) dayanıklılık kaynağı olarak fazlasıyla çalışılan bir çeşittir. Dayanıklı olduğu ilk defa 1980'de rapor edilmiştir [115]. Çeşitli çalışmalar bu çeşidin hem M hem de D ırkına dayanıklı olduğunu kesinleştirmiştir [116, 117, 118, 119, 120]. Bu duruma karşın, dayanıklılığının genetik mekanizması halen netleşmemiştir. Dosba ve ark., (1991) Screara x SEO melezi 76 bitkide dayanıklılığın 3:1 hassas/dayanıklı oranında görüldüğünü bu nedenle SEO dayanıklılığının iki genle kontrol edildiğini bildirmiştir [116]. Lambert ve ark. (2007), 76 F₁ meleziyle yaptıkları çalışmada 1:1 dağılımı ile uyumlu olarak %58.8 oranında dayanıklılık bulmuşlardır [121]. Bir yıl sonra Karayiannis ve ark. (2008), benzer segregasyon oranı bularak, dayanıklılığın dominant heterozigot bir lokus ile kontrol edildiğini belirtmişlerdir [118]. F₂ ve BC₁ (back cross-geriye melezleme) populasyonu kullanarak yapılan çalışmalar da dayanıklılığın dominant tek gen ile kontrol edildiği görüşünü desteklememiştir. Vilanova ve ark. (2003) tarafından F₂ populasyonu kullanarak bir SEO melezi olan Lito çeşidi kendilenmiş ve melez populasyonda 46 dayanıklı ve 30 hassas bitki oranı bulunmuştur. Bu sonuçlar tek dominant gen oranından (3:1) oldukça sapmaktadır [122]. Lalli ve ark. (2008) BC₁ populasyonunda dayanıklılığı test etmişlerdir. SEO ile SEO melezi olan LE-3218 (SEO x Vestar) melezlenmiş ve bu BC₁ populasyonun da 13 dayanıklı 76 hassas bulunmuştur. Bu sonuçlar da aynı şekilde dayanıklılığın bir tek lokusla kontrol edildiği görüşüyle uyumsuzdur [123]. Son yıllarda yapılan yine iki Lito F₁ populasyonu çalışması da Lito çeşidinde, SEO dayanıklılığının 1:1 oranında aktarılamadığı rapor edilmiştir [124, 125].

'Goldrich' çeşidi Dicenta ve ark. (2000)'nın iki melez populasyonunda resiprokal olarak kullanılmıştır. Araştırmacılar, Goldrich çeşidinde PPV-D'ye karşı dayanıklılığın dominant tek genle kontrol edildiğini, Goldrich'in bu lokusta heterozigot olduğunu belirtmişlerdir [126]. Hurtado ve ark. (2002) ise Goldrich x Valenciano melezi populasyonunu yine PPV-D'ye karşı test etmişler ve 21 dayanıklı, 60 hassas F₁ birey gözlemlemişlerdir [90]. Soriano ve ark. (2008), Goldrich çeşidini kullanarak ürettikleri iki F₁ populasyonunda Goldrich dayanıklılık lokusunun tek dominant genle açıklanamayacağını belirtmişlerdir. Çalışmada Goldrich x Currot F₁ bitkileri 21/60 oranında dayanıklı/hassas bulunmuştur. Goldrich x Canino ile melezlemesinde oluşan bir başka F₁ populasyonunda ise bu değer 28/143 olarak bulunmuştur [124].

'Harcot' çeşidi Dondini ve ark. (2011) tarafından çalışılmıştır. 98 F₁ populasyonu ile yürütülen çalışmada, F₁ bireyler % 80 oranında hastalığa hassas bulunmuş, dolayısıyla tek gen hipotezi bu çeşitte de desteklenmemiştir [125].

'Harlayne' PPV-M [117, 118, 127] ve PPV-D'ye [120, 128] karşı test edilmiş ve oldukça dayanıklı bulunmuştur. Karayiannis ve ark. (2008) M ırkı testlerinde 'Harlayne' dayanıklılığının dominant heterozigot bir lokus olduğunu belirtmişlerdir [118]. Pilarova ve ark., (2010) 'Harlayne'

çeşidini anne ebeveyn ve dayanıksız Vestar çeşidini baba ebeveyn olarak kullandıkları melezle populasyonunda 61 F₁ bitkisinin, %23.1 oranında M ırkına, %45.7 oranında D ırkına dayanıklı olduğunu belirtmişlerdir [129].

Bu konudaki en ilginç sonuçlar Marandel ve ark. (2009a)'nın, 147 F₁ bitkisiyle yürüttükleri çalışmadan gelmiştir. Araştırmacılar, %5-%39 oranlarında etkili olan dört QTL bölgesinin Harlayne dayanıklılığını kontrol ettiğini rapor etmişlerdir [130].

'Stella' çeşidinde dayanıklılığın kontrolünün, bu konuda çalışılan diğer 4 çeşitten farklı olarak, dominant homozigot karakterde olduğu Dicenta ve Audergon (1998) tarafından belirtilmiştir [131]. Aynı şekilde Karayiannis ve ark., (2008) da Stella'nın dayanıksız Bebeco çeşidi ile resiprokal melezlerinin yüzde yüz dayanıklı olduğunu bulmuşlardır [118].

Yapılan çalışmalar özetlenecek olursa bazı araştırmacılar dayanıklılığın bir tek genle kontrol edildiğini belirtmektedir [118, 126, 131, 132, 133]. Bununla beraber bazı araştırmacılar ise 2 genle [54, 116, 133, 134, 135] ve bir kısım araştırmacılar ise 3 gen ile [133, 136, 137] kontrol edildiğini gösteren çalışmalar ortaya koymuşlardır. Kayısıda dayanıklılık lokuslarının bulunduğu genetik bağlantı grupları ve grupları destekleyen moleküler çalışmalar Çizelge 2'de verilmiştir.

Prunus davidiana'dan gelen dayanıklılık çalışmaları hastalığın genetik kontrolünü daha karmaşık bir noktaya getirmiş, birçok dayanıklılık lokusu olduğunu göstermiştir [139, 140]. Dayanıklılığın genetik mekanizması ve dayanıklılığı kontrol eden lokusların sayısı tartışmalı da olsa, kayısı genomu birinci bağlantı grubunun üst kısmındaki bir major lokusun dayanıklılıkta oldukça etkili olduğunda fikir birliği söz konusudur. Ayrıca kayısıda dayanıklılık lokuslarını bulmaya yönelik yapılan çalışmalar Çizelge 3'de özetlenmiştir. İlk defa dayanıklılık lokusu Goldrich x Valenciano [90] Bağlantı Grubu 1 üzerine haritalanmıştır. Goldrich'in PPV-D'ye tolerant olduğu, Valenciano'nun ise dayanıksız olduğu bilinmektedir [75, 126]. Aynı sonuçlar daha sonra Goldrich x Currot F₁ populasyonu ile da onaylanmıştır (Soriano ve ark., 2008) [124]. Detaylı bir çalışmada Soriano ve ark. (2008), iki Goldrich ve iki Lito çaprazından elde edilen 4 populasyonda çalışmışlardır [124].

Tablo 2. Kayısıda dayanıklılık lokusları için önerilen bağlantı grupları

Grup1 Destekleyen Çalışmalar	Grup 2 Destekleyen Çalışmalar	Grup 3 Destekleyen Çalışmalar
[80]		
[90]		
[121]		
[123]		
[124]	[121]	[121]
[125]	[130]	[129]
[129]		
[130]		
[138]		

F₁ ve F₂ populasyonlarında gözlenen değerlerin beklenen değerlerden (F₁'de 1:1 ve F₂'de 3:1) istatistiki olarak saptığını, dayanıklılığın iki bağımsız lokus tarafından kontrol edildiğini belirtmişlerdir. Bunların beraber çalışmada Goldrich x Canino

populasyonundaki açılım değerleri 3 gen modeliyle açıklanmıştır. SEO'dan geliştirilen F₁ ve F₂ populasyonları üzerinde [142] ve SEO çaprazı olan Lito'da [122, 124] yapılan çalışmalar sonucunda BG1 ve BG5'de minor QTL'ler rapor edilmiştir [121]. BG1'deki major QTL başka çalışmaları da kesinleştirilmiştir [123, 138]. Minor dayanıklılık lokuslarının BG3 [121, 130] ve BG5'de yer aldığı rapor edilmiştir [121, 129]. Marandel ve ark. (2009a, 2009b) yaptıkları detaylı çalışmada QTL meta-analizi yaparak daha önceden yayınlanan 6 çalışmayı birleştirerek BG1 ve BG3 üzerinde 4 bölge tespit etmişlerdir [130, 139]. Görüldüğü üzere bu çalışmalar sonucunda dayanıklılık lokusunun ve dayanımının mekanizması tartışmalıdır [140]. BG1 lokusunu belirleyebilmek için var olan BAC (Bacterial Artificial Chromosome) kütüphanesi [122]

kullanılarak BG1 sekanslanmış, oluşturulan BAC kütüphanesinden DNA parçalarından SSR markırlar geliştirilmiştir [108]. İki SSR markırının ('ssrPACITA5' ve 'ssrPACITA17') markır destekli seleksiyon çalışmalarında (MAS) kullanılabilmesi belirlenmiştir [124]. Sicard ve ark., (2008) bu iki SSR markıra ilave yeni markırlar da belirlemişlerdir. Primerler geliştirilmesine rağmen henüz major gen keşfedilememiştir. Yeterli markırlarla doyurucu ve iyi (fine mapping) haritaların kurulmaması nedeniyle bu gene ulaşılamamaktadır [138]. Daha fazla moleküler markırların geliştirilmesi ve doymuş haritaların (saturated maps) yapılması [138] için dayanıklılık gen veya genleriyle yüzde yüz tam bağlantı (co-segregation) gösteren markırlar bulunmalı ve daha sonra genler izole edilmeli, karakterizasyonu tamamlandıktan sonra dayanıklılık mekanizması netleştirilmelidir.

Popula.	Ebeveyn	Kaynak	İrk	1	Anaç	Yöntem	2	BG	Literatür
118-F1	Lito x BO81604311	SEO	D, M	5	Myro 29 C GF-305	ELISA	3	1 a	[125]*
20-F1	Lito x BO81604311	SEO	D, M	5	Myro 29 C GF-305	ELISA	2	1 a	[125]
98-F1	Harcot x R. D'Imola	Harcot	D, M	5	Myro 29 C GF-305	ELISA	3	1 a	[125]
65-F1	Harlayne x Vestar	Harlayne	D, M	4	Çöğür	DASI-ELISA	2	1,5	[129]
107-F1	Harlayne x Marlen	Harlayne	Rec	-	-	ELISA	5	1,3	[130]
81-F1	Goldrich x Currot	Goldrich	D	12	GF-305	DASI-ELISA		1	[124]
81-F2	Lito x L-98	SEO	D	12	GF-305	DASI-ELISA		1	[124]
249-F2	L x L-00	SEO	D	12	GF-305	DASI-ELISA		1	[124]
171-F1	Goldrich x Canino	Goldrich	D	12	GF-305	DASI-ELISA		1	[124]
67-BC1	SEO x LE-3218	SEO	M	-	-	ELISA 2	5	1	[123]
81-F1	Goldrich x Currot	Goldrich	-	-	-	-	-	1 a	[138]
220-F1	Polonais x SEO	SEO	-	-	-	-	-	1 a	[138]
220-F1	Polonais x SEO	SEO	D	3	GF-305	DASI-ELISA	2	1,3,5	[121]
76-F2	Lito x Lito	SEO	D		GF-305	DASI-ELISA, RT-PCR		1	[122]
81-F1	Goldrich x Valenciano	Goldrich	D	6	GF-305	DASI-ELISA, RT-PCR	1-2	1	[90]

1: Tekerrür sayısı, 2: Fenotipik gözlem süresi (yıl), a: Sadece Bağlantı Grubu 1 çalışmıştır.

*: Bu çalışmada Hurtado ve ark., (2002)'nin oluşturduğu populasyona yeni markırlar eklenmiştir.

SONUÇ

Kayısıda Şarka Hastalığına dayanıklılığın genetiği ve moleküler mekanizması; a) moleküler primerlerin geliştirilmesi, b) segregasyon populasyonlarının oluşturulması, c) genetik haritaların yapılması, d) dayanıklı çeşit ve tiplerin orijinlerinin moleküler markırlarla belirlenmesi üzerinden yürütülmektedir. Dayanıklı donör ebeveynlerle dayanıksız ebeveynlerin melezlenmesinden oluşan segregasyon populasyonlarında, dayanıklılık melez bitkilerde biyolojik ve serolojik yöntemlerle belirlenmeli ve aktarım oranlarının Mendelyan ve Non-mendelyan hipotezlerle sınanması suretiyle dayanıklılığın genetiği belirlenmektedir. Fenotipik gözlemler gibi moleküler markırlarında melez bitkilerde dağılımının belirlenmesi ve uygun yazılımlarla genetik haritaların kurulması kayısıda dayanıklılığın moleküler mekanizması çalışmalarını oluşturmaktadır. Yapılan iki çalışma Stella dayanıklılığının yüzde yüz melez bitkilere geçtiğini göstermektedir. Stella dışında dayanıklı kayısı çeşitlerinde yapılan segregasyon çalışmalarının bir kısmı dayanıklılığın tek lokusla, bir kısmı iki veya daha fazla lokusla kontrol edildiğini rapor etmiştir. Birbiriyle çelişen sonuçlar rapor edilse de, BG1'in üst kısmında yer alan bir lokusun dayanıklılığın %70'inden sorumlu olduğu, 3. ve 5. bağlantı gruplarında da minör lokusların yer aldığı genel kanıdır. Kayısıda BAC

kütüphaneler kurulmuş ise de doymuş genetik haritaların mevcut olmaması nedeniyle bu gene ulaşılamamıştır. Dayanıklılık lokusuyla birlikte aktarılan yeni dayanıklılık geni ile yüzde yüz bağlantılı markırların bulunması genin izolasyonunda ve ıslah çalışmalarında önemli olacaktır.

Kaynaklar

- Lopez-Moya, J., Fernandez-Fernandez, M., Cambra, M., Garcia, J., Biotechnological aspects of plum pox virus, J. Biotechnol., 76, 121-136, 2000.
- Cambra, M., Capote, N., Myrta, A., Llacer, G., Plum pox virus and the estimated costs associated with sharka disease, EPPO Bulletin, 36, 202-204, 2006.
- Atanasoff, Jahrbuch Universität Sofia, Agronomische Fakultät 11, 49, 1932.
- Halbrendt, J., The PPV success story and how to maintain our quarantine-free status, Fruit Times, 29: 1-2, 2010.
- Rubio, M., Garcia-Ibarra A., Dicenta, F., Martinez-Gomez, P., Plum pox virus (sharka) sensitivity in Prunus salicina and Prunus cerasifera cultivars against a Dideron-type isolate, Plant Breeding 130, 283-286, 2011.
- Mehlenbacher, S.A., Cociu, V., Hough, L.F., Apricots (Prunus). In: Moore N.J., Balington R.J. (eds), Genetic Resources of Temperate Fruit and Nut Crops I, Wageningen,

- ISHS: 65–107, 1991.
7. FAO, 2010. FAO Statistics, www.fao.org
 8. FAO, 2008. FAO Statistics, www.fao.org
 9. Zhebentyayeva, T.N., Reighard, G.L., Gorina, V.M., Abbott, A.G., Microsatellite (SSR) analysis for assessment of genetic variability in apricot, *Theor. Appl. Genet.*, 106, 435-444, 2003.
 10. Yılmaz, K.U., Gurcan, K., Genetic Diversity in Apricot, In: *Genetic Diversity in Plants* (ed: M. Caliskan), pp: 249-270, InTech, Rijeka, Croatia, 2012.
 11. Yezhov, V.N., Smykov, A.V., Smykov, V.K., Khokhlov, S.Y., Zurov, D.E., Mehlenbacher, S.A., Molnar, T.J., Goffreda, J.C., Funk, C.R., Genetic resources of temperate and subtropical fruit and nut species at the Nikita Botanical Gardens, *Hortscience*, 40, 5-9, 2005.
 12. Llacer, G., Cambra, M., Lavina, A., Arambur, J., Investigations on plum pox (sharka) virus in Spain, *Acta Horticulturae*, 193, 155–159, 1986.
 13. Louro, D., Corvo, L.M., Occurrence of Sharka in Portugal, *Acta Horticulturae*, 193, 183–186, 1986.
 14. Mazayad, H.M., Nakhla, M.K., Abo-Elea, A., Occurrence of plum pox (Sharka) virus in stone fruit trees in Egypt, *Acta Horticulturae*, 309, 119–124, 1992.
 15. Rosales, M., Hinrichsen, P., Herrera, G., Molecular characterization of plum pox virus isolated from apricots, plums and peaches in Chile, *Acta Horticulturae*, 472, 401–405, 1998.
 16. Thompson, D., McCann, M., MacLeod, M., Lye, D., Green, M., James, D., First report of plum pox potyvirus in Canada, *Plant Dis.*, 85(1), 97, 2001.
 17. Levy, L., Damsteegt, V., Welliver R., First report of plum pox virus (sharka disease) in *Prunus persica* in the United States, *Plant Dis.*, 84, 202, 2000.
 18. Maejima, K., Hoshi, H., Hashimoto, M., Himeno, M., Kawanishi, T., Komatsu, K., Yamaji, Y., Hamamoto, H., Namba, S., First report of plum pox virus infecting Japanese apricot (*Prunus mume* Sieb. et Zucc.) in Japan, *J. Gen. Plant. Pathol.*, 76, 229–231, 2010.
 19. Elibuyuk, I.O., Natural spread of Plum pox virus in Ankara, Turkey, *J. Phytopathol.*, 151, 617–619, 2003.
 20. Sertkaya, G., Ulubas, C., Caglayan, K., Detection and characterisation of Plum pox virus (PPV) by DAS-ELISA and RT-PCR/RFLP analysis in Turkey, *Turk. J. Agric. For.*, 27, 213–220, 2003.
 21. Elibuyuk, I.O., Detection of Plum Pox Virus in ornamental *Prunus cerasifera*, *Phytoparasitica*, 34, 347–352, 2006.
 22. Ulubaş Serçe Ç, Gazel M, Çağlayan K, Plum pox virus streynlerinin Türkiye'deki Dağılımı (Distribution of Plum pox virus strains in Turkey), *Türkiye IV. Bitki Koruma Kongresi Bildirileri, Kahramanmaraş s. 72*, 2011.
 23. Akbaş, B., Değirmenci, K., Çiftçi, O., Kaya, A., Yurtmen, M., Uzunoğulları, N., Çelik, N., Türkölmez, Ş., Update on *Plum pox virus* distribution in Turkey, *Phytopathol. Mediterr.*, 50, 75–83, 2011.
 24. Isac, M., Preda, M., Marcu, M., Aphid species-vectors of plum pox virus, *Acta Virologica*, 42, 233–234, 1998.
 25. Gildow, F., Damsteegt, V., Stone, A., Schneider, W., Luster, D., Levy, L., Plum pox in North America: identification of aphid vectors and a potential role for fruit in virus spread, *Phytopathology*, 94, 868–874, 2004.
 26. Kegler, H., Fuchs, E., Grüntzig, M., Schwarz, S., Some results of 50 years of research on the resistance to plum pox virus, *Acta Virol.*, 42, 200-215, 1998.
 27. Varveri, C., Ravelonandro, M., Dunez, J., Construction and use of a cloned cDNA probe for the detection of plum pox virus in plants, *Phytopathology*, 77, 1221–1224, 1987.
 28. Wetzel, T., Candresse, T., Ravelonandro, M., Dunez, J., A polymerase chain reaction adapted to Plum pox potyvirus detection, *Journal of Virological Methods*, 33, 355-365, 1991.
 29. Asensio, M., Gorris, M., Sanz, A., Corbonell, E., Cambra, M., Characterization and detection of *Plum pox virus* using monoclonal antibodies, *Acta Hort.*, 386, 354–356, 1994.
 30. Cambra, M., Asensio, M., Gorris, M.T., Perez, E., Camarasa, E., Garcia, J.A., Moya, J.J., Lopez-Aballa, D., Vela, C., Sanz, A., Detection of *Plum pox potyvirus* using monoclonal antibodies to structural and non-structural proteins, *EPPO Bull.*, 24, 569-577, 1994.
 31. Candresse, T., Cambra, M., Dallot, S., Lanneau, M., Asensio, M., Gorris, M.T., Revers, F., Macquaire, G., Olmos, A., Boscia, D., Quiot, J.B., Dunez, J., Comparison of monoclonal antibodies and polymerase chain reaction assays for the typing of isolates belonging to the D and M serotypes of Plum pox potyvirus, *Phytopathology*, 88, 198-204, 1998.
 32. Schneider, W.L., Sherman, D.J., Stone, A.L., Damsteegt, V.D., Frederick, R.D., Specific detection and quantification of plum pox virus by real-time fluorescent reverse transcription-PCR, *J. Virol. Methods*, 120, 97–105, 2004.
 33. Glasa, M., Palkovics, L., Komínek, P., Labonne, G., Pittnerová, S., Kúdela, O., Candresse, T., Šubr, Z., Geographically and temporally distant natural recombinant isolates of plum pox virus (PPV) are genetically very similar and form a unique PPV subgroup, *J. Genet. Virol.*, 85, 2671–2681, 2004.
 34. James, D., Varga, A., Nucleotide sequence analysis of Plum pox virus isolate W3174: Evidence of a new strain, *Virus Research*, 110, 143–150, 2005.
 35. Myrta, A., Varga, A., James, D., The complete genome sequence of an El Amar isolate of plum pox virus (PPV) and its phylogenetic relationship to other PPV strains, *Archives of Virology*, 151, 1189–1198, 2006.
 36. Nemchinov, L., Hadidi, A., Maiss, E., Cambra, M., Candresse, T., Damsteegt, V., Sour cherry strain of plum pox potyvirus (PPV): molecular and serological evidence for a new subgroup of PPV strains, *Phytopathology*, 86, 1215–1221, 1996.
 37. Palkovics, L., Burgyán, J., Balázs, E., Comparative sequence analysis of four complete primary structures of plum pox virus strains, *Virus Genes*, 7, 339–347, 1993.
 38. Serce, C.U., Candresse, T., Svanella-Dumas, L., Krizbai, L., Gazel, M., Caglayan, K., Further characterization of a new recombinant group of Plum pox virus isolates, PPV-T, found in orchards in the Ankara province of Turkey, *Virus Res.*, 142, 121–126, 2009.
 39. Németh, M., History and importance of plum pox in stone-fruit production, *EPPO Bulletin*, 24, 525-537, 1994.
 40. Candresse, T., Cambra, M., Causal agent of sharka disease: historical perspective and current status of Plum pox virus strains, *Bulletin OEPP/EPPO*, 36, 239–246, 2006.
 41. Salvador, B., Delgadillo, M.O., Saéñz, P., García, J.A., Simón-Mateo, C., Identification of Plum pox virus pathogenicity determinants in herbaceous and woody hosts, *Mol. Plant-Microbe Interact.*, 21, 20-29, 2008.

42. Lain, S., Riechmann, J.L., García, J.A., The complete nucleotide sequence of plum pox potyvirus RNA, *Virus Research*, 13, 157–172, 1989.
43. Maiss, E., Timpe, U., Briske, A., Jelkmann, W., Casper, R., Himmler, G., Mattanovich, D., Katinger, H.W.D., The complete nucleotide sequence of plum pox virus RNA, *Journal of General Virology*, 70, 513–524, 1989.
44. Teycheney, P.Y., Tavert, G., Delbos, R., Ravelonandro, M., Dunez, J., The complete nucleotide sequence of plum pox virus RNA (strain D), *Nucleic Acids Research*, 17, 10115–10116, 1989.
45. Sáenz, P., Cervera, M.T., Dallot, S., Quiot, L., Quiot, J.B., Riechmann, J.L., García, J.A., Identification of a pathogenicity determinant of Plum pox virus in the sequence encoding the C-terminal region of protein P3+6K1, *Journal of General Virology*, 81, 557–566, 2000.
46. Fanigliulo, A., Comes, S., Maiss, E., Piazzolla, P., Crescenzi, A., The complete nucleotide sequence of Plum pox virus isolates from sweet (PPV-SwC) and sour (PPV-SoC) cherry and their taxonomic relationships within the species, *Archives of Virology*, 148, 2137–2153, 2003.
47. Elibuyuk, I.O., Current situation of Sharka disease in Ankara, Turkey, *Phytoparasitica*, 32, 417–420, 2004.
48. Candresse, T., Svanella-Dumas, L., Caglayan, K., Cevik, B., First report of the presence of Plum pox virus Rec strain in Turkey, *Plant Disease*, 91(3), 331, 2007.
49. Koç, G., Baloğlu, S., First report of sharka in the Çukurova region of Turkey, *Journal of Plant Pathology*, 88(3 suppl.), s68, 2006.
50. Gumus, M., Paylan, I.C., Matic, S., Myrta, A., Sipahioglu, H.M., Erkan, S., Occurrence and distribution of stone fruit viruses and viroids in commercial plantings of Prunus species in western Anatolia, Turkey, *Journal of Plant Pathology*, 89, 265–268, 2007.
51. Rankovic, M., Sutic, D., Investigation of peach as a host of sharka (plum pox) virus, *Acta Phytopathol. Acad. Scie. Hung.*, 15, 201-205, 1980.
52. Audergon, J.M., Morvan, G., A rapid method for assessing the sensitivity of apricot to plum pox virus, In: *Proceedings of the XXIII International Horticultural Congress*, Florence, Italy, p.46, 1990.
53. Martinez-Gomez, P., Dicenta, F., Evaluation of resistance to sharka in the breeding apricot program in CEBAS-CSIC in Murcia (Spain), *Acta Horticulturae*, 488, 731-736, 1999.
54. Moustafa, T.A., Badenes, M.L., Martinez-Calvo, J., Llacer, G., Determination of resistance to sharka (plum pox) virus in apricot, *Sci. Hort.*, 91, 57–70, 2001.
55. Audergon, J.M., Dosba, F., Karayiannis, I., Dicenta, F., Amélioration de l'abricotier pour la résistance à la sharka, *EPPO Bul*, 24, 741–748, 1994.
56. Wetzel, T., Candresse, T., Macquaire, G., Ravelonandro, M., Dunez, J., A highly sensitive immunocapture polymerase chain reaction method for Plum pox potyvirus detection, *Journal of Virological Methods*, 39, 27-37, 1992.
57. Olmos, A., Angel Dasi, M., Candresse, T., Cambra, M., Print-capture PCR: a simple and highly sensitive method for the detection of Plum pox virus (PPV) in plant tissues, *Nucleic Acids Research*, 24(11), 2192-2193, 1996.
58. Olmos, A., Cambra, M., Dasi, M.A., Candresse, T., Esteban, O., Gorris, M.T., Asensio, M., Simultaneous detection and typing of Plum pox potyvirus (PPV) isolates by heminested-PCR and PCR-ELISA, *Journal of Virological Methods*, 68, 127-137, 1997.
59. Olmos, A., Cambra, M., Esteban, O., Teresa Gorris, M., Terrada, E., New device and method for capture, reverse transcription and nested PCR in a single closed-tube, *Nucleic Acids Research*, 27(6), 1564-1565, 1999.
60. Olmos, A., Bertolini, E., Capote, N., Cambra, M., An evidence-based approach to Plum poxvirus detection by DASI-ELISA and RT-PCR in dormant period, *Virology: Research and Treatment*, 1, 1-3, 2008.
61. Poggi Pollini, C., Giunchedi, L., Bissani, R., Specific detection of D- and M- isolates of Plum Pox Virus by immunoenzymatic determination of PCR products, *Journal of Virological Methods*, 67, 127-133, 1997.
62. Hammond, J., Puhlinger da Camara Machado, A., Laimer da Camara Machado, M., A broad-spectrum PCR assay combine with RFLP analysis for detection and differentiation of Plum pox virus isolates, *Acta Horticulturae*, 472, 483-490, 1998.
63. Nemchinov, L., Hadidi, A., Kolber, M., Nemeth, M., Molecular evidence for the occurrence of Plum Pox Virus – cherry subgroup in Hungary, *Acta Horticulturae*, 472, 503-510, 1998.
64. Stanilius, J., Stankiene, J., Sasnauskas, K., Dargeviciute, A., First report of sharka disease caused by Plum pox virus in Lithuania, *Plant Disease*, 82(12), 1405, 1998.
65. Szemes, M., Kalman, M., Myrta, A., Boscia, D., Nemeth, M., Kolber, M., Dorgai, L., Integrated RT-PCR/nested PCR diagnosis for differentiating between subgroups of Plum Pox Virus, *Journal of Virological Methods*, 92, 165-175, 2001.
66. Glasa, M., Paunovic, S., Jevremovic, D., Myrta, A., Pittnerova, S., Candresse, T., Analysis of recombinant Plum Pox Virus (PPV) isolates from Serbia confirms genetic homogeneity and supports a regional origin of the PPV-Rec subgroup, *Archives of Virology*, 150, 2051-2060, 2005.
67. Papayiannis, L.C., Kyriakou, A.B., Kapari-Isaia, T., Typing of Plum pox virus (PPV) strains in Cyprus, *Australasian Plant Disease Notes*, 2, 29-30, 2007.
68. Boscia, D., Zeramdini, H., Cambra, M., Potere, O., Gorris, M.T., Myrta, A., Di Terlizzi, B., Savino, V., Production of and characterization of a monoclonal antibody specific to the M serotype of Plum pox potyvirus, *Eur. J. Plant Pathol.*, 103, 477-480, 1997.
69. Crescenzi, A., d'Aquino, L., Nuzzaci, M., Ostuni, A., Bavoso, A., Comes, S., De Stradis, A., Piazzola, P., Production of strain specific antibodies against a synthetic polypeptide corresponding to the N-terminal region of the Plum Pox Potyvirus coat protein, *Journal of Virological Methods*, 69, 181-189, 1997.
70. Myrta, A., Potere, O., Boscia, D., Candresse, T., Cambra, M., Savino, V., Production of a monoclonal specific to the El Amar strain of Plum Pox Virus, *Acta Virologica*, 42, 248-250, 1998.
71. Myrta, A., Potere, O., Crescenzi, A., Nuzzaci, M., Boscia, D., Properties of two monoclonal antibodies specific to the cherry strain of Plum Pox Virus, *Journal of Plant Pathology*, 82(2), 95-101, 2000.
72. Clark, M.F., Adams, A.N., Characteristics of the microplate method of enzyme-linked immunosorbent assay for the detection of plant viruses, *J. Gen. Virol.*, 34, 475-483, 1977.
73. Candresse, T., Macquaire, G., Lanneau, M., Bousalem,

- M., Wetzel, T., Quiot-Douine, L., Quiot, J.B., Dunez, J., Detection of Plum pox potyvirus and analysis of its molecular variability using immunocapture-PCR, EPPO Bull., 24, 585-594, 1994.
74. Candresse, T., Macquaire, G., Lanne, M., Bousalem, M., Quiot-Douine, L., Quiot, J.B., Dunez, J., Analysis of Plum pox virus variability and development of strain-specific assays, Acta Horticulturae, 386, 357-369, 1995.
75. Martinez-Gomez, P., Dicenta, F., Evaluation of resistance of apricot cultivars to a Spanish isolate of plum pox potyvirus (PPV), Plant Breed., 119, 179-181, 2000.
76. Hartmann, W., Neumüller, M., Breeding for resistance: breeding for Plum pox virus resistant plums (*Prunus domestica* L.) in Germany, EPPO Bull., 36, 332-336, 2006.
77. Karayiannis, I., Susceptibility of apricots cultivars to plum pox virus in Greece, Acta Horticulturae, 235, 271-274, 1989.
78. Karayiannis, I., Reaction of apricot cultivars to plum pox virus infection, Acta Horticulturae, 384, 571-574, 1995.
79. Elibuyuk, I.O., Erdiller, G., The susceptibility of some apricot and plum varieties to Plum pox (Sharka) virus, Acta Horticulturae, 384, 549-552, 1995.
80. Zhebentyayeva, T.N., Reighard, G.L., Lalli, D., Gorina, V.M., Krška, B., Abbott, A.G., Origin of resistance to plum pox virus in apricot: what new AFLP and targeted SSR data analyses tell, Tree Genet. Genomes, 4, 403-417, 2008.
81. Pedryc, A., Ruthner, S., Herman, R., Krska, B., Hegedus, A., Halasz, J., Genetic diversity of apricot revealed by a set of SSR markers from linkage group G1, Sci. Horti., 121, 19-26, 2009.
82. Egea, J., Burgos, L., Martínez-Gómez, P., Dicenta, F., Apricot breeding for sharka resistance at the CEBAS-CSIC, Murcia (Spain), Acta Horticulturae, 488, 153-157, 1999.
83. Badanes, M.L., Llácer, G., Breeding for resistance: breeding for Plum pox virus resistant apricots (*Prunus armeniaca* L.) in Spain, Bulletin OEPP/EPPO, 36, 323-326, 2006.
84. Martinez-Calvo, J., Font, A., Llácer, G., Badenes, M.L., Apricot and peach breeding programs from the Ivia, Acta Horticulturae, 814, 185-188, 2009.
85. Karayiannis, I., Di Terlizzi, B., Audergon, J.M., Susceptibility of apricot cultivars to plum pox virus, Acta Horticulturae, 488, 753-759, 1999.
86. Karayiannis, I., Progress in apricot breeding for resistance to Sharka Disease (Plum Pox Virus, PPV) in Greece, Acta Horticulturae, 717, 93-96, 2006.
87. Bassi, D., Bellini, E., Guerriero, R., Monastra, F., Pennone, F., Apricot breeding in Italy, Acta Horticulturae, 384, 47-54, 1995.
88. Polák, J., Breeding to resistance to plum pox potyvirus in the Czech Republic, EPPO Bulletin, 24, 781-782, 1994.
89. Ledbetter, C.A., Apricot breeding in North America: Current status and future prospects, Acta Horticulturae, 862, 85-92, 2010.
90. Hurtado, M.A., Romero, C., Vilanova, S., Abbott, A.G., Llácer, G., Badenes, M.L., Genetic linkage maps of two apricot cultivars (*Prunus armeniaca* L.), and mapping of PPV (sharka) resistance, Theor. Appl. Genet., 105, 182-191, 2002.
91. Hagen, L.S., Chaib, J., Fady, B., Decroocq, V., Bouchet, J.P., Lambert, P., Audergon, J.M., Genomic and cDNA microsatellites from apricot (*Prunus armeniaca* L.), Mol. Ecol. Notes, 4, 742-745, 2004.
92. Dirlwanger, E., Cosson, P., Tavaud, M., Aranzana, M.J., Poizat, C., Zanetto, A., Arus, P., Laigret, F., Development of microsatellite markers in Peach [*Prunus persica* (L.) Batsch] and their use in genetic diversity analysis in peach and sweet cherry (*Prunus avium* L.), Theor. Appl. Genet., 105, 127-138, 2002.
93. Mnejja, M., Garcia-Mas, J., Howad, W., Arús, P., Development and transportability across *Prunus* species of 42 polymorphic almond microsatellites, Mol. Ecol. Notes., 5, 531-535, 2005.
94. Aranzana, M.J., Garcia-Mas, J., Carbó, J., Arús, P., Development and variability analysis of microsatellite markers in peach, Plant Breed., 121, 87-92, 2002.
95. Mnejja, M., Garcia-Mas, J., Howad, W., Badenes, M.L., Arús, P., Simple-sequence repeat (SSR) markers of Japanese plum (*Prunus salicina* Lindl.) are highly polymorphic and transferable to peach and almond, Mol. Ecol. Notes., 4, 163-166, 2004.
96. Clarke, J.B., Tobutt, K.R., Development and characterization of polymorphic microsatellites from *Prunus avium* 'Napoleon', Mol. Ecol. Notes, 3, 578-580, 2003.
97. Vaughan, S.P., Russell, K., Characterization of novel microsatellites and development of multiplex PCR for large-scale population studies in wild cherry, *Prunus avium*, Molecular Ecology Notes, 4, 429-431, 2004.
98. Dirlwanger, E., Cosson, P., Boudier, K., Renaud, C., Capdeville, G., Tauzin, Y., Laigret, F., Moing, A., Development of a second-generation genetic linkage map for peach [*Prunus persica* (L.) Batsch] and characterization of morphological traits affecting flower and fruit, Tree Genet. Genomes, 3, 1-13, 2006.
99. Howad, W., Yamamoto, T., Dirlwanger, E., Testolin, R., Cosson, P., Cipriani, G., Monforte, A.J., Georgi, L., Abbott, A.G., Arus, P., Mapping with a few plants, using selective mapping for microsatellite saturation of the *Prunus* reference map, Genetics, 171, 1305-1309, 2005.
100. Yamamoto, T., Mochida, K., Imai, T., Shi, Y.Z., Ogiwara, I., Hayashi, T., Microsatellite markers in peach [*Prunus persica* (L.) Batsch] derived from an enriched genomic and cDNA libraries, Mol. Ecol. Notes, 2, 298-301, 2002.
101. Yamamoto, T., Yamaguchi, M., Hayashi, T., An integrated genetic linkage map of peach by SSR, STS, AFLP and RAPD, J. Jpn. Soc. Hort. Sci., 74, 204-213, 2005.
102. Decroocq, V., Fav, M.G., Hagen, L., Bordenave, L., Decroocq, S., Development and transferability of apricot and grape EST microsatellite markers across taxa, Theor. Appl. Genet., 106, 912-922, 2003.
103. Lopes, M.S., Sefc, K.M., Laimer, M., Da Câmara, M.A., Identification of microsatellite loci in apricot, Mol. Ecol. Notes, 2, 24-26, 2002.
104. Cantini, C., Iezzoni, A.F., Lamboy, W.F., Boritzki, M., Struss, D., DNA fingerprinting of tetraploid cherry germplasm using SSRs, J. Am. Soc. Hort. Sci., 126, 205-209, 2001.
105. Sosinski, B., Gannavarapu, M., Hager, L.D., Beck, L.E., King, G.J., Ryder, C.D., Rajapakse, S., Baird, W.V., Ballard, R.E., Abbott, A.G., Characterization of microsatellite markers in peach (*Prunus persica* L. Batsch), Theor. Appl. Genet., 101, 421-428, 2000.
106. Struss, D., Ahmad, R., Southwick, S.M., Boritzki, M., Analysis of sweet cherry (*Prunus avium* L.) cultivars

- using SSR and AFLP markers, *J. Am. Soc. Hortic. Sci.*, 128, 904–909, 2003.
107. Testolin, R., Messina, R., Lain, O., Marrazzo, M.T., Huang, W.G., Cipriani, G., Microsatellites isolated in almond from an AC-repeat enriched library, *Mol. Ecol. Notes*, 4, 459–461, 2004.
 108. Vilanova, S., Soriano, J.M., Lalli, D.A., Romero, C., Abbott, A.G., Llácer, G., Badenes, M.L., Development of SSR markers located in the G1 linkage group of apricot (*Prunus armeniaca*) using a bacterial artificial chromosome library, *Mol. Ecol. Notes*, 6, 789–791, 2006.
 109. Messina, R., Lain, O., Marrazzo, M.T., Cipriani, G., Testolin, R., New set of microsatellite loci isolated in apricot, *Mol. Ecol. Notes*, 4, 432–434, 2004.
 110. Cipriani, G., Lot, G., Huang, W.G., Marrazzo, M.T., Peterlunger, M.T., Testolin, R., AC/GT and AG/CT microsatellite repeats in Peach [*Prunus persica* (L) Batsch]: isolation, characterization and cross-species amplification in *Prunus*, *Theor. Appl. Genet.*, 99, 65–72, 1999.
 111. Downey, L.D., Iezzoni, A.F., Polymorphic DNA markers in black cherry are identified using sequences from sweet cherry, peach and sour cherry, *J. Am. Soc. Hortic. Sci.*, 125, 76–80, 2000.
 112. Mnejja, M., Garcia-Mas, J., Audergon, J.M., Arús, P., *Prunus* microsatellite marker transferability across Rosaceous crops, *Tree Genet. Genomes*, 6, 689–700, 2010.
 113. Testolin, R., Marrazzo, T., Cipriani, G., Quarta, R., Verde, I., Dettori, M.T., Pancaldi, M., Sansavini, S., Microsatellite DNA in peach (*Prunus persica* L. Batsch) and its use in fingerprinting and testing the genetic origin of cultivars, *Genome*, 43, 512–520, 2000.
 114. Wang, Y., Georgi, L.L., Zhebentyayeva, N., Reighard, G.L., Scorza, R., Abbott, A.G., High-throughput targeted SSR marker development in peach (*Prunus persica*), *Genome*, 45, 319–328, 2002.
 115. Syrgannidis, G., Selection of two apricot varieties resistant to sharka virus, *Acta Phytopath. Scient. Hungaricae*, 15, 85–87, 1980.
 116. Dosba, F., Denise, F., Maison, P., Massonnie, G., Audergon, J.M., Plum pox virus resistance of apricot, *Acta Horticulturae*, 293, 569–579, 1991.
 117. Karayiannis, I., Mainou, A., Tsiftaris, A., Apricot breeding in Greece for fruit quality and resistance to plum pox virus, *Acta Horticulturae*, 488, 111–117, 1999.
 118. Karayiannis, I., Thomidis, T., Tsiftaris, A., Inheritance of resistance to Plum Pox Virus in apricot (*Prunus armeniaca* L.), *Tree Genet. Genomes*, 4, 143–148, 2008.
 119. Fuchs, E., Grüntzig, M., Ernst, I., Kegler, H., Comparison of apricot genotypes with different resistance level to plum pox virus (PPV), *Acta Horticulturae*, 550, 103–106, 2001.
 120. Martínez-Gómez, P., Dicenta, F., Egea, J., Effect of a traditional control method on the spread of sharka in an apricot orchard in Spain, *Phytopathol. Mediterr.*, 42, 161–166, 2003.
 121. Lambert, P., Dicenta, F., Rubio, M., Audergon, J.M., QTL analysis of resistance to sharka disease in the apricot (*Prunus armeniaca* L.) ‘Polonais’, ‘Stark Early Orange’ F1 progeny, *Tree Genet. Genomes*, 3, 299–309, 2007.
 122. Vilanova, S., Romero, C., Abbott, A.G., Llácer, G., Badenes, M.L., An apricot F2 progeny linkage map based on SSR and AFLP markers, mapping PPV resistance and self-incompatibility traits, *Theor. Appl. Genet.*, 107, 239–247, 2003.
 123. Lalli, D.A., Abbott, A.G., Zhebentyayeva, T.N., Badenes, M.L., Damsteegt, V., Polák, J., Krska, B., Salava, J., A genetic linkage map for an apricot (*Prunus armeniaca* L.) BC1 population mapping Plum pox virus resistance, *Tree Genet. Genomes*, 4, 481–493, 2008.
 124. Soriano, J.M., Vera, E.M., Vilanova, S., Martínez-Calvo, J., Llácer, G., Badenes, M.L., Romero, C., Identification and mapping of a locus conferring Plum Pox Virus resistance in two apricot improved linkage maps, *Tree Genet. Genomes*, 4, 391–402, 2008.
 125. Dondini, L., Lain, O., Vendramin, V., Rizzo, M., Vivoli, D., Adami, M., Guidarelli, M., Gaiotti, F., Palmisano, F., Bazzoni, A., Boscia, D., Geuna, F., Tartarini, S., Negri, P., Castellano, M., Savino, V., Bassi, D., Testolin, R., Identification of QTL for resistance to plum pox virus strains M and D in Lito and Harcot apricot cultivars, *Mol. Breed. DOI: 10.1007/s11032-010-9431-3*, 2011.
 126. Dicenta, F., Martínez-Gómez, P., Burgos, L., Egea, J., Inheritance of resistance to Plum pox potyvirus in apricot, *Prunus armeniaca*, *Plant Breeding*, 119, 161–164, 2000.
 127. Polak J., Oukropec I., Chod J., Krška B., Jansta Z., Pivalová J., Virological programme in breeding of apricots for resistance to Plum pox virus in the Czech Republic, *Acta Hort.*, 384, 581–585, 1995.
 128. Fuchs, E., Grüntzig, M., Ernst, I., Kegler, H., Comparison of apricot genotypes with different resistance level to Plum pox virus (PPV), *Acta Horticulturae*, 550, 103–106, 2001.
 129. Pilarová, P., Marandel, G., Decroocq, V., Salava, J., Krska, B., Abbott, A.G., Quantitative trait analysis of resistance to Plum pox virus resistance in apricot F1 ‘Harlayne’ x ‘Vestar’, *Tree Genet. Genomes*, 6, 467–475, 2010.
 130. Marandel, G., Salava, J., Abbott, A.G., Candresse, T., Decroocq, V., Quantitative trait loci meta-analysis of Plum pox virus in apricot (*Prunus armeniaca* L.): new insights on the organization and the identification of genomic resistance factors, *Mol. Plant Pathol.*, 10, 347–360, 2009a.
 131. Dicenta, F., Audergon, J.M., Inheritance of resistance to Plum pox potyvirus (PPV) in ‘Stella’ apricot seedlings, *Plant Breeding*, 117, 579–581, 1998.
 132. Rubio, M., Audergon, J.M., Martínez-Gómez, P., Dicenta, F., Testing genetic control hypothesis for Plum pox virus (Sharka) resistance in apricot, *Sci. Hort.*, 112, 361–365, 2007.
 133. Llácer, G., Badenes, M.L., Romero, C., Problems in the determination of inheritance of Plum Pox Virus resistance in apricot, *Acta Horticulturae*, 781, 263–267, 2008.
 134. Dosba, F., Orliac, S., Dutranoy, F., Massonnie, G., Audergon, J.M., Evaluation of 84 resistances to Plum pox virus in apricot trees, *Acta Horticulturae*, 309, 211–219, 1992.
 135. Krska, B., Salava, J., Polák, J., Komínek, P., Genetics of resistance to Plum pox virus in apricot, *Plant Protection Science*, 38, 180–182, 2002.
 136. Dosba, F., Lansac, M., Maison, P., Massonnie, G.,

- Audergon, J.M., Tolerance to Plum pox virus in apricot, *Acta Horticulturae*, 235, 275-281, 1988.
137. Guillet-Bellanger, I., Audergon, J.M., Inheritance of the Stark Early Orange apricot cultivar resistance to Plum pox virus, *Acta Horticulturae*, 550, 111-115, 2001.
138. Sicard, O., Marandel, G., Soriano, J.M., Lalli, D.A., Lambert, P., Salava, J., Badenes, M.L., Abbott, A.G., Decroocq, V., Flanking the major Plum pox virus resistance locus in apricot with co-dominant markers (SSRs) derived from candidate 85 resistance genes, *Tree Genet. Genomes*, 4, 359-365, 2008.
139. Marandel, G., Pascal, T., Candresse, T., Decroocq, V., Quantitative resistance to Plum pox virus in *Prunus davidiana* P1908 linked to components of the eucariotic translation initiation complex, *Plant Pathology*, 58, 425-435, 2009b.
140. Rubio, M., Pascal, T., Bachellez, A., Lambert, P., Quantitative trait loci analysis of Plum Pox Virus resistance in *Prunus davidiana* P1908, new insights on the organization of genomic resistance regions, *Tree Genet. Genomics*, 6(2), 291-304, 2010.
141. Lambert, P., Hagen L.S., Arús, P., Audergon, J.M., Genetic linkage maps of two apricot cultivars (*Prunus armeniaca* L.) compared with the almond Texas x peach Earlygold reference map for *Prunus*, *Theor. Appl. Genet.*, 108, 1120–1130, 2004.