

Slovenya Fındıklarında Genetik Çeşitlilik

Süleyman Can Öztürk¹, Saniye Elvan Öztürk¹, Ali Tevfik Uncu¹, Anita Solar², Sami Doğanlar¹, Anne Frary¹

¹İzmir Yüksek Teknoloji Enstitüsü, İzmir

²University of Ljubjana, Slovenia

e-posta : suleymanozturk@iyte.edu.tr

Özet

Slovenya kendi Avrupa fındığı *Corylus avellana* L. genotiplerini ve yabancı tiplerini bulunduran dünyadaki fındık üreticilerinden biridir. Slovenya fındık kaynaklarının moleküler genetik açısından gösterdiği çeşitlilik araştırılmalı ve bu fındık çeşitliliğinin potansiyelleri geliştirilmelidir. Bu amaçla, Slovenya'nın geniş coğrafik alanını temsil eden 57 Slovenya fındık tipi ve Slovenya dünya koleksiyonundan 45 fındık çeşidi, 11 seçici AFLP primer çifti ve 50 SSR primer çifti ile taranmıştır. Toplamda, 512 polimorfik SSR fragmenti ve 532 polimorfik AFLP fragmenti analiz edilmiştir. Slovenya fındık çeşitleri ve tipleri, AFLP verisinin hoc istatistiği ve Neighbor-joining algoritması ($r=0.96$) ile analizi sonucunda üç kümeye ayrılmıştır. Benzer olarak, SSR verisi ($r=0.96$) Neighbor-joining algoritması ile üç kümeye ayrılmıştır. SSR verileriyle 28 fındık tipi, AFLP verileriyle 33 fındık tipi Slovenya fındık çekirdek koleksiyonu için seçilmiştir. Seçilen çekirdek koleksiyon, en yüksek genetik çeşitliliği en az birey ile temsil etmektedir ve seçilen fındıklardan 18 tanesi her iki çekirdek koleksiyonunda ortak olarak bulunmaktadır. Slovenya fındık çeşitliliğinin anlaşılması, ilgililenen agronomik ve biyokimyasal özelliklerin genetik haritalanması ve tanımlanması için ilk adımdır.

Anahtar kelimeler: AFLP Çoğaltılmış fragment uzunluk polimorfizmi, SSR basit dizi tekrarları, moleküler markörler

Genetic Diversity in Slovenian Hazelnuts

Abstract

Slovenia is the one of the hazelnut producers in the world and has its own European hazelnut (*Corylus avellana* L.) genotypes and wild types. Slovenian hazelnut resources should be examined for their molecular genetic diversity and their potential for improvement of hazelnut. For this reason, 102 Slovenian hazelnuts representing a wide geographic range of the country were screened with 11 pairs of selective AFLP primers and 50 pairs of SSR primers. In total, 512 polymorphic SSR fragments and 532 polymorphic AFLP fragments were found. Diversity analysis of the Slovenian hazelnut genotypes indicated that they were classified to three clusters according to hoc statistics and Neighbor-joining algorithms ($r=0.96$) for AFLP data. Similarly, three clusters were observed for the SSR data using the Neighbor joining algorithm ($r=0.96$). A total of 28 individuals with SSR data and 33 individuals with AFLP data were selected for core collections of Slovenian hazelnut genotypes. These core collections represent a maximum of genetic diversity in a minimum number of individuals and 18 of them were present in both core collection datasets. Examination of Slovenian hazelnut diversity is a first step toward identification and genetic mapping of agronomic and biochemical traits of interest.

Keywords: AFLP amplified fragment length polymorphism, SSR simple sequence repeats, molecular marker

Giriş

Corylus avellana L. (Avrupa fındığı) Betulaceae ailesine ait olan diploid ($2n=22$), tek evcikli, dikogamidir ve rüzgarla tozlaşır. Bu fındık türü Avrupa ve Anadolu'da yetişen önemli ve yaygın fındık çeşitlerinin kaynağını oluşturmaktadır. (Boccacci ve ark., 2006). Avrupa fındığının tohumları ilkel zamanlardan beri yiyecek kaynağı olarak tüketilmektedir (Galderisi ve ark., 1999). Türkiye (660.000 ton) ve İtalya (85.232 ton) fındık üretiminde öne çıkan ülkelerdir. Amerika Birleşik Devletleri, Azerbaycan, Gürcistan, Çin ve İran'da üretilen fındığın büyük bir kısmını yetiştirmektedir (20000-30000 ton) (Faostat, 2012). Fındık

üretimi Avrupa'nın her yerindeki iklim şartlarında kolaylıkla yapılabilir ve güneyde Lübnan ve Kuzey Afrika'nın Akdeniz kıyıları, kuzeyde Norveç ve doğuda Asya Ural ve Kafkasya dağlarına kadar yayılım göstermektedir (Kasaplıgil ve ark., 1964; Mehlenbacher, 2009).

Slovenya fındık üretimine küçük bir katkı sağlamaktadır. Stajerska, Dolenjska ve Celjska kotlina bölgelerinden 200 ton kabuklu fındık üretilmektedir (Slatnar ve ark., 2014). Hırvatistan'a özgü "Istrska dolgopodna leska" Slovenya'da en çok yetiştirilen fındık çeşididir ve Slovenya'ya uyum sağlamıştır. Tonda di Giffoni, Ennis, Daria ve Pauetet gibi bazı

uluslararası çeşitler Slovenya'da genel üretim için önerilmiştir ve Slovenya bahçelerinde yetiştirilmektedir. (Solar ve Stampar, 2009; 2011). Ayrıca Slovenya'nın kendi yabani çeşitleri ülkenin yerel bölgelerinde dağılım göstermektedir ve bu yabani çeşitler seleksiyon ve çaprazlama çalışmaları için karakterize edilecek bir kaynak oluşturmaktadır.

Fındıktaki genetik çalışmalar ilk olarak rastgele çoğaltılmış DNA polimorfizimi (RAPD) (Galderisi ve ark., 1999; Miaja ve ark., 2001; Kafkas ve ark., 2009) ve çoğaltılmış fragment uzunluk polimorfizimi (AFLP) (Ferrari ve ark., 2004; Kafkas ve ark., 2009) kullanılarak araştırılmıştır. AFLP, ilgilenilen genotipin DNA dizi bilgisi gerekmeden kullanılabilen DNA temelli bir markördür (Vos ve ark., 1995) ve oldukça saf bir DNA gerektirir. AFLP sonuçlarını yorumlamak için ayrıca gelişmiş makine ve yazılım altyapısı gerekir ama zorluklarına karşın diğer markör sistemlerinden daha fazla polimorfik fragment tespit edilmesini sağlar. Zeytin (Angiolillo 1999; Kaya ve ark., 2013), dut (Sharma ve ark., 2000) ve kara kavak (Winfield ve ark., 1998) ağaçlarında başarıyla kullanılmıştır. Fındık çalışmalarında AFLP analizleri 57 klon için kullanılmıştır (Ferrari ve ark., 2004) ve ayrıca diğer markör sistemleri ile birlikte de birleştirilerek 18 Türk fındık çeşidi analiz edilmiştir (Kafkas ve ark., 2009). AFLP ve ISSR markör sistemleri birleştirilerek Portekiz'in yabani ve çeşit olan fındıklarındaki genetik çeşitlilik hesaplanmıştır (Martins ve ark., 2014).

Basit dizi tekrarları (SSR) markör sistemi de fındıkta genetik çeşitliliği hesaplamak için kullanılmıştır. SSR markörlerinin uygulaması ve analizi kolaydır, tekrar edilebilir ve yüksek oranda polimorfiktir. 300'den fazla genomik SSR geliştirilmiş ve fındık genomunda haritalanmıştır (Boccacci ve ark., 2005; Bassil ve ark., 2005; Mehlenbacher ve ark., 2006; Gurcan ve Mehlenbacher, 2010; Bassil ve ark., 2013). EST olarak yapılan analizlerde 1000 gen bölgesi bulunmuştur ve 36'sı fındık için kullanılabilir durumdadır (Boccacci ve ark., 2015).

Fındıkta genetik biyoçeşitliliği araştırmak için çalışmalar, çeşitlere (Bacchetta ve ark., 2014) ve yabani fındıklara (Campa ve ark., 2011; Leinemann ve ark., 2013; Martins ve ark., 2013, 2014, 2015) odaklanmıştır. Yabani çeşitler ilgilenilen bazı karakterler bakımından gelişmiş

çeşitlere potansiyel olabilirler (Tanskley ve McCouch, 1997). Bu çalışmanın amacı olarak da Slovenya'da yetiştirilen 102 adet yabani ve yetiştirilmekte olan fındık çeşitlerinin genetik çeşitliliği ve populasyon yapısı analiz edilmiştir. Slovenya'nın 5 farklı bölgesinden toplanan 57 tane yabani fındık ve 45 tane Avrupa ve Amerika Birleşik Devletleri'nden fındık çeşidi 11 AFLP primer kombinasyonu ve 49 SSR primeri ile taranmıştır.

Materyal ve Yöntem

Bitki Örnekleri ve DNA İzolasyonu

45 adet *Corylus avellana* Slovenya fındık koleksiyonundan, 57 örnek ise Slovenya'nın farklı iklim koşullarına sahip 5 bölgesinden toplanan yabani tür fındıklar olmak üzere seçildi ve toplanan yaprak örneklerinden genomik DNA izolasyonu yapıldı (Fulton ve ark., 1995).

AFLP Çoğaltımı

Invitrogen AFLP Core Reagent and AFLP Starter Primer Kiti (Carlsbad, CA, USA) ile 64 seçici *EcoRI/MseI* primer kombinasyonu B9 ve Willamette (S58) fındıklarında denendi ve sonuçlardan en çok polimorfik 11 kombinasyon (*M-CAC + E-AGC*, *M-CAA + E-ACG*, *M-CAA + E-ACC*, *M-CAG + E-ACT*, *M-CTC + E-AGG*, *M-CTC + E-ACA*, *M-CAT + E-ACA*, *M-CAT + E-ACT*, *M-CTA + E-ACA*, *M-CTG + E-AGC* ve *M-CTT + E-AGG*) seçildi. Seçilen primerler tüm fındıklara PCR yapılarak uygulandı. İşaretli *EcoRI* primerlerinden gelen sinyaller Genetic Analysis System CEQ 8800 cihazında (Beckman-Coulter, Fullerton, CA, USA) görüntülendi ve binomial (1 veya 0) olarak skorlandı.

SSR Çoğaltımı

Toplam 49 SSR markörü 102 fındık genotipinde denendi. Primerler Bassil ve ark., (2005), Boccacci ve ark., (2005) ile Gurcan ve ark., (2010) yayınlarındaki polimorfik allel miktarlarına göre seçildi ve PCR yapıldı. PCR çoğaltımından sonra örnekler Fragment AnalyzerTM (Applied Biosystems) kapiller elektroforez sistemi ve DNF-900 dsDNA Reagent Kit (Advanced Analytical) kullanılarak analiz edildi. Binomial (1 veya 0) olarak skorlandı.

Veri Analizi

Ortalama gen çeşitliliği (Nei, 1973) her bir AFLP primer kombinasyonu ve SSR markörü için $(\sum_{i=1}^n 2f_i(1-f_i))/n$ formülü

kullanılarak hesaplandı (Roldan-Ruiz, 2000). Küme analizleri Dice katsayısı ve ölçülmemiş komşu katılım algoritması ile DARwin5 yazılımında analiz edilmiştir (Perrier ve Jacquemoud-Collet 2006). Populasyon yapısı Structure (Pritchard ve ark., 2000) kullanılarak hesap edilmiştir. Çekirdek koleksiyon oluşturmak için PowerCore 1.0 (Kim ve ark., 2007) yazılımı kullanılmıştır.

Bulgular

Genetik Çeşitlilik

102 fındık genotipi ile yapılan AFLP analizinde 532 polimorfik fragment, SSR analizinde 512 polimorfik fragment skorlanmıştır. Mental test dendogramlarla uzaklık matrislerinin ($r=0.96$, iki analiz için de) uyumlu olduğunu göstermiştir. AFLP ve SSR verileri arasındaki ilişki düşük bulunmuştur ve iki data birleştirilmemiştir ($r = 0.33$). AFLP verileri küme A ve küme B olmak üzere iki ana gruba ayrılmıştır. SSR analizleri ise 4 (A-D) grup olarak sonuç vermiştir (Şekil 1).

Populasyon Yapısı

Populasyon yapısı analizleri de aynı sonuçları vermiştir. 2 kümeli ($K=2$) grup 2 tane de alt küme içermektedir. Olasılık hesabı olarak 0.7 baraj olarak kabul edilmiştir.

Çekirdek Koleksiyon Analizi

Çekirdek koleksiyon için PowerCore 1.0 programı sonuçları yorumlanmıştır. AFLP için 28, SSR için 33 genotipi çekirdek koleksiyon olarak seçilmiştir.

Tartışma ve Sonuç

Markör Polimorfizmi

AFLP ve SSR markörleri oldukça iyi polimorfizm göstermişlerdir. Daha çok örnek ve daha çok yabancı tiple çalışmak daha önceki AFLP çalışmalarından (Kafkas ve ark., 2009; Martins ve ark., 2014) ortalama 48.4 olarak daha fazla allel ortaya çıkarmıştır. SSR markörleri daha az allel vermesine rağmen ortalama genetik çeşitlilikte 0.30 ile 0.26 olan AFLP değerine göre daha fazla değer vermiştir. SSR allel ortalaması 10.3 olarak diğer çalışmalarla uyumludur (Bassil ve ark., 2005; Boccacci ve ark., 2005; Boccacci ve ark., 2008; Gokirmak ve ark., 2009; Boccacci and Botta 2010; Gurcan ve Mehlenbacher, 2010; Gurcan ve ark., 2010a, 2010b; Campa ve ark., 2011; Bassil ve ark., 2013).

Fındıklarda görülen yüksek çeşitlilik diğer çalışmalar tarafından desteklenmektedir (Gokirmak ve ark., 2009; Gurcan ve ark., 2010a, 2010b; Campa ve ark., 2011; Boccacci ve Botta, 2010; Boccacci ve ark., 2006, 2008, 2013) çünkü fındık kendi kendine tozlaşmaya kapalıdır ve rüzgarla tozlaşır. Çeşitlerin genetik çeşitliliği 0.50 hesaplanırken yabancı fındıklar 0.60 olarak hesaplanmıştır. Bu fark Campa ve ark., (2011) ile Martins ve ark., (2015)'ın çalışmalarıyla desteklenmektedir. Negret ve Pauetet (Boccacci ve ark., 2008) ile Apolda ve Bandnuss Gokirmak ve ark., (2009) birbirlerine yakın çeşitler olarak bulunmuştur fakat çalışmamızda markör sayısının fazlalığı sayesinde farklı DNA parmak izine sahip oldukları gösterilmiştir. Maribor'un tozlaşmaya açık bir bölgede olması ve fındık yetiştiriciliğinin yaygın olması o bölgede genetik çeşitliliği arttırmıştır. Dendogram analizleri bölgelere ve çeşitlere göre uyumlu bir sonuç çıkarmaktadır.

Çekirdek Koleksiyon

Çekirdek koleksiyonlar iki markör sistemi için ayrı ayrı hesaplanmıştır. Tüm genetik çeşitliliği AFLP markörleri 28, SSR markörleri 33 genotipe indirgemıştır. Bu bireyler Slovenya'nın farklı bölgelerindeki genetik çeşitliliği de yansıtmaktadır. Çekirdek koleksiyonlar genetik çeşitliliğin korunması ve devamlılığı için gereklidir. Özellikle de fındık gibi uzun ömürlü ağaç olan, biyotik ve abiyotik streslere maruz kalan ve orman kaybı ile karşı karşıya olan bölgelerde yabancı populasyonların genetik çeşitliliği korunmalıdır (Bacchetta ve ark., 2014). Bu çalışmamız genetik çeşitliliğe göre seleksiyon yapılabilecek yabancı fındık materyalinin gelecek kuşaklara korunmasını sağlayacaktır. Ayrıca genetik sonuçlar morfolojik data ile birleştirilerek korunan çeşitlilikteki fındıklar, gelecekteki çeşitliliği ve Slovenya fındıkları ile tüm fındık üretim alanlarındaki fındıkların geliştirilmesini sağlayacaktır.

Teşekkür

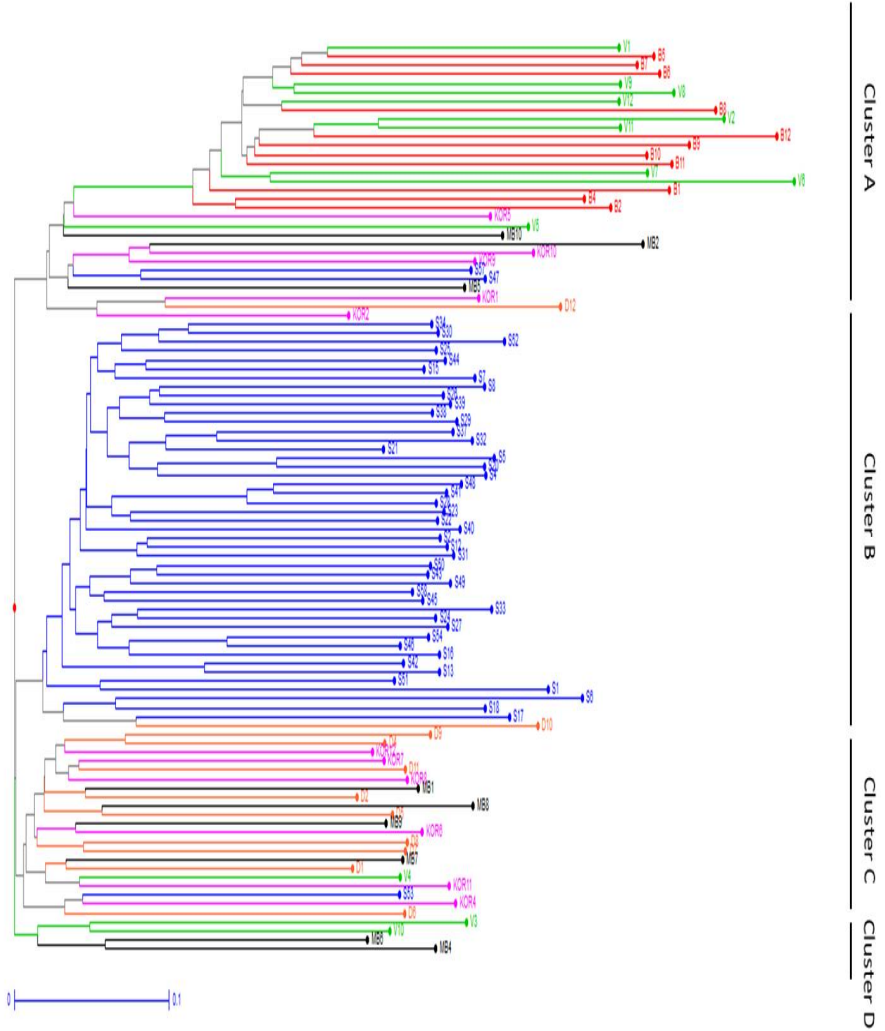
Projemiz Tübitak ikili işbirliği kapsamında desteklenmektedir. Slovenya ve Türkiye ortak çalışmaktadır. (proje no: 212T201)

Kaynaklar

- Angiolillo, A., Mencuccini, M., Baldoni, L., 1999. Olive genetic diversity assessed using amplified fragment length polymorphism. Theor. Appl. Genet. 98:411-421.
- Bacchetta, L., Avanzato, D., Giovanni, B. Di., Botta, R., Boccacci, P., Drogoudi, P., 2014. The

- Reorganisation of European Hazelnut Genetic Resources in the SAFENUT (AGRI GEN RES) Project, 67–74.
- Bassil, N.V., Botta, R., Mehlenbacher, S.A., 2005. Additional microsatellite markers of the European hazelnut. *Acta Hort.* 686:105.
- Bassil, N., Boccacci, P., Botta, R., Postman, J., Mehlenbacher, S., 2013. Nuclear and chloroplast microsatellite markers to assess genetic diversity and evolution in hazelnut species, hybrids and cultivars. *Genetic Resources and Crop Evolution* 60:543–568.
- Boccacci, P., Akkac, A., Bassil, N.V., Mehlenbacher, S.A., Botta, R., 2005. Characterization and evaluation of microsatellite loci in European hazelnut (*Corylus avellana* L.) and their transferability to other *Corylus* species. *Mol. Ecol. Notes* 5:934–937.
- Boccacci, P., Akkac, A., Botta, R., 2006. DNA typing and genetic relationship among European hazelnut (*Corylus avellana* L.) cultivars using microsatellite markers. *Genome* 49:598–611.
- Boccacci, P., Akkac, A., Botta, R., 2006. DNA typing and genetic relations among European hazelnut (*Corylus avellana* L.) cultivars using microsatellite markers. *Genome / National Research Council Canada = Genome / Conseil National de Recherches Canada* 49:598–611.
- Boccacci, P., Botta, R., Rovira, M. 2008. Genetic diversity of hazelnut (*Corylus avellana* L.) germplasm in northeastern Spain. *Hort Sci.* 43:667-672.
- Boccacci, P., Beltramo, C., Prando, M.S., Lembo, A., Sartor, C., Mehlenbacher, S.A., Botta, R., Marinoni, D.T., 2015. In silico mining, characterization and cross-species transferability of EST-SSR markers for European hazelnut (*Corylus avellana* L.). *Molecular Breeding*, 35:1-14.
- Boccacci, P., Botta, R., 2009. Investigating the origin of hazelnut (*Corylus avellana* L.) cultivars using chloroplast microsatellites. *Genet. Resour. Crop. Evol.* 56:851–859.
- Boccacci P, Botta, R., 2010. Microsatellite variability and genetic structure in hazelnut (*Corylus avellana* L.) cultivars from different growing regions. *Sci. Hort.* 124:128–133.
- Campa, A., Trabanco, N., Pérez-Vega, E., Rovira, M., Ferreira, J.J., 2011. Genetic relationship between cultivated and wild hazelnuts (*Corylus avellana* L.) collected in northern Spain. *Plant Breeding* 130:360–366.
- Ferrari, M., Gori, M., Monnanni, R., Buiatti, M., Scarascia Mugnozza, G.T., De Pace, C., 2004. DNA fingerprinting of *Corylus avellana* L. accessions revealed by AFLP molecular markers. *Acta Hort.* 686:125-134.
- Fulton, T.M., Chunwongse, J., Tanksley, S.D., 1995. Microprep protocol for extraction of DNA from tomato and other herbaceous plants. *Plant Molecular Biology Reporter* 13:207–209. <http://doi.org/10.1007/BF02670897>
- Galderisi, U., Cipollaro, M., Di Bernanrdo, G., De Masi, L., Galano, G., Cascino, A., 1999. Identification of hazelnut (*Corylus avellana* L.) cultivars by RAPD analysis. *Plant Cell Rep.* 18:652-655.
- Gökirmak, T., Mehlenbacher, S.A., Bassil, N.V., 2009. Characterization of European Hazelnut (*Corylus avellana*) cultivars using SSR markers. *Genet. Resour. Crop. Evol.* 56:147–172.
- Gurcan, K., Mehlenbacher, S.A., Botta, R., Boccacci, P., 2010. Development, characterization, segregation, and mapping of microsatellite markers for European hazelnut (*Corylus avellana* L.) from enriched genomic libraries and usefulness in genetic diversity studies. *Tree Genet. & Genomes* 6:513–531.
- Gurcan, K., Mehlenbacher, S.A., 2010. Development of microsatellite marker loci for European hazelnut (*Corylus avellana* L.) from ISSR fragments. *Mol. Breeding* 26:551–559.
- Kafkas, S., Doğan, Y., Sabir, A., Turan, A., Seker, H., 2009. Genetic characterization of hazelnut (*Corylus avellana* L.) cultivars from Turkey using molecular markers. *HortScience* 44:1557–1561.
- Kasapligil, B., 1964. A contribution to the histotaxonomy of *Corylus* (*Betulaceae*). *Adansonia* (NS) 4:43–90.
- Kaya, H. B., Cetin, O., Kaya, H., Sahin, M., Sefer, F., Kahraman, A., Tanyolac, B., 2013. SNP discovery by illumina-based transcriptome sequencing of the olive and the genetic characterization of Turkish olive genotypes revealed by AFLP, SSR and SNP markers. *PloS One* 8. doi:10.1371/journal.pone.
- Kim, K.W., Chung, H.K., Cho, G.T., Ma, K.H., Chandrabalan, D., Gwag, J.G., Kim, T.S., Cho, E.G., Park, Y.J., 2007. PowerCore: a program applying the advanced M strategy with a heuristic search for establishing allele mining sets. *Bioinformatics* 23:2155-2162.
- Leinemann, L., Steiner, W., Hosius, B., Kuchma, O., Arenhövel, W., Fussli, B., Finkeldey, R., 2013. Genetic variation of chloroplast and nuclear markers in natural populations of hazelnut (*Corylus avellana* L.) in Germany. *Plant Systematics and Evolution* 299:369–378.

- Martins, S., Simões, F., Mendonça, D., Matos, J., Silva, A.P., Carnide, V., 2013. Chloroplast SSR genetic diversity indicates a refuge for *Corylus avellana* in Northern Portugal. Genetic Resources and Crop Evolution 60:1289–1295.
- Martins, S., Simões, F., Matos, J., Silva, A.P., Carnide, V., 2014. Genetic relationship among wild, landraces and cultivars of hazelnut (*Corylus avellana*) from Portugal revealed through ISSR and AFLP markers. Plant Systematics and Evolution 300:1035–1046.
- Martins, S., Simões, F., Mendonça, D., Matos, J., Silva, A.P., Carnide, V., 2015. Western European wild and landraces hazelnuts evaluated by SSR markers. Plant Molecular Biology Reporter 1-9. doi: 10.1007/s11105-015-0867-9.
- Mehlenbacher, S.A., Brown, R.N., Nouhra, E.R., Gokirmak, T., Bassil, N.V., Kubisiak, T.L., 2006. A genetic linkage map for hazelnut (*Corylus avellana* L.) based on RAPD and SSR markers. Genome 49:122-133.
- Mehlenbacher, S.A., 2009. Genetic resources for hazelnut: State of the art and future perspectives. Acta Hort. 845:33-37.
- Miaja, M.L., Vallania, R., Me, C., Akkarak, O., Nassi, O., Lepori, G., 2001. Varietal characterization in hazelnut by RAPD markers. Acta Hort. 556:247-250.
- Nei, M., 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations. Proceedings of the National Academy of Sciences 70:3321-3323.
- Perrier, X., Jacquemoud-Collet, J.P., 2006. Darwin software. Available at: <http://darwin.cirad.fr/darwin>.
- Pritchard, J.K., Stephens, M., Donnelly, P., 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. Genetics 155:945-959.
- Sharma, A., Sharma, R., Machii, H., 2000. Assessment of genetic diversity in *Morus* germplasm collection using fluorescence-based AFLP markers. Theor. Appl. Genet. 101: 1049-1055.
- Slatnar, A., Mikulic Petkovsek, M., Stampar, F., Veberic, R., Solar, A., 2014. HPLC-MSn identification and quantification of phenolic compounds in hazelnut kernels, oil and bagasse pellets. Food Research International 64:783-789.
- Solar, A., Stampar, F., 2009. Performance of hazelnut cultivars from Oregon in Northeastern Slovenia. Hort Technology. 19:653-659.
- Solar, A., Stampar, F., 2011. Characterisation of selected hazelnut cultivars: phenology, growing and yielding capacity, market quality and nutraceutical value. Journal of the Science of Food and Agriculture 91:1205-1212.
- Tanksley, S.D., McCouch, S.R., 1997. Seed banks and molecular maps: unlocking genetic potential from the wild. Science 277:1063-1066.
- Vos, F., Hogers, R., Bleeker, M., Reijmans, M., Van de Lee, T., Hornes, M., Frijters, A., Pot, J., Peleman, J., Kuiper, M., Zabeau, M., 1995. AFLP: a new concept for DNA fingerprinting. Nucl. Acids Res. 23:4407-4414.
- Winfield, M.O., Arnold, G.M., Cooper, F., Le Ray, M., White, J., Karp, A., Edwards, K.J., 1998. A study of genetic diversity in *Populus nigra* subsp. *betulifolia* in the Upper Severn area of the UK using AFLP markers. Molecular Ecology 7:3–10.



Şekil 1. 102 fındık genotipinin SSR verilerine göre hesaplanmamış komşu katılım algoritması mavi = çeşitler, kırmızı = Bovec, turuncu = Dolenjska, mor = Koroska, siyah = Maribor, yeşil = Vipava-Razdrto.