



**TÜRKİYE'DE YETİŞTİRİCİLİĞİ YAPILAN BAZI  
YEREL PIRASA GENOTİPLERİNİN MORFOLOJİK  
VE MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU**

**Osman Yaşar USLU**



T.C.  
BURSA ULUDAĞ ÜNİVERSİTESİ  
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**TÜRKİYE'DE YETİŞTİRİCİLİĞİ YAPILAN BAZI YEREL PIRASA  
GENOTİPLERİNİN MORFOLOJİK VE MOLEKÜLER  
KARAKTERİZASYONU**

Osman Yaşar USLU  
0000-0002-9925-614X

Prof. Dr. Meryem İPEK  
0000-0002-0609-3442  
(Danışman)

YÜKSEK LİSANS TEZİ  
BAHÇE BİTKİLERİ ANABİLİM DALI

BURSA – 2022  
Her Hakkı Saklıdır

## ÖZET

Yüksek Lisans Tezi

### TÜRKİYE'DE YETİŞTİRİCİLİĞİ YAPILAN BAZI YEREL PIRASA GENOTİPLERİNİN MORFOLOJİK VE MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU

**Osman Yaşar USLU**

Bursa Uludağ Üniversitesi  
Fen Bilimleri Enstitüsü  
Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı

**Danışman:** Prof. Dr. Meryem İPEK

Pırasa (*Allium ampeloprasum* var. *porrum* L.) insan sağlığı açısından önemli bir bitki türüdür. Türkiye dünya pırasa üretiminde önemli ülkelerden biridir. Türkiye’de pırasa yetiştiriciliği genel olarak yerel çeşitlerle yapılmaktadır. Pırasanın iki yıllık yaşam döngüsüne sahip olması, %80 oranında yabancı tozlanması, kromozom yapısının tetraploit olması ve şiddetli kendileme depresyonu görülmesi pırasa ıslahını zorlaştırmaktadır. Bununla birlikte pırasanın genetik özellikleri yeteri kadar bilinmemektedir. Bu çalışmada Türkiye’nin farklı bölgelerinden temin edilen 16 yerel pırasa genotipi moleküler ve morfolojik düzeyde karakterize edilmiştir. Belirlenen 12 parametrede ölçüm ve gözlemler yapılmıştır. Genotip içindeki bitkiler arasında ciddi bir morfolojik farklılık görülmemesine rağmen, genotipler arasında istatistiksel olarak önemli farklılıklar bulunmuştur. Bursa-İnegöl-Alanyurt, Bursa-Karacabey-Tavşanlı ve Balıkesir-Bandırma-Yeniyenice bölgelerinden temin edilen genotiplerin pazarlanabilir nitelikte olduğu saptanmıştır. Moleküler karakterizasyon için 18 SSR markörü test edilmiş ve 13 markörün genotipler arasında güvenilir ve polimorfik sonuçlar verdiği belirlenmiştir. Toplam 69 allel elde edilmiş ve bu allellerin 45’i polimorfik, 24’ü monomorfik bulunmuştur. Primer başına allel sayısı 2 ile 10 arasında olup ortalama allel sayısı 5,30’dur. Genotipler arasında benzerlik katsayı değerleri 0,45 ile 0,85 arasında değişmiştir. PIC değerleri 0,34 ile 0,45 arasındadır ve polimorfik primerler pırasa genomu için orta derecede bilgilendirici bulunmuştur. Moleküler ve morfolojik özellikleri karakterize edilen 16 yerel pırasa genotipi gelecekteki ıslah çalışmalarında materyal olarak kullanılabilir ve bu çalışmadan elde edilen sonuçlar araştırmacılara katkıda bulunabilecektir.

**Anahtar Kelimeler:** Pırasa, SSR, Polimorfizm, Moleküler Karakterizasyon, Morfolojik Karakterizasyon

**2022, viii + 61 sayfa.**

## ABSTRACT

MSc Thesis

### MORPHOLOGICAL AND MOLECULAR CHARACTERIZATION OF SOME LOCAL LEEK GENOTYPES GROWN IN TURKEY

**Osman Yasar USLU**

Bursa Uludag University  
Graduate School of Natural and Applied Sciences  
Department of Horticultural

**Supervisor:** Prof. Dr. Meryem İPEK

Leek (*Allium ampeloprasum* var. *porrum* L.) is an important plant species for human health. Turkey is one of the important leek producing country in the world. Leek cultivation in Turkey is generally done with local varieties. Leek's two-year life cycle, 80% of foreign pollination, tetraploid chromosome structure and severe inbred depression make leek breeding difficult. Moreover, the genetic characteristics of leeks are not known very well. In this study, 16 local leek genotypes obtained from different regions of Turkey were characterized at molecular and morphological level. Measurements and observations were made on 12 determined parameters. Although no significant morphological differences were observed among the plants within the genotype, statistically significant differences were found between the genotypes. The genotypes obtained from Bursa-Inegol-Alanyurt, Bursa-Karacabey-Tavsanlı and Balıkesir-Bandırma-Yeniyece locations were found to be marketable. 18 SSR markers were tested for molecular characterization of leek genotypes and 13 markers was found to be reliable and polymorphic among the genotypes. A total of 69 alleles were obtained, of which 45 were polymorphic and 24 were monomorphic. The number of alleles per primer was changed between 2 and 10, with an average of 5.30. The similarity coefficient values between the genotypes ranged from 0.45 to 0.85 PIC values ranged from 0.34 to 0.45 and the primers were found to be moderately informative for leek genome. The 16 local leek genotypes characterized with molecular and morphological features can be used as plant material for future breeding studies and the results obtained from this study can contribute to researchers.

**Key words:** Leek, SSR, Polymorphism, Molecular Characterization, Morphological Characterization

**2022, viii + 61 pages.**

## TEŐEKKÜR

Yüksek lisans eğitimim boyunca değerli bilgilerini ve tecrübelerini benimle paylaşan, aynı zamanda bu çalışmanın gerçekleştirilmesinde de büyük emeđi olan, ilgisini ve desteđini her zaman hissettiđim değerli büyüđüm, danışman hocam Prof. Dr. Meryem İPEK' e teşekkürü bir borç biliyor, saygılarımı sunuyorum.

Yine bu çalışmamda daima yol gösterici olan, bilgi ve tecrübelerini benimle paylaşan değerli büyüđüm, hocam Prof. Dr. Ahmet İPEK' e teşekkürlerimi sunuyorum.

Eđitim hayatım boyunca maddi ve manevi desteklerini hiçbir zaman esirgemeyen, başarılı olabilmem için beni her zaman yüreklendiren annem Azize USLU ve babam Adnan USLU' ya teşekkürü bir borç bilirim.

Osman Yaşar USLU  
20/01/2022

## İÇİNDEKİLER

	Sayfa
ÖZET.....	i
ABSTRACT.....	ii
TEŞEKKÜR.....	iii
SİMGELER ve KISALTMALAR DİZİNİ.....	v
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	vii
ÇİZELGELER DİZİNİ.....	viii
1. GİRİŞ.....	1
2. KURAMSAL TEMELLER VE KAYNAK ARAŞTIRMASI.....	8
2.1. Kuramsal Temeller.....	8
2.2. Kaynak Araştırması.....	9
3.MATERYAL - YÖNTEM.....	20
3.1. Bitkilerin Yetiştirilmesi.....	21
3.2. Morfolojik Karakterizasyon.....	23
3.2.1. Gövde çapı ölçümü.....	23
3.2.2. Yalancı gövde uzunluğu ölçümü.....	23
3.2.3. Bitki başına toplam yaprak sayısının belirlenmesi.....	24
3.2.4. Yaprak uzunluğu ölçümü.....	24
3.2.5. Yaprak genişliği ölçümü.....	24
3.2.6. Yaprak – gövde açısı ölçümü.....	25
3.2.7. Çiçek şemsiyesi çapı ölçümü.....	26
3.2.8. Çiçek şemsiyesi sapı çapının ölçümü.....	26
3.2.9. Bitki ağırlığı ölçümü.....	26
3.2.10. Yalancı gövdenin tabanında baş oluşumu.....	26
3.2.11. Çiçek açma dönemi.....	26
3.2.12. Yaprak rengi.....	27
3.3. Moleküler Karakterizasyon.....	27
3.3.1. DNA izolasyonu için yaprak örneklerinin alınması.....	27
3.3.2. DNA izolasyonu.....	28
3.3.3. SSR primerlerinin optimum sıcaklık derecelerinin belirlenmesi.....	30
3.3.4. PCR reaksiyon koşulları.....	32
3.3.5. PCR ürünlerinin poliakrilamid jel elektroforezinde görüntülenmesi.....	33
3.3.6. Moleküler veri analizleri.....	33
4. BULGULAR.....	35
4.1. Morfolojik Karakterizasyon Bulguları.....	35
4.1.1. Genotiplerin yalancı gövde özellikleri değerleri.....	35
4.1.2. Genotiplerin yaprak özellikleri değerleri.....	36
4.1.3. Genotiplerin çiçek özellikleri değerleri.....	37
4.1.4. Genotiplerin ağırlık değerleri.....	39
4.2. Moleküler Karakterizasyon Bulguları.....	40
5. TARTIŞMA VE SONUÇ.....	44
KAYNAKLAR.....	48
EKLER.....	57
ÖZGEÇMİŞ.....	61

## SİMGELER ve KISALTMALAR DİZİNİ

<b>Simgeler</b>	<b>Açıklama</b>
g	Gram
mg	Miligram
kcal	Kilokalori
°C	Santigrat Derece
%	Yüzde Oran
bç	Baz çifti
cm	Santimetre
M	Molar
mM	Milimolar
mg	Miligram
mL	Mililitre
µL	Mikrolitre
mm	Milimetre
dk	Dakika
sn	Saniye
ng	Nanogram
nm	Nanometre

<b>Kısaltmalar</b>	<b>Açıklama</b>
AFLP	Çoğaltılmış Parça Uzunluk Polimorfizmi
APS	Amonyumpersülfat
CAPS	Kesilip Çoğaltılmış Polimorfik Diziler
CTAB	Cetyl trimethylammonium bromide
DNA	Deoksiribonükleik asit
dNTP	Deoksiribonükleotidtrifosfat
EDTA	Etilendiamin tetraasetik asit
EST	İfade Edilmiş Dizi Etiketleri
FAO	Gıda ve Tarım Örgütü
ISSR	Basit Tekrarlı Diziler Arası Polimorfizmi
NCBI	Ulusal Biyoteknoloji Bilgi Merkezi
PCR	Polimeraz Zincir Reaksiyonu
PIC	Polimorfizm Bilgi İçeriği
RAPD	Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA
RFLP	Sınırlı Parça Uzunluk Polimorfizmi
RNA	Ribonükleik asit
SNP	Tek Nükleotid Polimorfizmi
SRAP	Dizi İlişkili Çoğaltılmış Polimorfizmi
SSR	Basit Bizi Tekrarları
<i>Taq</i>	<i>Thermus Aquaticus</i>
TE	Tris-EDTA

TEMED	Tetrametil-Etilendiamin
TRAP	Hedef Bölge Çoğaltım Polimorfizmi
TÜİK	Türkiye İstatistik Kurumu
UPGMA	Aritmetik Ortalama ile Ağırlıksız Çift Grup Metodu
UPOV	Uluslararası Yeni Bitki Çeşitlerinin Korunması Birliđi



## ŞEKİLLER DİZİNİ

	<b>Sayfa</b>
Şekil 3.1. Araziye dikimden önce pırasa fideleri .....	21
Şekil 3.2. Araziye dikimden 53 gün sonra pırasa bitkileri.....	22
Şekil 3.3. Araziye dikimden 81 gün sonra pırasa bitkileri.....	22
Şekil 3.4. Pırasada gövde çapı ve yalancı gövde uzunluğunun ölçüldüğü bölgeler .....	24
Şekil 3.5. Pırasa yaprağının uzunluğunun ve genişliğinin ölçüldüğü bölgeler .....	25
Şekil 3.6. Yaprak-gövde açısı ölçümü .....	25
Şekil 3.7. Bitki örneklerinin liyofilizatörde (Christ Alpha 1-4 LD Plus) kurutulması ..	28
Şekil 3.8. Kullanıma hazır poliakrilamid jel .....	34
Şekil 3.9. Hazırlanan jelin cihaza yerleştirilmesi.....	34
Şekil 4.1. 16 yerel pırasa genotipinde gerçekleştirilen moleküler analiz sonucu DICE benzerlik matrisine göre elde edilen UPGMA dendrogramı.....	43



## ÇİZELGELER DİZİNİ

### Sayfa

Çizelge 1.1. Pırasanın (100 g) besin içeriği .....	3
Çizelge 3.1. Çalışmada kullanılan genotipler ve toplandığı yerler .....	20
Çizelge 3.2. Yalancı gövdenin tabanında baş oluşumu skalası.....	26
Çizelge 3.3. Çiçek açma dönemi skalası.....	27
Çizelge 3.4. Yaprak rengi skalası.....	27
Çizelge 3.5. Çalışmada kullanılan SSR primerleri .....	31
Çizelge 4.1. Genotiplerin yalancı gövde çapı, yalancı gövde uzunluğu ve yalancı gövdenin tabanında baş oluşumu verileri .....	36
Çizelge 4.2. Genotiplerin toplam yaprak sayısı, yaprak boyu, yaprak genişliği, yaprak – gövde açısı değerleri ve yaprak rengi .....	38
Çizelge 4.3. Genotiplerin çiçek şemsiyesi çapı, çiçek şemsiyesi sapı çapının değerleri ve çiçek açma dönemi .....	39
Çizelge 4.4. Genotiplerin ağırlık değerleri.....	40
Çizelge 4.5. Pırasa genomu için optimize edilen primerlere ait veriler .....	41
Çizelge 4.6. 16 yerel pırasa genotipinde gerçekleştirilen moleküler analiz sonucu elde edilen Dice benzerlik matrisi.....	42

## 1. GİRİŞ

İnsanoğlu, yaşamının devamlılığı için yeterli ve sağlıklı beslenmek zorundadır. Hayvansal besinlerin yanında bitkisel besinlerin tüketimi de dengeli beslenmenin temel şartıdır (Onur ve diğerleri, 2017). Özellikle sebzeler insan sağlığı açısından son derece önemlidir (Sezgin, 2014). Sebzeler vitamin ve mineral zenginliği bakımından birçok sağlık problemini önleme ve tedavi etme fonksiyonlarına sahiptir (Eriş ve Yanmaz 1979).

Pırasa (*Allium ampeloprasum* var. *porrum* L.), soğan (*Allium cepa*) ve sarımsak (*Allium sativum*) gibi *Allium* cinsine ait yenilebilir türler hem besinsel özellikleri hem de biyolojik aktiviteleri bakımından dünyada en çok tüketilen sebze türleri arasındadır (Bernaert ve diğerleri, 2013; Golubkina ve diğerleri, 2019). Bu türler genel olarak Asya, Avrupa, Kuzey Amerika ve Kuzey Afrika gibi dünyanın kuzey yarım küresine dahil olan bölgelerde geniş çapta yayılış göstermiştir (Atik ve Dıraman, 2009). Her ne kadar ticari olarak yenilebilir türlere odaklanılsa da taksonomik araştırmalar *Allium* cinsinin yaklaşık 700 tür içerdiğini göstermektedir (Dubouzet ve Shinoda, 1999).

Pırasa (*Allium ampeloprasum* var. *porrum* L.), Liliopsida sınıfında, Asparagales takımına dahil olan, Alliaceae familyası altında sınıflandırılan *Allium* cinsine ait bir sebze türüdür (Sarı ve diğerleri, 2020). Pırasanın kültüre alınma sürecine dair ayrıntılı bilgi bulunmamaktadır. Ancak milattan önce 3000'den günümüze kadar yetiştirilip tüketildiği bildirilmiştir. *Allium ampeloprasum*, pırasanın yabani atası olarak kabul edilmektedir (H. B. C. 1860; Kik ve diğerleri, 1997). *Allium ampeloprasum* kompleksinin yabani pırasa, Avrupa pırasa çeşitleri, Mısır kurrat ve büyük başlı sarımsak (Elephant Garlic) olmak üzere dört gen havuzundan oluştuğu bilinmektedir (Guenauoui ve diğerleri, 2013). Pırasanın kültüre alınmış ilk çeşitlerinin Akdeniz bölgesinde ortaya çıktığı tahmin edilmektedir (Gilreath ve diğerleri, 2008). Daha sonra Türkiye'nin de dahil olduğu Akdeniz ülkelerini kapsayan bölge başta olmak üzere; Akdeniz adaları, Afrika'nın kuzeyi, Asya'nın güneybatısı ve Avrupa'nın güney bölgelerine kadar uzanan geniş bir coğrafyada yayılış gösterdiği bildirilmiştir (Guenauoui ve diğerleri, 2013; García-Herrera ve diğerleri, 2014). Gün uzunluğuna olan

duyarsızlığı, dünyanın birçok yerinde yetiştirilmesine olanak sağlamaktadır (Alan ve diğerleri, 2016).

Pırasa uzun, silindirik şekildeki yalancı gövdesi ve yaprakları için yetiştirilir (Bernaert ve diğerleri, 2021). Yalancı gövdesi tüketim için daha kullanışlı iken yaprakları daha az tercih edilmektedir. Ancak son zamanlar da laktik asit fermantasyonu uygulaması, yaprakların değerlendirilmesi konusunda potansiyel bir işleme yöntemi olarak görülmektedir (Bernaert ve diğerleri, 2013). Pırasanın birden fazla kullanım alanı vardır. Genel olarak pişirilerek veya haşlanarak tüketilmektedir. Bununla birlikte salatalarda taze olarak da tercih edilmektedir. Aynı zamanda kurutularak baharat formunda değerlendirilmekte ve çorba ve yemeklere tat vermek için kullanılmaktadır (Burt ve diğerleri, 1999; García-Herrera ve diğerleri, 2014). Pırasa sadece gıda olarak değil aynı zamanda ilaç olarak da kullanılır. Ezilmiş dokularından elde edilen özün tüketilmesi ile öksürük, mukus salgısı ve boğaz ağrısı gibi rahatsızlıkların tedavi edildiği bildirilmiştir (Adão ve diğerleri, 2011).

Pırasa insan sağlığı açısından önemli bir bitki türüdür. Yüksek antioksidan kapasitesi ve içerdiği organik kükürlü bileşikleri sayesinde hastalıklara karşı koruyucu işlev kazanmıştır (Golubkina ve diğerleri, 2019). Düzenli tüketiminin prostat kanseri, mide kanseri ve meme kanseri gibi birçok kanser türünün riskini azalttığı ve kardiyovasküler hastalıkların gelişimini önlediği bildirilmiştir (Bianchini ve Vainio, 2001; Kratchanova ve diğerleri, 2010; Atik ve Dıraman, 2019). Tüm *Allium* türlerinde olduğu gibi pırasada önemli seviyede  $\beta$ -karoten, lutein, E vitamini ve C vitamini içermektedir (Bernaert ve diğerleri, 2013). Aynı zamanda pırasa iyi bir inülin kaynağıdır. İnülin, sindirim sistemindeki işlevi sayesinde prebiyotik olarak bilinmektedir. Koruyucu ve tedavi edici birçok fonksiyona sahiptir. Karaciğer yağlanmasını azaltır. Bağışıklık sistemini ve kan şekerini düzenler. Düşük kalori içeriğine sahip olması sebebiyle diyet ürünlerinde de yaygın olarak tercih edilmektedir. 100 g pırasa ortalama 6,5 g inülin içermektedir (Yabancı, 2010). Pırasa uzun yıllar enflamatuar semptomların tedavisinde ilaç olarak kullanılmıştır. Sindirim sistemi hastalıklarında, özellikle midede meydana gelen sorunlarda tedavi edicidir.

Günümüzde kullanılan sentetik ilaçların yan etkileri dikkate alındığında yüksek antioksidan kapasitesi ile birlikte bağışıklık sistemini güçlendirici ve antienflamatuvar etkileri sebebiyle pırasa tüketiminin önemi daha iyi anlaşılmaktadır. Pırasanın 100 g'ı ortalama 35 kcal olup besin içeriği Çizelge 1.1' de verilmiştir (Dey ve Khaled, 2015).

**Çizelge 1.1.** Pırasanın (100 g) besin içeriği (Dey ve Khaled, 2015)

Bileşikler	Miktar (g)	Mineraller	Miktar (mg)	Vitaminler	Miktar (mg)
Su	86,00	Sodyum	9,00	Tiamin (B1)	0,10
Lif	3,30	Potasyum	310,00	Riboflavin (B2)	0,05
Protein	1,90	Kalsiyum	63,00	Niasin (B3)	0,60
Toplam yağ	0,40	Magnezyum	10,00	B6 Vitamini	0,25
Karbonhidrat	5,90	Demir	1,10	C Vitamini	18,00
Kül	1,00	Çinko	0,40	E Vitamini	0,92

Pırasa, dünyada ticari olarak en çok üretilen sebzeler arasındadır (Ozgun ve diğerleri, 2011). Gıda ve Tarım Örgütü (FAO)' nün 2020 yılına ait kaynaklarında dünyadaki pırasa üretimine dair sayısal veriler diğer soğanlı bitkilerin üretim verileri ile birlikte kaydedilmiştir. Bu bilgilere göre pırasanın dünya çapında üretimi incelendiğinde 133 553 hektar alandan 2 119 948 ton verim elde edildiği görülmektedir. Bu üretim miktarının %97'si Asya ve Avrupa kıtalarında gerçekleşmektedir. Endonezya, Türkiye, Belçika, Fransa ve Güney Kore pırasa ve diğer soğanlı sebzelerin üretiminde önemli ülkelerdir (FAO, 2020). Türkiye İstatistik Kurumu (TÜİK)'nün verilerine göre Türkiye'de 2020 yılında 70 958 dekar alandan 225 480 ton ürün elde edilmiştir. İzmir (44 341 ton), Bursa (39 437 ton), Samsun (25 707 ton), Mersin (20 025 ton) ve Balıkesir (11 202 ton) Türkiye'de pırasa yetiştiriciliğinin en fazla yapıldığı illerdir (TÜİK, 2020).

Pırasanın gelişimi için optimum sıcaklık seviyesi 15-25°C arasında olmalıdır. Sıcak ve nemli bölgeler pırasa yetiştiriciliği için uygun değildir (Burt ve diğerleri, 1999; Shelke ve diğerleri, 2020). Pırasa diğer *Allium* türlerine göre soğuk havaya karşı daha toleranslıdır (Bernaert ve diğerleri, 2012). Gelişimi 2-3 °C 'ye kadar devam eder ancak 0 °C'de durur (Kocakaya, 2019). Pırasa her toprak tipinde yetişmekle birlikte humuslu, iyi drene edilmiş nötr veya hafif alkali topraklarda verim ve kalite artmaktadır (Burt ve diğerleri, 1999; Kocakaya, 2019). Toprak tuzluluğuna orta derecede duyarlıdır (Kiremit ve Arslan, 2016).

Pırasa yetiştiriciliği örtüaltında ve açıkta yapılmaktadır. Yaz, sonbahar ve kış hasatları ile birlikte yıl boyunca taze olarak pazara sunulmaktadır (Kolota ve Adamczewska-Sowinska, 2007). Yazlık, sonbaharlık ve kışlık olarak ayrılan pırasa çeşitlerinin morfolojilerinde bir takım farklılıklar mevcuttur. Yazlık çeşitlerin yaprak renkleri sarımsak yeşildir ve yalancı gövdeleri uzundur. Çok hızlı gelişim gösterirler ancak dona karşı duyarlıdırlar. Sonbahar çeşitlerinin yaprak rengi soluk yeşildir. Yalancı gövde uzunlukları yazlık ve kışlık çeşitlere kıyasla ortadır. Hızlı gelişim gösterirler ve dona karşı yazlık çeşitlere göre biraz daha toleranslıdırlar. Kışlık çeşitlerin yaprak rengi ise mavimsak yeşil renktedir. Genelde kışlık çeşitlerin yalancı gövde uzunluğu yazlık ve sonbahar çeşitlerine göre daha kısadır. Yavaş gelişim gösterirler ancak dona karşı dayanıklıdırlar (De Clercq ve diğerleri, 1999). Pırasaların dona karşı dayanıklılığı plastik film, saman veya kağıt gibi materyallerle malçlama yapılarak artırıldığı bildirilmiştir (Kolota ve Adamczewska-Sowinska, 2007). Yapraklar yalancı gövdeden daha güçlü antioksidan kapasitesine sahiptir. Antioksidan kapasitesi, toplam fenol ve askorbat içeriği en yüksek seviyede olan çeşitler kışlık çeşitlerdir. En düşük seviyede olan çeşitler ise sonbahar çeşitleridir (Bernaert ve diğerleri, 2012).

Pırasa otsu bir bitkidir. Yaprakları hızlı ve kuvvetli gelişim gösterir. Yaprak, yaprak kını ve ayasından oluşur. Taze yapraklar daima en iç kısımda meydana gelir. Birbiri içinden çıkan yaprakların kınları yalancı gövdeyi oluşturur (Kaska, 2013). Pırasa aynı zamanda iki yıllık bir türdür. İlk yıl vejetatif gelişimini tamamlar. İkinci yılda ise çiçek sapı meydana getirir. Çiçek sapı, üzerinde onlarca çiçek içeren şemsiye şeklindeki çiçek topunu oluşturur. Çiçek şemsiyesi ilk zamanlarda bir zar ile çevrilidir. Zamanla bu zar açılır ve çiçek şemsiyesi serbest kalarak çiçekler faaliyete başlar (Akgün, 2018). Çiçeklerin renkleri beyaz, pembe ve mor renklerin türevleridir (Kaska, 2013). Hermofrodit çiçek yapısına sahiptir (Sivritepe, 2017) ve çiçeklerde genellikle protandri görülür (Kaska ve diğerleri, 2016). Pırasa yaklaşık %80 oranında yabancı, %20 oranında da kendine tozlanan bir türdür (Khazanehdari ve Jones, 1997). Haziran, Temmuz ve Ağustos ayları çiçek açma dönemleridir. Eylül ve Ekim aylarında ise tohumlar olgunlaşmaktadır (Kocakaya, 2019). Tozlaşma böcekler tarafından

gerçekleştirilir. Tozlaşma ve dölleme sonucu oluşan tohumların rengi siyahtır ve tohumların buruşuk bir görüntüsü vardır (Akgün, 2018).

Pırasa büyük bir genomu sahiptir (50.27 pg/2C) (Arumuganathan ve Earle, 1991). Aynı zamanda tetraploid bir türdür ve 32 kromozomu vardır. ( $2n=4x=32$ ). Birçok otorite tarafından autotetraploid olarak kabul edilir (Smith ve Crowther, 1995; Khazanehdari ve Jones, 1997). Pırasada kendileme çalışmaları, şiddetli kendileme depresyonu ile sonuçlanır (De Clercq ve diğerleri, 2003). Kendileme depresyonu, homozigot hatların geliştirilmesinin önünde büyük bir engeldir (Alan ve diğerleri, 2016). Yabancı tozlanma sebebiyle pırasa bitkilerinde yüksek oranda heterozigotluk görülmektedir. Pırasada açık tozlanan standart çeşitler hala yaygın olarak yetiştirilmesine rağmen hibrit çeşitler yavaş yavaş standart çeşitlerin yerini almaktadır (De Clercq ve diğerleri, 2003). Pırasada ilk hibrit çeşitler sitoplazmik erkek kısırlığını indükleyen genin, soğandan pırasaya aktarılması sonrası sitoplazmik erkek kısırlığının pırasada da kullanılması ile üretilmiştir (Peterka ve diğerleri, 2002). Hibrit pırasalar, standart çeşitlere göre daha homojendir ve önemli ölçüde daha yüksek verime sahiptir (Cebeci ve Hancı, 2014). Pırasa ıslah programlarının ana hedefi pazarlaması kolay tekdüze bitkiler elde etmektir. Aynı zamanda yüksek verime sahip hastalık ve zararlılara dayanıklı çeşitler arzu edilir (Khazanehdari ve Jones, 1997). Ancak yerel popülasyonların yerini zamanla hibrit çeşitlerin alması bu kaynakların yok olma sürecini hızlandırmaktadır (Bilir, 2016). Bu nedenle ülkemizdeki yerel pırasa genotiplerinin ivedilikle toplanarak koruma altına alınması gerekmektedir. Yerel popülasyonlar bitki gen kaynaklarının önemli bir parçasıdır. Ayrıca yerel popülasyonlar, gösterdiği varyasyonlar sayesinde olağandışı ekolojik gelişmelere karşı yüksek adaptasyon yeteneğine sahiptirler. Yerel popülasyonlarda meydana gelen varyasyonların moleküler ve morfolojik olarak karakterize edilmesi, genetik kaynakların korunması hususunda önem arz etmektedir (Geboloğlu ve diğerleri, 2017).

Bitkisel gen kaynaklarının tanımlanmasında kullanılan morfolojik karakterizasyon çalışmaları bitkilerin fenotipinin çevre koşullarından kolayca etkilenmesinden dolayı yetersiz kalmaktadır. Aynı zamanda uzun zaman ve yoğun işgücü gerektirmektedir.

Morfolojik karakterizasyon çalışmalarının, moleküler karakterizasyon ile desteklenmesi ile kısa sürede daha güvenilir ve kesin sonuçlar alınmaktadır (Sarıkamış, 2014).

Yukarıda da ifade edildiği gibi pırasa iki yıllık yaşam döngüsüne sahiptir. Yaklaşık %80 oranında yabancı tozlanması sebebiyle bitkilerde heterozigotluk görülmektedir. Aynı zamanda kromozom yapısı tetraploittir ve genomu oldukça büyüktür. Kendilendiğinde şiddetli kendileme depresyonu meydana gelmektedir. Pırasanın sahip olduğu bu özellikler, klasik metotlarla yapılan ıslah çalışmalarını zorlaştırmakta ve çok uzun sürmesine neden olmaktadır (Peterka ve diğerleri, 2002; Kaska, 2013). Bununla birlikte pırasanın genetik özellikleri yeteri kadar bilinmemektedir. Genotipler arasında ortaya çıkan varyasyonların morfolojik ve moleküler düzeyde tespit edilmesi ıslah çalışmaları açısından son derece önemlidir (Filjushin ve diğerleri, 2011). Ayrıca gen bankalarında bulunan pırasa genotiplerinin karakterize edilmesi, koruma altına alınmış pırasa genotiplerinin özelliklerinin ortaya çıkarılmasına ve bu türde yapılacak araştırmaların planlamasına katkıda bulunmaktadır.

Moleküler düzeyde genetik varyasyonun tespiti için farklı özellikte birçok deoksiribonükleik asit (DNA) markör tekniği olmasına rağmen, son yıllarda en çok tercih edilen markör tekniklerinden birisi mikrosatelit (minisatelit) veya basit dizi tekrarları (SSR) markör tekniğidir. SSR markör tekniği Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR) temelli olması, eş-baskın özellikte olması, güvenilirliği ve polimorfizminin yüksek olması nedenleriyle diğer PCR temelli Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA (RAPD), Çoğaltılmış Parça Uzunluk Polimorfizm (AFLP), Basit Tekrarlı Diziler Arası Polimorfizm (ISSR) gibi baskın markör tekniklerine göre daha çok kullanılmaktadır. RAPD, ISSR, AFLP gibi markör teknikleri için geliştirilen primerler tüm bitki türlerinde kullanılabilirken, SSR markörleri için her türe özgü primerlerin tasarlanması gerekmektedir. Bu primerler her türde basit dizi tekrarı içeren DNA bölgelerinin iki ucundan tasarlanmakta, bunun için de basit dizi tekrarları taşıyan DNA bölgelerinin nükleotid dizilerinin belirlenmesi gerekmektedir. İlk zamanlar SSR markörlerinin geliştirme maliyeti çok yüksekti. İlk geliştirilen SSR markörleri için bir türün genomik kütüphaneleri hazırlanmakta ve bu kütüphanelerde basit dizi tekrarları bulunan genomik bölgelerin nükleotid dizileri belirlenmekteydi. Bu nedenle SSR markörlerin geliştirilmesi

oldukça maliyetli ve zaman alıcıydı. Günümüzde yeni nesil DNA dizileme teknolojisinin gelişmesi ile birlikte binlerce bitki türünün ve tür içindeki genotiplerin DNA ve ribonükleik asit (RNA) dizileri belirlenmiş ve bu diziler Ulusal Biyoteknoloji Bilgi Merkezi (NCBI) gibi DNA dizi veri bankalarında araştırmacıların kullanımına sunulmuştur. Günümüzde DNA veri banlarındaki diziler kullanılarak SSR markörleri çok daha ekonomik ve hızlı bir şekilde geliştirilebilmektedir (Li ve diğerleri, 2018). Geliştirilen SSR markörleri için kullanılan primer bölgeleri türler arası korunmuş diziler içermesi durumunda bu SSR markörleri yakın akraba türlerinde de kullanılabilir (Ipek ve diğerleri, 2015).

Soğan ve sarımsak genomları için son yıllarda yüzlerce SSR markörleri geliştirilmiş olmasına rağmen pırasa için geliştirilen SSR markörleri sınırlı sayıdadır (Lee ve diğerleri, 2011; Jayaswall ve diğerleri, 2019). Büyük bir genoma sahip olan pırasada genetik çalışmaların ve genetik haritaların daha kapsamlı bir şekilde yapılabilmesi için fazla sayıda SSR markörlerin geliştirilmesi gerekmektedir.

Bu çalışmanın amacı, Türkiye'nin farklı bölgelerinde yetiştirilen 16 yerel pırasa genotipini UPOV kriterlerini de dikkate alarak belirlenen parametreler ile birlikte karakterize etmek ve çeşitler arasındaki fenotipik varyasyonu tespit etmektir. Aynı zamanda bu çalışmanın bir diğer amacı, daha önceden sarımsak genomunda ifade olan (mRNA) DNA bölgelerinde geliştirilmiş SSR markörlerinin (Ipek ve diğerleri, 2015) pırasada da kullanılabilirliğini belirlemek ve uygun bulunan SSR markörler ile 16 yerel genotipi moleküler düzeyde tanımlayarak, çeşitler arasındaki genetik varyasyon ve ilişkiyi saptamaktır. Moleküler ve morfolojik özellikleri karakterize edilecek olan 16 yerel pırasa genotipi, gelecekteki ıslah çalışmaları için ıslahçılara materyal ve bilgi sağlayacaktır. Ayrıca pırasa genomu için geliştirilmiş yeni SSR markörleri pırasada ileride yapılacak genetik ve ıslah çalışmalarına katkıda bulunabilecektir.

## 2. KURAMSAL TEMELLER VE KAYNAK ARAŞTIRMASI

### 2.1. Kuramsal Temeller

Bitki gen kaynaklarının tanımlanmasında morfolojik ve moleküler markörler yaygın olarak kullanılmaktadır. Morfolojik markörler çiçek rengi, bitki boyu, yaprak rengi veya meyve ağırlığı gibi fenotipik özellikler aracılığıyla farklı genotipler arasındaki çeşitliliği belirlemektedir. Moleküler markörler ise ökaryotik genomlarda bir bölgeyi temsil ederler ve çeşit, tür, cins gibi grupların bireyleri arasındaki farklılığın DNA düzeyinde belirlenmesinde rol oynarlar (Gülşen ve Mutlu, 2005; Yorgancılar ve diğerleri, 2015). Moleküler markörler genetik haritalama çalışmalarında, genotipler arası akrabalık derecelerinin tespit edilmesinde, çeşitlerin tescil sürecinde, hibrit ıslahı çalışmalarındaki ebeveyn hatların seçiminde, kültür çeşitlerinin ve gen kaynaklarının karakterize edilmesinde yaygın olarak kullanılmaktadır (Yorgancılar ve diğerleri, 2015). Moleküler markörler, PCR' nin keşfi ile PCR temelli olmayan markörler ve PCR temelli markörler olmak üzere iki gruba ayrılmıştır. Sınırlı parça uzunluk polimorfizmi (RFLP,) PCR temelli olmayıp, hibridizasyon temelli olan bir moleküler markör tekniğidir. RAPD, AFLP, SSR, ISSR, tek nükleotid polimorfizmi (SNP), Organel mikrosatellitleri, kesilip çoğaltılmış polimorfik diziler (CAPS), dizi ilişkili çoğaltılmış polimorfizm (SRAP), ifade edilmiş dizi etiketleri (EST) ve hedef bölge çoğaltım polimorfizmi (TRAP) PCR temelli moleküler markör teknikleridir (Filiz ve Koç, 2011).

SSR'lar az miktarda DNA'ya ihtiyaç duyulması, genomda bol ve rastgele bulunması, yüksek oranda polimorfizm içermesi gibi avantajlarından dolayı son zamanlarda en çok kullanılan moleküler markörler arasındadır (Kesawat ve Das, 2009; Filiz ve Koç, 2011). SSR'lar ökaryotik genomlarda tekrar eden ardışık, kısa DNA dizileridir. Bu diziler 1-6 baz çifti (bç) uzunluğundadır. SSR'ların sağında ve solundaki diziler biliniyorsa bu dizilere uygun 20-25 bç uzunluğunda primerler tasarlanır. Tasarlanan primerler sayesinde az miktarda DNA kullanılarak PCR ile söz konusu mikrosatellitler çoğaltılmaktadır. DNA replike olurken yanlış eşleşmeler, dizilerin atlanması, düzensiz parça değişimi (crossing-over) gibi durumlar meydana gelmektedir. Bu gibi durumlar ardışık tekrar dizilerinin sayılarında farklılığa neden olmaktadır. Ortaya çıkan bu

farklılık bireyler arasında var olan varyasyonu ifade etmektedir (Schlötterer, 2004; Kesawat ve Das, 2009; Filiz ve Koç, 2011; Yorgancılar ve diğerleri, 2015). SSR markör tekniğinin avantajları olduğu gibi dezavantajları da bulunmaktadır. Mikrosatelit bölgelerinde bol miktarda meydana gelen mutasyonlar sebebiyle primerlerin yapışma bölgeleri değişime uğramaktadır ve anlamsız alleller ortaya çıkmaktadır. Bu durum genotiplerin hatalı skorlanmasına yol açabilmektedir (Kesawat ve Das, 2009; Filiz ve Koç, 2011). Mikrosatelit primerlerini geliştirmek için uzun zamana ihtiyaç duyulması ve ekonomik olarak pahalı olması SSR markör tekniğinin diğer bir dezavantajıdır (Gülşen ve Mutlu, 2005). Ancak son yıllarda yeni nesil DNA dizileme teknolojileri ile SSR markörleri çok daha hızlı, ekonomik ve fazla sayıda tüm bitki türleri için geliştirilebilmektedir.

## 2.2. Kaynak Araştırması

De Clercq ve diğerleri (1999) Belçika'nın yerel pırasa çeşitlerini yaprak rengi, yaprak dikliği, *Alternaria porri*, *Puccinia allii* ve *Phytophthora porri*'ye dayanıklılık, gövde uzunluğu, soğan oluşumu ve verim gibi morfolojik parametreler ile tanımlamışlardır. Çalışmada 50 farklı genotip kullanılmıştır. Analiz sonucunda, genotiplerden dördünün sonbahar çeşitleri olduğu, iki yerel çeşidin erkenci kışlık tipinde olduğu ve diğer on iki genotipin kışa en (geççi kışlık) dayanıklı pırasa grubunu oluşturduğu saptanmıştır. Belçika yerel çeşitlerinin özellikle geç sezonda yüksek verim gösterdiğini bildirmişlerdir.

De Clercq ve diğerleri (2003), pırasada kendileme derecesi ile tarımsal performans arasındaki ilişkiyi sistematik bir şekilde incelemişlerdir. Elde edilen sonuçlar, kendileme ile fide çıkışı, bitki büyümesi ve bitki taze verimi gibi canlılık için önemli olan bazı tarımsal karakterler arasında negatif bir korelasyon bulunmuştur. Aynı zamanda kendileme derecesi ile tohum bireysel ağırlığı arasında ve kendileme derecesi ile tohum boyutu arasında da negatif korelasyon bulunmuştur. Yabancı tozlanma ile hasattaki bitki ağırlığı arasındaki negatif ilişki, analiz edilen her bir yavru bitkinin kökeninin AFLP markörleri kullanılarak belirlendiği bir deneyde ayrıca doğrulanmıştır. Son olarak, klorofil eksikliği genleri ile kendilemeyi takip eden güç kaybı arasındaki

ilişki araştırılmıştır. Elde edilen sonuçlar, iki nesil kendileme sonunda pigment içeriğinde önemli bir azalma olduğunu göstermiştir.

Ma ve diğerleri (2009) sarımsak için geliştirilen 8 yeni polimorfik SSR markörü ile 90 sarımsak aksesyonunu tanımlamışlardır. Çalışılan SSR markörleri lokus başına ortalama 8 allel olmak üzere toplamda 64 allel üretmiştir. Polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değerinin ortalaması 0,62, ortalama genetik benzerlik katsayısı ise 0,44 bulunmuştur. Sonuçlar sarımsak aksesyonları arasında yüksek oranda genetik varyasyon olduğunu göstermiştir.

Santos ve diğerleri (2010) Brezilya'nın tropikal ve subtropikal koşullarında yetiştirilen 44 soğan çeşidinde, SSR markör tekniğini kullanarak moleküler karakterizasyon çalışması gerçekleştirmişlerdir. 13 SSR lokusunun 40 allelinin, 44 soğan çeşidinin tümünü ayırt etmek için yeterli olduğu ifade edilmiştir. Dendrogramda tanımlanan yedi soğan çeşidi grubu, önceden tanımlanmış çeşitlerin agronomik tipi ile uyum içinde olduğunu göstermiştir.

Lee ve diğerleri (2011) çeşitli türlerden oluşan *Allium* cinsinin genetik analizi için, *Allium sativum*'dan 50 adet aktarılabılır ve polimorfik SSR markörü elde etmişlerdir. Bu markörleri 5 *Allium* türünde aktarılabılırlik açısından test etmişlerdir. Amplifiye olmuş alellerin ortalama sayısı 1,45 ile 1,91 arasında değişmiştir. *Allium tuberosum*'un aksesyonları GB-AS-104 SSR markörü ile aksesyon başına maksimum 4,8 allel içermiştir. *Allium* bölümüne ait *Allium porrum* %73 aktarılabılırlik gösterirken, *Allium altaicum* ve *Allium fistulosum* sırasıyla %47,6 ve %48 oranında düşük aktarılabılırlik göstermiştir. SSR markörleri ile yapılan filogenetik analizlerdeki sonuçlar, *Allium* cinsinin önceki sınıflandırmalarından sapmadığını göstermiştir. SSR markörlerinin başarılı amplifikasyon oranı genellikle genetik mesafe ile ilişkili olduğundan, bu SSR markörlerinin, *Allium* türleri arasındaki genetik ilişkilerin analizlerinde kullanılabilceği vurgulanmıştır.

Zhao ve diğerleri (2011), Kore Cumhuriyeti Ulusal Kırsal Kalkınma İdaresi Başkanlığı tarafından korunan toplam 613 sarımsak aksesyonunda genetik çeşitliliği ve popülasyon

yapısını deęerlendirmek için 8 SSR markörü ile moleküler karakterizasyon çalışması gerçekleştirmişlerdir. Toplam 113 allel tespit edilmiştir. Locus başına ortalama 14,1 allel saptanmıştır. Sonuç olarak tüm alelleri yakalayan 95 aksesyonluk bir çekirdek seti başarılı bir şekilde geliştirilmiştir. Geliştirilen çekirdek setinde temel olarak genetik mesafeye dayalı, kümeleme ile tutarlı olan dört alt popülasyonun varlığı ortaya çıkmıştır.

Mousavi ve dięerleri (2011) İran pırasasının taksonomik konumunu belirlemek için farklı İran pırasası örneklerinin morfolojik ve çiçek özelliklerini incelemişlerdir. Sonuçlar, *Allium ampeloprasum* L.'nin türevleriyle yakın bir ilişkisi olduğunu göstermiştir. Aynı zamanda İran pırasa genotiplerinin kromozom sayısı açısından da tutarlı olduğu görülmüştür. Ancak genotipler kromozom morfolojisi açısından farklılık göstermiş ve karyogramları iki gruba ayrılmıştır. İran pırasasının en yakın yabancı formu olan *Allium iranicum* ile taksonomik kimliğine ilişkin şüpheler nedeniyle, ana soğanın dışındaki soğancıkların varlığı ve şekli, organların yapısı vb. açılardan morfolojik bir karşılaştırma yapılmıştır. Sonucunda İran pırasasının *Allium iranicum*' dan farklı tür olduğu doğrulanmıştır. Ancak doğada yabancı olarak yetiştiğine dair hiçbir kanıt olmadığı için bir kültür bitkisi olarak kabul edilebileceği belirtilmiştir. Çalışma İran pırasasının *Allium ampeloprasum*'un ayrı bir alt grubu olduğunu göstermiştir.

Mallor ve dięerleri (2011) İspanya'da ki 86 yerel soğan çeşidini morfolojik ve fiziko-kimyasal olarak karakterize etmişlerdir. Analizdeki parametreleri ağırlık, şekil, sertlik, çözünür kuru madde içerięi, acılık ve şeker içerięi olarak belirlemişlerdir. Sonuçlar, deęerlendirilen tüm özellikler yönünden soğan çeşitleri arasında büyük farklılıklar olduğunu göstermiştir. Acılık ile çözünür kuru madde içerięi, sertlik ve sakkaroz içerięi arasında önemli korelasyonlar tespit edilmiştir.

Jo ve dięerleri (2012) 7 SSR markörü ile 120 sarımsak aksesyonunda gerçekleştirdikleri analizde toplam 37 allel tespit etmişlerdir. Ortalama genetik çeşitlilik ve polimorfik bilgi içerięi deęerleri sırasıyla 0,59 ve 0,52 bulunmuştur. Yedi SSR primerinden elde edilen 37 allel ile 120 aksesyon arasındaki genetik ilişkiyi anlamak için bir filogram oluşturulmuştur. Sarımsak aksesyonları filogramda dört ana gruba ayrılmıştır. Birinci

grup “Aomori” aksesyonlarından, ikinci grup 64 aksesyondan, üçüncü grup 25 aksesyondan ve dördüncü grup 20 aksesyondan oluşmuştur. Sonuçlar genetik çeşitliliğin coğrafi bölge ile ilişkili olduğunu göstermiştir. Sarımsağın farklı coğrafi koşullara göre adaptasyonunda farklılıkların olabileceği saptanmıştır.

Jabbes ve diğerleri (2012) Tunus'ta yetiştiriciliği yapılan 31 yerel sarımsak genotipindeki organo-kükürt bileşiklerinin içeriği ile agro-morfolojik özellikleri açısından varyasyonunu araştırmışlardır. Alliin, isoalliin, glutamil allil sistein (GluAICs), isoglutamil allil sistein (isoGlu-AICs) ve allisin olmak üzere 5 organo-kükürt bileşiğinin kantitatif değişkenliğini incelemişlerdir. Bitki başına yaprak sayısı, yalancı gövde uzunluğu, baş kuru ağırlığı, bir diş ağırlığı, bir baş ağırlığı, baş çapı, bir baştaki diş sayısı, verim ve dormansiden çıkışa kadar geçen gün sayısı için aksesyon çeşitliliği değerlendirilmiştir. Verim ve organo-kükürt bileşikleri ile ilgili korelasyonlar gösterilmiştir. Toplam ölçülen organo-kükürt bileşikleri ile agro-morfolojik özelliklerden herhangi biri arasında bir ilişki bulunmamıştır. Verimin diş ağırlığı, baş ağırlığı ve çapı, bitki başına yaprak sayısı ve gövde uzunluğu gibi özelliklerden büyük ölçüde etkilendiği tespit edilmiştir.

Cunha ve diğerleri (2012) sarımsak için toplam 16 SSR markörü geliştirmişlerdir. 75 aksesyon taranmış ve 10 lokusun polimorfik olduğu bulunmuştur. Lokus başına ortalama 4,4 allel olmak üzere toplamda 44 allel tanımlanmıştır.

Cunha ve diğerleri (2014) Brezilya ve Brezilya dışından 130 sarımsak aksesyonunun genetik çeşitliliğini 17 polimorfik SSR markörü kullanarak tanımlamışlardır. Lokus başına ortalama 5 allel tespit edilmiştir. Hem modele dayalı Bayes yaklaşımı hem de hiyerarşik kümeleme teknikleri ile tanımlanan iki ana grup, aksesyonların olgunluk süresine göre sınıflandırılmasıyla uyumlu bulunmuştur.

Chen ve diğerleri (2014) Çin'den gelen 39 sarımsak çeşidinin genetik varyasyonunu 8 SSR ve 17 ISSR primer kombinasyonları ile araştırmışlardır. Aynı zamanda kullanılan moleküler markörler ile agro-morfolojik özellikler arasındaki ilişkiyi incelemişlerdir. Çalışmada her bir SSR primer kombinasyonu başına ortalama 4,63, her bir ISSR primer

kombinasyonu başına ortalama 4,29 polimorfik lokus tespit edilmiştir. Tespit edilen toplam polimorfik lokus sayısı 109 olmuştur. SSR ve ISSR için ortalama etkili allel sayısı 1,48 bulunmuştur. Allel frekans verilerine dayalı aritmetik ortalamalar ile ağırlıksız çift-grup yöntemini kullanan küme analizi, genotipleri üç gruba ayırmıştır.

Zaragoza Sebze Germplazm Bankası İspanyol soğan çeşitliliğinin temsil edildiği önemli bir *Allium cepa* L. koleksiyonuna sahiptir. Mallor ve diğerleri (2014) bu koleksiyondan toplam 85 İspanyol yerel soğan genotipini ve 6 ilgili *Allium* dış grubunu SSR markör tekniği ile incelemişlerdir. Sonuçlar, amplifiye edilen 18 SSR marköründen 12'sinin, çalışılan tüm aksesyonları ayırt etmek için polimorfik olduğunu göstermiştir. İspanyol soğanlarında toplam 47 allel bulunmuştur. SSR başına ortalama 3,9 allel saptanmıştır. 3 İspanyol soğan genotipinde 4 spesifik allel tespit edilmiştir. Bu sonuçlara göre tüm İspanyol yerel soğan genotipleri 0,69'luk bir genetik mesafede tek bir kümeye dahil edilmiş olup 6 ana küme ortaya çıkmıştır.

Anandhan ve diğerleri (2014) 7 soğan çeşidini, SSR markör tekniği ile çeşit kimliği açısından analiz etmişlerdir. Popülasyonun temsili bir profilini oluşturmak için 100 tohumluk havuzlanmış örnekler kullanılmıştır. Bununla birlikte 50 EST-SSR primeri kullanılmış olup 21'i polimorfik bulunmuştur. 8 primerin PIC değerinin 0,5'ten büyük olduğu ve 7 çeşidin tümünü ayırt etmek için yeterli olduğu ifade edilmiştir. Genetik benzerlik değeri 0,77 ile 0,92 arasında değişmiştir.

Abdou ve diğerleri (2015) Nijer'den toplanan 16 soğan genotipinin morfolojik çeşitliliğini, "Bioversity International" tarafından oluşturulan tanımlayıcıları kullanılarak analiz etmişlerdir. Deneme, Madaoua ve Saga-Gorou lokasyonlarında, dört tekerrürlü tesadüf blokları deneme desenine göre yapılmıştır. Gerçekleştirilen analizler sonucunda çeşitliliğin yaprak uzunluğu, çapı ve soğan ağırlığına göre üç gruba ayrıldığı görülmüştür. Niteliksel morfolojik karakterlere dayalı yapılan analizler ise Nijer soğan genotiplerini beş gruba ayırmıştır. Genotipler arasındaki en belirgin niteliksel değişkenler yaprak rengi, soğan şekli ve rengi, soğan şekli ve renginin tekdüzeliğidir. Nitel karakterlerden elde edilen gruplar ile nicel özelliklerden elde edilen gruplar

arasında herhangi bir ilişki bulunamamıştır. En büyük genetik mesafe, coğrafi olarak en uzak genotipler arasında gözlenmiştir.

Ipek ve diğerleri (2015) sarımsak genomu için yeni SSR markörleri geliştirmeyi hedeflemişlerdir. Öncelikle GarlicEST veri tabanındaki sarımsak EST'leri, SSR motifleri için taranmış ve toplam 132 SSR motifi tanımlanmıştır. Daha sonra 50 SSR motifi için primer çiftleri tasarlanmıştır. Bu primer çiftlerinden 24'ü SSR markörleri olarak seçilmiştir. Ek olarak, sarımsak cDNA-AFLP parçaları dizilerinden iki SSR markörü geliştirilmiştir. Genetik ilişkinin değerlendirilmesi için 26 EST-SSR markörü, 31 sarımsak genotipi kullanılarak test edilmiştir. 26 EST-SSR markörü 130 polimorfik DNA parçasını çoğaltmıştır. SSR markörü başına polimorfik allel sayısı 2 ila 13 arasındadır bulunmuştur. Ortalama allel sayısının 5 olduğu bildirilmiştir. SSR markörlerinin PIC değerleri 0,20-0,87 arasında bulunmuştur. Çalışmada ki 31 sarımsak genotipinden 21'i, önceki çalışmalarda (Ipek ve diğerleri, 2003) AFLP markörleri kullanılarak analiz edilmiş ve AFLP markörleriyle birlikte kümelenen sarımsak genotipleri de EST-SSR markörleriyle birlikte aynı şekilde gruplandırılmıştır. Bu durum AFLP ve EST-SSR markör sistemleri arasında yüksek uyum olduğunu göstermiştir.

Türk soğan aksesyonlarının genetik çeşitliliği ilk kez Hancı ve Gökçe (2016) tarafından incelenmiştir. Çalışma 83 Türk yerel çeşidi, 3 ıslah hattı ve 10 ticari çeşit olmak üzere toplam 96 çeşitte gerçekleştirilmiştir. Aksesyonların temsili bir profilini oluşturmak için 10 tohumluk toplu numuneler kullanılmıştır. Varyasyon 46 SSR lokusunda değerlendirilmiştir. Sonucunda 303'ü polimorfik, 308 allel belirlenmiştir. Sonuç itibarıyla oluşan dendrogramda, 96 aksesyonun beş ana kümede gruplandığı görülmüştür. Dice benzerlik katsayısı 0,41 ile 0,68 arasında değişmekte olup, ortalama 0,59 bulunmuştur. Sonuçlar, 46 SSR marköründe 44'ünün, çalışılan tüm aksesyonları ayırt etmek için uygun ve yeterince polimorfik olduğunu göstermiştir.

Rivera ve diğerleri (2016) Galiçya'dan toplanan 15 yerel soğan çeşidini 25 SSR markörü ile karakterize etmişlerdir. Bu koleksiyonda var olan genetik varyasyon Avrupa yerel soğan çeşitleri ile karşılaştırılmıştır. 20 markör polimorfiktir ve 121 allel saptanmıştır. Bu allellerin 91'i Galiçya grubunda tanımlanmıştır. Toplam allel sayısının

%9' u, Galiçya'dan gelen yerel soğan çeşitlerine özgü allellerdir. Sonuç olarak Galiçya soğanlarının Avrupa yerel çeşitlerinden farklı spesifik bir genomik bileşime sahip olduğu ortaya çıkmıştır.

Anwar ve diğerleri (2016) Mısır'da yaygın olarak yetiştirilen 20 sarımsak genotipinin genetik ilişkilerini SSR ve ISSR markörü kullanarak analiz etmişler ve bazı yabancı sarımsak genotipleri ile karşılaştırmalı olarak değerlendirmişlerdir. Analizde 16 SSR, 3 ISSR primeri kullanılmıştır. Hem SSR hem de ISSR markörleri ile klonlar arasında yüksek düzeyde polimorfizm bulunmuştur. Kullanılan tüm primerler tarafından tespit edilen toplam bant sayısı, 6 monomorfik, 5 genotipe özgü ve 64 polimorfik olmak üzere toplam 75'tir. SSR primerleri tarafından tanımlanan polimorfizm yüzdesi %33,3 - 100 arasında bulunmuştur. Bununla birlikte, çalışılan ISSR primerlerinin tümü, %100'ü polimorfik bulunmuştur. Test edilen tüm klonlar arasındaki genetik mesafe dendrogramında, örtüşen iki ana küme elde edilmiştir.

Adriana ve diğerleri (2016) Romanya'nın ilçelerinden (Timis, Arad ve Hunedoara) 16 yerel sarımsak genotipini Timisoara ve Cenad'da yetiştirmişlerdir. 4 yıl boyunca aynı koşullarda yetiştiricilik tekrarlanmıştır. Ardından morfolojik karakterlerin istatistiksel yorumu yapılmıştır. Sarımsak başlarının ağırlıkları ile ilgili olarak, Arad yöresel genotipleri önemli ölçüde daha yüksek değerler gösterirken, bunu bireysel değişkenliğin vurgulandığı Hunedoara genotipleri ve son olarak Timis sarımsak yöresel genotipleri izlemiştir. Ayrıca, Hunedoara ve Timis sarımsak yerel genotiplerinde, 4 yıl boyunca sürekli varyasyon görüldüğü bildirilmiştir. İlçelere göre kaynak alanlara bağlı olarak, analizi yapılan 16 yerel genotip içinde bariz bir farklılık gözlemlenmiştir. 4 yıl boyunca yetiştirilen yerel sarımsak genotiplerinin baş ağırlığı bakımından pazara uygunluğu saptanmıştır.

Sabir ve diğerleri (2017) 27 sarımsak aksesyonunun morfolojik ve moleküler özelliklerini tanımlayarak genetik çeşitliliğini incelemişlerdir. SSR markör tekniği ile 27 sarımsak genotipi analiz edilmiştir. Polimorfik bilgi içeriği değerleri 0,15 ile 0,42 arasında değişmekte olup, ortalama 0,02 bulunmuştur. Primer Asa-14 ve Asa 16'nın sarımsakta genetik çeşitlilik analizi için kullanılabileceği sonucuna varılmıştır. Ortalama

diş ağırlığı, bitki başına verim, soğan başına diş sayısı ve bitki boyu için varyasyonun genotipik ve fenotipik katsayıları yüksek bulunmuştur. Diş genişliği, bitki boyu ve yaprak uzunluğu, bitki başına verim, soğan başına diş sayısı, ortalama diş ağırlığı, yüksek kalıtsallık sergilemiştir.

Geboloğlu ve diğerleri (2017) 2014 yılında Türkiye'nin Tokat iline ait 38 sarımsak genotipinden adaptasyon yeteneği, gelişme gücü, baş ve diş özellikleri bakımından en iyi 22 genotip seçmiş ve 2015 yılında bu genotipler üzerinde morfolojik analiz yapmışlardır. Ayrıca morfolojik analizde en iyi performans gösteren 13 genotipin SSR markör tekniği ile moleküler karakterizasyonu da yapılmıştır. Çalışma sonunda genotiplerin bitki boyu 64,00-76,33 cm, yaprak sayısı 10,33-17,33, baş ağırlığı 17,04-41,97 g, diş sayısı 10,30-17,33 ve diş ağırlığı 1,30-4,09 g arasında bulunmuştur. Sonucunda genotipler arasındaki farklılığın önemli olduğu ortaya çıkmıştır. Bununla birlikte moleküler karakterizasyonda polimorfizm bulunmamıştır.

Barboza ve diğerleri (2018) sarımsak ve ilgili *Allium* (*Allium cepa*, *Allium fistulosum* ve *Allium tuberosum*) ve *Allium* olmayan tek çenekli türleri SSR markör tekniği ile analiz etmişlerdir. Analiz edilen *Allium* türleri arasında, sarımsak EST'leri en yüksek toplam SSR yoğunluğuna, en düşük trinükleotit frekansına ve en yüksek di- ve tetranükleotitlere sahip olduğu bildirilmiştir. Asparagales takımı dışında, daha uzaktan ilişkili tek çeneklilerle karşılaştırıldığında, *Allium* türlerinin EST'lerinin SSR yoğunluğu, frekans dağılımı, dizi motifleri ve GC içeriği açısından büyük ortak noktaları paylaştığı ifade edilmiştir. SSR markörlerinin önemli bir kısmı, pırasa, arpacık soğanı, frenk soğanı ve fil sarımsağı gibi henüz SSR markörlerinin geliştirilmediği türler de dahil olmak üzere *Allium* türleri arasında başarıyla aktarılmıştır. Her bir lokus için allel sayısı 2 ila 5 arasında olup toplam allel sayısı 36 bulunmuştur. PIC değeri 0,38'dir. Bu çalışmanın sonuçları, *Allium* transkriptomlarının karakterizasyonuna katkıda bulunmuştur. Polimorfizm ve aktarılabirlik analizlerinden elde edilen verilerle birlikte, geliştirilen yeni SSR markörlerinin sarımsak ve diğer *Allium'*ların genetik araştırmalarına ve ıslahına yardımcı olacağı ifade edilmiştir.

Karić ve diğeri (2018) Bosna-Hersek'te yaygın olarak yetiştirilen 5 farklı Konjic soğan çeşidinde SSR markör tekniği ile moleküler karakterizasyon çalışması gerçekleştirmişlerdir. Toplamda 30 allel elde edilmiş olup bunların %56,7'si polimorfik bulunmuştur. PIC değeri 0,44 bulunmuştur. Sonuçlar, Bosna-Hersek'te ki soğan çeşitlerine yönelik ilk genetik varyasyon verileridir.

Kumar ve diğeri (2019) SSR markör tekniği ile 53 Hint sarımsak aksesyonu arasında genetik çeşitliliği değerlendirmişlerdir. Başlangıçta, seçilen 3 sarımsak aksesyonunu 24 SSR primer çiftini taramak için kullanılmıştır. 24 SSR primer çiftinden, sürekli olarak iyi amplifikasyon ve polimorfizm gösteren 10 primer çifti, DNA profili için seçilmiştir. SSR primer çiftleri, 0,30 ila 0,99 arasında değişen PIC değerleri göstermiştir. Analiz sonucunda, genetik çeşitliliğin büyük kısmının %84 varyasyon sonucu nedeniyle beklendiği ve varyasyonun sadece %16' sının genetik yapının varlığını düşündüren popülasyonlardan kaynaklı olduğu saptanmıştır. Kümeleme analizi ve temel bileşen analizinin sonuçları büyük ölçüde birbiriyle uyduğu belirlenmiştir. Çalışma, Hint sarımsak germplazmında önemli derecede bir varyasyon bulunduğunu ortaya koymuştur.

Jayaswall ve diğeri (2019) Hint sarımsak ve soğan germplazmlarını ve yabancı akrabalarını, SSR markör tekniği ile moleküler olarak tanımlamışlardır. Popüler soğan germplazmlarının moleküler karakterizasyonu için toplam 30 polimorfik SSR markörü kullanılmıştır. Her bir SSR lokusu için ortalama 3,9 allel tespit edilmiş ve PIC değeri 0,51 bulunmuştur. SSR markör tekniğinin, Hint sarımsak ve soğan genotipleri arasındaki varyasyonu değerlendirmek ve yabancı *Allium* türleri ile genetik ilişkiler kurmak için başarıyla kullanıldığı ifade edilmiştir.

Adriana ve diğeri (2019) yerel Cenad sarımsak çeşidi ve yerel Buzau sarımsak çeşidini *ex situ* yetiştirme koşulları altında iki yıl süreyle yetiştirmişler ve iki önemli özelliğini incelemişlerdir. Sarımsak başlarının ağırlığı bakımından Buzau'nun yerel türlerinin Cenad'ın yerel türlerinin ağırlığından daha büyük olduğunu saptamışlardır. İki yerel çeşidin 1°C – 3°C arası sıcaklıklarda çok iyi muhafaza edildiği bildirilmiştir.

Ayed ve diğeri (2019) Tunus'ta ilk sarımsak gen bankası koleksiyonunu oluşturmayı, varyasyonu değerlendirmeyi, verimle ilgili özellikleri belirlemeyi amaçlamışlardır. Tunus'un ana üretim bölgelerinden 36 yerel sarımsak çeşidi toplamışlardır. Daha sonra bu çeşitleri Tunus Ulusal Gen Bankası veritabanına kaydetmişlerdir. Ardından çoğaltım için bir gen bankası alanında yetiştirmişlerdir. Morfolojik karakterizasyon toplam 14 kantitatif özellik temelinde gerçekleştirilmiştir. Tunus sarımsak yerel çeşitleri arasında yüksek varyasyon tespit edilmiştir. Sarımsak başının ağırlığı ve çapı, verimdeki en önemli değişikliği açıklamaktadır. Küme analizinde ise, 36 genotip için birinci kümede 11 aksesyon, ikinci küme 20 aksesyon ve üçüncü kümede 5 aksesyon olmak üzere üç ana gruba ayrılmıştır.

Sultan ve Raina (2020), Jammu ve Keşmir'in farklı bölgelerinden toplanan 17 yerel sarımsak germplazm aksesyonunu bitki boyu, yaprak uzunluğu, yaprak genişliği bir baştaki diş sayısı gibi bazı agro-morfolojik karakterler yönünden analiz etmişlerdir. Bu yerel sarımsak germplazm aksesyonlarının çoğu, genellikle pigmentli kaplama katmanları ile daha keskin koku ve ayırt edici tat ile karakterize edilmiştir. Bu aksesyonlardan bazıları, Yeni Delhi'deki Ulusal Gen Bankası'nda kriyoprezervasyon tekniği ile dondurularak saklanmıştır. Sonuçlar, bu yerel sarımsak germplazm aksesyonlarında yüksek oranda agro-morfolojik çeşitliliğin varlığını göstermiştir.

Li ve diğeri (2021) 127 sarımsak aksesyonunun genetik çeşitliliğini ve popülasyon yapısını değerlendirmek için 29 SSR markörü kullanmışlardır. 29 SSR markörünün ortalama PIC değeri 0,36 bulunmuştur. SSR başına ortalama 3,48 polimorfik lokus tespit edilmiştir. Toplamda ise 79 polimorfik lokus tespit edilmiştir. Bununla birlikte SSR markörlerinin genotip verilerine ya da genetik mesafeden elde edilen morfolojik özelliklerin fenotipik verilerine dayanan kümeleme analizleri, 127 sarımsak aksesyonunu üç kümeye ayırmıştır. Sonuçlar genetik mesafenin coğrafi mesafe ile anlamlı bir ilişkisinin olmadığını ve genetik mesafe ile fenotipik özellikler arasında zayıf ilişkiler bulunduğunu göstermiştir.

Poljuha ve diğeri (2021) bir Hırvat sarımsak germplazm koleksiyonunun genetik çeşitliliğini ve yapısını 13 SSR markörü ile incelemişlerdir. Hırvatistan'ın Istria,

Dalmaçya, Kıta Hırvatistan'ı bölgelerini ve 16 yabancı yerel çeşidi temsil eden 64 aksesyonda, lokus başına ortalama 5,46 allel ile toplam 71 allel tespit edilmiştir. Analiz edilen 80 aksesyon arasında, 51'i benzersiz genotipleri temsil eden 61 farklı multilokus genotipi tanımlanmıştır. Geri kalan aksesyonlar potansiyel kopyaları veya fazla genotipleri içeren 10 multilokus genotipi grubuna ayrılmıştır. Kümeleme analizi sonucu koleksiyon içinde coğrafi köken ile kısmen ilişkili olan beş ana grup ortaya çıkmıştır. Bu sonuçlar, bölgesel yapılanmanın yanı sıra yerel popülasyon içinde önemli bir varyasyonun varlığını desteklemektedir. Bu çalışma iklim değişikliği bağlamında varyasyonun değerine özellikle vurgu yaparak gelecekteki koruma stratejilerine yön vermek amacıyla Hırvatistan tarafından sürdürülen sarımsak genetik kaynaklarının kapsamlı bir değerlendirmesine ilişkin ilk rapor özelliğini taşımaktadır.

Thapa ve diğerleri (2021) Khumaltar, Lalitpur ve Nepal sahasında 2019 yılında 37 yerel sarımsak çeşidinde 15 nitel ve 9 nicel karakter olmak üzere 24 parametrede morfolojik karakterizasyon çalışması gerçekleştirmişlerdir. Belirlenen 4 küme ve 4. kümeden CO 10307, CO 10482 ve CO 10615 genotipleri niceliksel karakterler açısından üstün bulunmuştur.

Hancı (2021) Türkiye'nin farklı bölgelerinden toplanan 56 pırasa aksesyonu arasındaki genetik çeşitliliği morfolojik karakterler ile birlikte SRAP ve ISSR markörleri kullanarak analiz etmiştir. Çalışmanın moleküler analizi 17 SRAP ve 3 ISSR markörü ile gerçekleşmiştir. 114'ü polimorfik olmak üzere toplam 137 tekrarlanabilir bant ortaya çıkmıştır. PIC değeri 0,21 ile 0,84 arasında değişmiştir. Genetik benzerlikler 0,56 ile 0,96 arasında değişmekle beraber ortalama 0,79 bulunmuştur. Tüm aksesyonlar morfolojik olarak iki yıllık veriler üzerinden karakterize edilmiştir. Sonuçlar pırasa yetiştiriciliğinde kilit rol oynayan 8 karakter olduğunu göstermektedir. Analiz sonuçları hem ayrı ayrı değerlendirilmiş hem de aralarındaki korelasyon karşılaştırılmıştır. Tüm gruplamalarda 98\*3, 40\*1, 40\*4 ve 40\*6 numaralı aksesyonların diğerlerinden farklı olduğu bulunmuştur.

### 3. MATERYAL-YÖNTEM

Bu çalışmada bitkisel materyal olarak Muğla, Mersin, Antalya, Bursa, Balıkesir, Samsun ve Karaman illerinde yetiştirilen 14 yerel genotip ve 2 sertifikalı standart çeşit olmak üzere toplam 16 pırasa genotipi kullanılmıştır (Çizelge 3.1). Pırasa tohumları doğrudan, belirtilen illerdeki yetiştiricilerden temin edilmiştir. Pırasa fideleri saksılarda yetiştirilmiştir. Çalışmanın morfolojik ölçümleri Bursa Uludağ Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Deneme ve Araştırma Parseli'nde yapılmıştır. Moleküler analizler ise Bursa Uludağ Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölümü Biyoteknoloji Laboratuvarı'nda gerçekleştirilmiştir.

**Çizelge 3.1.** Çalışmada kullanılan genotipler ve toplandığı yerler

Genotip	Toplandığı Yer
MK-Ekincik	Muğla-Köyceğiz-Ekincik Mahallesi
Kartal-Kalem	Sertifikalı Çeşit
Ender-Karacabey	Bursa-Karacabey
MY-Yayla	Muğla-Yatağan-Yayla Mahallesi
Alanyurt-Inegol	Bursa-İnegöl-Alanyurt Mahallesi
AE-Tekke	Antalya-Elmalı-Tekke Mahallesi
Bursa	Bursa-Merkez
SV-Güney	Samsun-Vezirköprü-Güney Mahallesi
Tarsus	Mersin-Tarsus
Yeniyenice	Balıkesir-Bandırma-Yeniyenice Mahallesi
BK-Tavsanlı	Bursa-Karacabey- Tavşanlı Mahallesi
Inegol-92	Sertifikalı Çeşit
SV-Göl	Samsun-Vezirköprü-Göl Mahallesi
MY-Yukarıyayla	Muğla-Yatağan-Yukarıyayla Mahallesi
Bafra	Samsun-Bafra
Karaman	Karaman-Merkez

### 3.1. Bitkilerin Yetiştirilmesi

Temin edilen tohumlar ekilmeden önce ekimin yapılacağı plastik saksılar temizlenmiş ve toprak hazırlığı yapılmıştır. Kullanılacak toprak, torf ve perlit ile karıştırılmış (toprak : tof : perlit oranı 1:2:1) ve karışım saksılara doldurulmuştur. 21 Mayıs tarihinde her genotipten 75 tohum saksılara ekilmiştir. Tohumlar ekimden 9 gün sonra çimlenmeye başlamış ve 15 günde çimlenmeyi tamamlamıştır. Tohumlar çimlendikten sonra düzenli olarak sulama, gübreleme ve yabancı ot temizliği yapılmıştır. Fideler yaklaşık 11 hafta sonra araziye dikilecek aşamaya gelmiştir (Şekil 3.1).

Dikim aşamasına gelmiş fideler bol su ile sulanmış ve köklerin fide toprağından, zarar görmeden kolayca ayrılması sağlanmıştır. Fidelerin yaprak uçları yaklaşık 10 cm uzunluğunda makasla kesilmiştir. Dikime hazır hale gelen fideler 25 Temmuz tarihinde Bursa Uludağ Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Deneme ve Araştırma Parseli'ne şaşırtılmıştır. Deneme, 3 tekerrürlü tesadüf blokları deneme desenine göre kurulmuştur. Her tekerrürde 15 bitki olacak şekilde toplam 45 fide dikilmiştir. Dikim, sıra üzeri 15 cm, sıra arası 150 cm ve derinliği de 15 cm olacak şekilde yapılmıştır. Dikimden sonra sulama, gübreleme, çapalama, ilaçlama ve yabancı ot kontrolü gibi kültürel işlemler düzenli olarak uygulanmıştır (Şekil 3.2, Şekil 3.3).



**Şekil 3.1.** Araziye dikimden önce pırasa fideleri



**Şekil 3.2.** Araziye dikimden 53 gün sonra pırasa bitkileri



**Şekil 3.3.** Araziye dikimden 81 gün sonra pırasa bitkileri

## **3.2. Morfolojik Karakterizasyon**

Ölçüm ve gözlemler için toplam 12 parametre belirlenmiştir. Yaprak uzunluğu ölçümü, yaprak genişliği ölçümü, yaprak renginin belirlenmesi, yalancı gövde uzunluğu ölçümü, yalancı gövde çapı ölçümü ve yalancı gövdenin tabanında baş oluşumunun belirlenmesi UPOV kriterlerine göre yapılmıştır. Yalancı gövde çapı ölçümü, yalancı gövde uzunluğu ölçümü, toplam yaprak sayısının belirlenmesi, yaprak boyu ölçümü, yaprak genişliği ölçümü, yaprak-gövde açısı ölçümü, bitki ağırlığı ölçümü, yalancı gövdenin tabanında baş oluşumu ve yaprak renginin belirlenmesi işlemleri, bitkiler hasat dönemine eriştiği aşamada (1 Ocak) yapılmıştır. Çiçek şemsiyesi çapı ölçümü, çiçek şemsiyesi sapı çapının ölçümü ve çiçek açma döneminin belirlenmesi ise bitkiler generatif evreye geçtikten sonra gerçekleştirilmiştir. Ölçümler 3 tekerrürlü yapılmıştır. Her tekerrürde 3 bitki olacak şekilde her genotip için rastgele seçilen 9 bitkide gerçekleştirilmiştir.

### **3.2.1. Gövde çapı ölçümü**

Ölçüm Mitutoyo (Japonya) marka dijital kumpas ile yalancı gövdenin orta bölgesinden yapılmıştır. Değerler cm cinsinden kaydedilmiştir (Şekil 3.4).

### **3.2.2. Yalancı gövde uzunluğu ölçümü**

Yalancı gövde uzunluğu ölçümü mezura ile kök ile ilk yaprak ayası arasındaki yaprak kınlarının oluşturduğu aksın ölçülmesiyle yapılmıştır (Şekil 3.4). Değerler cm cinsinden kaydedilmiştir.



**Şekil 3.4.** Pırasada gövde çapı ve yalancı gövde uzunluğunun ölçüldüğü bölgeler (UPOV, 2008)

### **3.2.3. Bitki başına toplam yaprak sayısının belirlenmesi**

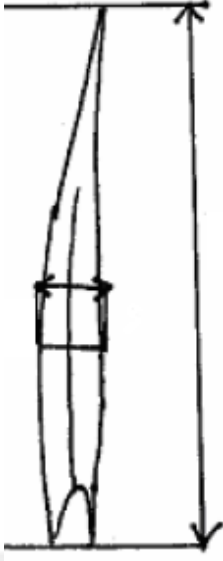
Bitkinin yaprakları en yaşlı olandan başlanıp en genç yaprağa doğru sayılmıştır.

### **3.2.4. Yaprak uzunluğu ölçümü**

Her bitkinin en uzun yaprağı seçilerek koparılmış ve mezura ile ölçüm yapılmıştır (Şekil 3.5). Değerler cm cinsinden kaydedilmiştir.

### **3.2.5. Yaprak genişliği ölçümü**

Her bitkinin en uzun yaprağı seçilerek koparılmış ve Mitutoyo (Japonya) marka dijital kumpas ile ölçüm yapılmıştır (Şekil 3.5). Değerler cm cinsinden kaydedilmiştir.



**Şekil 3.5.** Pırasa yaprağının uzunluğunun ve genişliğinin ölçüldüğü bölgeler (UPOV, 2008)

### 3.2.6. Yaprak-gövde açısı ölçümü

Her bitkide en yaşlı dördüncü yaprak ile yalancı gövde baz alınmıştır. Ölçüm açılı ölçer ile yapılmıştır. Değerler derece (°) cinsinden kaydedilmiştir.



**Şekil 3.6.** Yaprak-gövde açısı ölçümü

### 3.2.7. Çiçek şemsiyesi çapı ölçümü

Ölçüm Mitutoyo marka dijital kumpas ile yapılmıştır. Değerler cm cinsinden kaydedilmiştir.

### 3.2.8. Çiçek şemsiyesi sapı çapının ölçümü

Ölçüm çiçek şemsiyesinin hemen altından yapılmıştır. Ölçümde Mitutoyo marka dijital kumpas kullanılmıştır. Değerler cm cinsinden kaydedilmiştir.

### 3.2.9. Bitki ağırlığı ölçümü

Tartım elektronik tartı ile yapılmıştır ve g cinsinden kaydedilmiştir. Değerler bir bitki ağırlığını göstermektedir.

### 3.2.10. Yalancı gövdenin tabanında baş oluşumu

Yalancı gövdenin tabanında baş oluşumunun belirlenmesinde Çizelge 3.2' deki skala kullanılmıştır.

**Çizelge 3.2.** Yalancı gövdenin tabanında baş oluşumu skalası

Parametre	Açıklamalar	Not
Yalancı gövdenin tabanında baş oluşumu	a) Yok veya çok zayıf	1
	b) Zayıf	3
	c) Orta	5
	d) Güçlü	7
	e) Çok güçlü	9

### 3.2.11. Çiçek açma dönemi

Çiçek açma döneminin belirlenmesinde Çizelge 3.3'teki skala kullanılmıştır.

**Çizelge 3.3.** Çiçek açma dönemi skalası

Parametre	Açıklamalar	Not
Çiçek açma dönemi	a) Erkenci - Mayıs ayı 1. haftası	1
	b) Orta - Mayıs ayı 2. haftası	2
	c) Geçci - Mayıs ayı 3. haftası	3

### 3.2.12. Yaprak rengi

Yaprak renginin belirlenmesinde Çizelge 3.4'teki skala kullanılmıştır.

**Çizelge 3.4.** Yaprak rengi skalası

Parametre	Açıklamalar	Not
Yaprak rengi	a) Sarı -Yeşil	1
	b) Yeşil	2
	c) Gri -Yeşil	3
	d) Mavi - Yeşil	4

Morfolojik analizlerden elde edilen kantitatif veriler IBM SPSS Statistic 23 programında analiz edilmiş ve ortalamalar arasındaki fark Duncan testine göre  $p \leq 0.05$  önem seviyesinde hesaplanmıştır.

## 3.3. Moleküler Karakterizasyon

### 3.3.1. DNA izolasyonu için yaprak örneklerinin alınması

Çizelge 3.1 'de belirtilen 16 genotipin tamamından DNA izolasyonu için rastgele seçilen 10 farklı bitkiden yaprak örneği alınmıştır. Örnekler kurşun kalem kalınlığına gelmiş fidelerin en genç yapraklarından pens yardımıyla koparılıp etiketlenmiştir ve ardından hızlıca buz içine konmuştur. Buz içerisinde laboratuvara getirilen örnekler Christ Alpha 1-4 LD Plus marka (ABD) liyofilizatöre yerleştirilmiş ve örnekler 86 saat

süreyle kurutulmuştur (Şekil 3.7). Kuruyan örnekler DNA izolasyonuna kadar -20 °C’de muhafaza edilmiştir.



**Şekil 3.7.** Bitki örneklerinin liyofilizatörde (Christ Alpha 1-4 LD Plus) kurutulması

### **3.3.2. DNA izolasyonu**

DNA izolasyonu aşamaları Futterer ve diğerleri (1995)’nin belirlediği protokele göre aşağıda belirtildiği şekilde yapılmıştır. Her bir genotip için alınan 10 bitki örneği küçük parçalara ayrılarak homojenleştirilerek DNA izolasyonu gerçekleştirilmiştir.

**a)** Liyofilizatörde kurutulmuş ve -20 °C’de muhafaza edilmiş yaprak örnekleri oda sıcaklığına gelene kadar bekletilmiştir. Ardından her örnekten 20 mg ve 2 mL’lik mikro santrifüj tüplere konulmuştur.

**b)** Yaprak örneklerinin daha iyi parçalanabilmesi için mikro santrifüj tüplerin içine 5 adet 3 mm çapındaki ve 1 adet 5 mm çapındaki cam boncuklar konulmuştur. Mikro santrifüj tüplerin ağzı sıkıca kapatıldıktan sonra 10 dk süreyle örnekler öğütücü yardımıyla öğütülmüştür.

- c) Örnekler öğütüldükten sonra üzerlerine 1 mL ekstraksiyon tamponu [50 mM Tris-HCl pH 8.0, %1 CTAB (w/v), 50 mM Na<sub>2</sub>EDTA, 0.7 M NaCl] eklenmiş ve vorteks yardımıyla iyice karıştırılmıştır.
- d) Örnekler 65 °C sıcaklıkta ki su banyosunda 30 dk bekletilmiştir. 10 dk ara ile tüplerin kapakları açılıp kapatılarak havası alınmış ve elle yavaşça karıştırılmıştır.
- e) Su banyosundan çıkarılan örnekler oda sıcaklığına gelene kadar bekletilmiştir. Ardından örneklere 800 µl kloroform : izoamil alkol (24:1) eklenmiş ve elle karıştırılmıştır. Karıştırılan örnekler 16 000 g hızda 5 dk santrifüj edilmiştir.
- f) Santrifüj edilen örneklerde 4 faz oluşmuştur. En üstteki faz alınarak yeni 2 mL'lik mikro santrifüj tüplere aktarılmıştır.
- g) Yeni hazırlanmış tüplere 100 µL %10'luk CTAB tamponu ve 800 µL kloroform : izoamil alkol (24:1) eklenip karıştırmıştır. Ardından 16 000 g hızda 5 dk santrifüj edilmiştir. Santrifüj işlemi sonrası tüplerde iki faz oluşmuştur. Yine en üstteki faz alınarak yeni 2 mL'lik mikro santrifüj tüplere konulmuştur.
- h) Örneklerin üzerine DNA'nın çökmesi için -20 °C muhafaza edilen 800 µL izopropanol eklenmiştir. Ardından örnekler elle karıştırılarak -80 °C'de 30 dk bekletilmiştir.
- ı) Örnekler -80 °C'den çıkarıldıktan sonra oda sıcaklığına gelene kadar bekletildikten sonra 16 000 g hızda 10 dk santrifüj edilerek DNA'ların tüpün dibine çökmesi sağlanmıştır.
- j) Tüpün içindeki sıvı dökülmüş ve çökelen DNA üzerine 1 M'lık NaCl çözeltisinden 400 µL eklenmiştir. Tüpler elle karıştırılarak dipte biriken DNA'nın NaCl çözeltisi içerisinde serbest kalması sağlanmıştır.

k) Örnekler 65 °C sıcaklıkta ki su banyosundan 20 dk bekletilmiş ve 10 dk sonra tüplerin kapakları açılıp kapatılmış ve elle karıştırılarak su banyosuna geri konmuştur. Ardından örnekler 16 000 g hızda 5 dk santrifüj edilmiştir.

l) NaCl çözeltisi içerisinde çözünmüş DNA örneklerinin üzerine 1 mL %96'lık etanol eklendikten sonra örnekler -20 °C'de bir gece bekletilmiştir.

m) Örnekler ertesi gün -20 °C'den çıkartılarak oda sıcaklığına gelene kadar bekletilmiştir. Ardından 16 000 g hızda 10 dk santrifüj edilerek DNA'nın tüpün dibine çökmesi sağlanmıştır.

n) Tüpün içindeki sıvı dökülmüş ve dibe çöken DNA üzerine 500 µL %70'lik etanol eklenmiştir. Ardından 16 000 g hızda 5 dakika santrifüj edilerek DNA'lar iyice temizlenmiştir.

o) Santrifüj sonrası tüplerin içindeki etanol dökülmüştür. Ardından tüpler kağıt havlular üzerine kapatılarak etanolün tamamının DNA'dan uzaklaştırılması sağlanmıştır.

p) Etanolden tamamen arındırılmış DNA örneklere 75 µL TE tampon çözeltisi eklenerek (1 M Tris-HCl pH 8.0, 0.5 M EDTA) DNA'lar tekrar çözündürülmüştür. Ardından kullanıma hazır olarak -20 °C'de muhafaza edilmiştir.

DNA izolasyonu sonrası örneklerin konsantrasyonları 60 ng/µl olacak şekilde TE tampon çözeltisi ile seyreltilmiştir.

### **3.3.3. SSR primerlerinin optimum sıcaklık derecelerinin belirlenmesi**

Ipek ve diğerleri (2015)'nin sarımsak genomunda ifade olan DNA bölgelerinden geliştirdiği SSR markörlerinin pırasada da kullanılabilirliği analiz edilmiştir. Çalışmayan primerler elenmiştir. 18 SSR primerinde sıcaklık optimizasyonu yapılmıştır. Primerlere ait bilgiler Çizelge 3.5' de verilmiştir.

**Çizelge 3.5.** Çalışmada kullanılan SSR primerleri

SSR Markörü	Primer sekansı (5'-3') - F: İleri, R: Geri	Tekrar Dizisi	Primer Bağlanma Sıcaklığı (°C)
AS211	F: AGAACATGAACCGGGATAGA R: GAGGTTGCTGTTGCTGC	(CAG) <sub>7</sub>	57
AS11065	F: AACAGTCGAAAGCGTGGATTG R: TACGGCTTGCTACCAAAGAC	(GA) <sub>12</sub>	56
AS739	F: AACAGGGATCTTTGCTTCAGC R: GATCTGTTGTGGTTGGATGTTT	(AGC) <sub>10</sub>	59
AS352	F: GAAATGATCACAGCCCATTAC R: AGGAGATGGAGTAGATCTGGC	(CCT) <sub>6</sub>	57
AS589	F: TCTTTGCATCTCTGTCTTGCAT R: GAAGGCACGATTACATTTCTCG	(AC) <sub>10</sub>	55
ASTC-MCG	F: GGTGCCGGAGTACTACGAGG R: GGACATCTTTCCATTATCCTGC	(TAA) <sub>4</sub> - (AGGTA) <sub>2</sub>	56
AS623	F: CACAAATTAACCCCAATCAAG R: AATGAATCAACATCAAGCGTA	(GCT) <sub>6</sub>	57
AS30	F: GTGCCTCCTCGACCTTAG R: TAGAAGAACCTGCTGTGACG	(GCT) <sub>6</sub> - (AGCAGG) <sub>4</sub>	59
AS2655	F: AACTCAATGCATGACAGAAGG R: AGGAGGAGGAGAATGCTGAA	(AGAAA) <sub>5</sub>	58
AS1722	F: AGCTGAGGTCTCAAAACCAAA R: ATGTTCTCTTGATTTGCCGC	(AT) <sub>11</sub> - (AT) <sub>15</sub>	54
AS6580	F: AACTGGATCAGCCGGTACTC R: GAAGCGAGGAGGAGTGGTAG	(TTG) <sub>8</sub>	56
AS96	F: TCTTCACCCCTTTCAACAACAG R: AGTAATCGGAGGTCGAAGTTG	(AACGGC) <sub>4</sub>	54
AS366	F: CAAGATGCAGACTGGACATAG R: TGTTTGAACATAATACATCCATCT	(TAA) <sub>9</sub>	60
AS4143	F: CCTAATCATCTCGCATCTTCGAG R: ACCAGAAGAGGAACGTTACTCC	(TG) <sub>10</sub>	58
AS5453	F: CAGGATGAGGCAAAGGTTTCA R: ACATTTTGGTGTGCTGTTGG	(CAG) <sub>11</sub>	57
AS987	F: GTACCAACTCTTTCCCTAACGC R: TCCAATAGTTGTGATGACAGG	(AAT) <sub>6</sub>	57
AS981	F: AACATGCCACCAACAGTC R: GAGATTGGTTGCGCTTAGAT	(AAG) <sub>7</sub>	59
AS437	F: TCGTCTGGCGTTGCATTATC R: CGCTTGTAATCGTTGATGACG	(AGA) <sub>8</sub>	58

### 3.3.4. PCR reaksiyon koşulları

Toplam hacmi 20 µL olan her bir PCR reaksiyon karışımı için; 11,35 µL steril distile su, 2 µL 10x PCR tamponu, 1,3 µL MgCl<sub>2</sub> (25 mM), 0,4 µL 5' ucuna M13 primer dizisi eklenmiş kuyruklu ileri primer (5 mM), 0,8 µL kuyruksuz geri primer (5 mM), 0,5 µL 700 nm veya 800 nm dalga boyundaki infrared boya (LI-COR IRDye) ile etiketlenmiş M13 primeri (GACGTTGTAAAACGACGGCC) (Schuelke, 2000), 2 µL dNTP (2.5 mM), 0,15 µL *Taq* polimeraz enzimi ve 1,5 µL DNA (60 ng/µL) kullanılmıştır. PCR Applied Biosystems Veriti 96 Well Thermal Cycler (Amerika Birleşik Devletleri) marka cihazda yapılmıştır.

PCR döngü programı;

- 95 °C'de 3dk ön denatürasyon → 1 döngü
- 95 °C'de 30 sn denatürasyon,  
• Primer bağlanma sıcaklığının 5 °C üzeri  
( Her döngü sonrası 1 °C azalır.) 50 sn  
• 72 °C'de 1 dk primer ile bağlanan  
DNA iplikçığının uzaması } 5 döngü (Touchdown)
- 95 °C'de 30 sn denatürasyon  
• Primer bağlanma sıcaklığı 50 sn  
• 72 °C'de 1 dk primer ile bağlanan  
DNA iplikçığının uzaması } 28 döngü
- 95 °C'de 30 sn denatürasyon  
• 54 °C'de 50 sn bağlanma sıcaklığı  
• 72 °C'de 1 dk primer ile bağlanan  
DNA iplikçığının uzaması } 7 döngü
- 72 °C'de 5 dk → 1 döngü

### 3.3.5. PCR ürünlerinin poliakrilamid jel elektroforezinde görüntülenmesi

PCR ürünleri %6'lık poliakrilamid jelde görüntülenmiştir. Jel 20 mL %6'lık akrilamid, 16 µL TEMED (Tetrametil-Etilendiamin) ve %10'luk 175 µL APS (Amonyumpersülfat) ile hazırlanmış ve jel kasetine dökülen karışımın oda sıcaklığında 1 gece polimerize olması sağlanmıştır (Şekil 3.8). Ertesi güne hazır olan poliakrilamid jel Li-Cor 4300 DNA Analyzer marka (ABD) poliakrilamid jel elektroforezi cihazına yerleştirilmiştir (Şekil 3.9). Ardından 15 dk ön yürütme yapılmış ve jel PCR reaksiyonların yüklenmesine hazırlanmıştır.

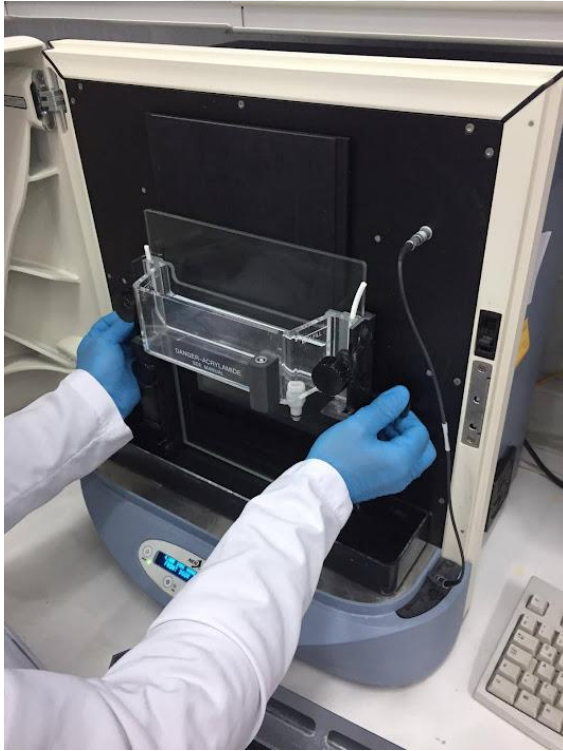
Jele yüklenecek PCR reaksiyonları karışımı 3 µL distile su, 1 µL 700 nm kuyruklu primer PCR ürünü, 1 µL 800 nm kuyruklu primer PCR ürünü, 5 µL formamid olacak şekilde hazırlanmıştır. Bu karışım jele yüklenmeden önce 94 °C'de 5 dk denatüre edilmiştir. Denatürasyon işleminin hemen ardından örnekler buz içine konulmuş ve soğuması sağlanmıştır. Denatüre edilen örnekler jele 0,4 µL yüklenmiştir ve yürütme işlemi başlatılmıştır. Primere göre değişmekle beraber yürütme işlemi ortalama 2-3 saat sürmüştür. Yürütme işleminin sona ermesinin ardından jel görüntüleri kaydedilmiştir.

### 3.3.6. Moleküler veri analizleri

Poliakrilamid jel elektroforezinde yürütülen 13 SSR primerinin görüntülerindeki bantlarda var olan allellere 1, olmayan allellere ise 0 verilerek ikili veri tablosu oluşturulmuştur. Elde edilen veriler Dice (Dice, 1945) benzerlik katsayısı esas alınarak hesaplanmıştır. Bulunan Dice genetik benzerlik katsayıları NTSYSpc v.2.21 paket programı (Exeter Software, New York, ABD) kullanılarak "aritmetik ortalama ile ağırlıksız çift grup metodu" (UPGMA, Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Averages) tabanlı soyağacı oluşturulmuştur. Polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değerleri Amiryousefi ve diğerlerine (2018) göre hesaplanmıştır.



**Şekil 3.8.** Kullanıma hazır poliakrilamid jel



**Şekil 3.9.** Hazırlanan jelin cihaza yerleştirilmesi

## 4. BULGULAR

### 4.1. Morfolojik Karakterizasyon Bulguları

Türkiye'nin farklı bölgelerinde yetiştirilen 16 yerel pırasa genotipinin morfolojik karakterizasyonu için 12 parametrede ölçüm ve gözlem yapılmıştır. Belirlenen bir parametre için her tekerrürde 3 bitki olmak üzere 3 tekerrürde toplam 9 bitki incelenmiştir.

#### 4.1.1. Genotiplerin yalancı gövde özellikleri değerleri

Pırasa genotiplerinin karakterizasyonunda belirleyici özelliklerden olan yalancı gövde de; yalancı gövde çapı, yalancı gövde uzunluğu ve yalancı gövde tabanında baş oluşumu parametreleri incelenmiştir. Yapılan ölçümlerde yalancı gövde çapı yönünden incelenen 16 pırasa genotipi arasında önemli farklılıklar belirlenmiş ve yalancı gövde çapları 4,56 cm ile 6,52 cm arasında değişmiştir. En kalın yalancı gövde çapına sahip genotip “MY-Yayla” kodlu genotip olmuştur. Tescilli çeşit olan “Inegol-92” ise 16 genotip arasında yalancı gövde çapı en az olan genotiptir (Çizelge 4.1).

Pırasa genotipleri arasında yalancı gövde uzunlukları yönünden büyük varyasyonlar bulunduğu ve değerlerin 9,80 cm ile 42,52 cm arasında değiştiği tespit edilmiştir. En yüksek değere sahip genotip olan “BK-Tavsanlı”nın yalancı gövde uzunluğu en düşük değere sahip “SV-Güney” genotipinden 4 kat daha fazladır. Bursa (Alanyurt-Inegol, “BK-Tavsanlı” ve “Ender-Karacabey”) ve Balıkesir (“Yeniyenice”) illerine ait olan genotiplerin yalancı gövde uzunlukları diğer illerden toplanan genotiplere göre daha uzun bulunmuştur. Ülkemizde ve dünyada pırasa için önemli kalite kriterlerinden biri olan yalancı gövde tabanında baş oluşturmama özelliği bakımından da genotipler arasında farklılıklar görülmüştür. “BK-Tavsanlı”, “Inegol-92” ve “Kartal-Kalem” kodlu genotiplerde baş oluşumu yoktur veya çok zayıftır. “AE-Tekke”, “Ender-Karacabey”, “MY Yayla”, “Bafra”, “SV-Gol” ve “Tarsus” kodlu genotiplerde orta düzeydedir. “Yeniyenice”, “Karaman”, “MK, Ekincik”, “MY-Yukarıyayla” ve “SV-Güney” kodlu genotiplerde ise yalancı gövdenin tabanında baş oluşumu güçlüdür. Genotiplerin yalancı

gövde çapı, yalancı gövde uzunluğu ve yalancı gövdenin tabanında baş oluşumu verileri Çizelge 4.1’ de verilmiştir.

**Çizelge 4.1.** Genotiplerin yalancı gövde çapı, yalancı gövde uzunluğu ve yalancı gövdenin tabanında baş oluşumu verileri

Genotip	Yalancı gövde çapı (cm)	Yalancı gövde uzunluğu (cm)	Yalancı gövdenin tabanında baş oluşumu
Alanyurt-Inegol	4,70 ± 0,14 <sup>ab</sup>	41,57 ± 1,19 <sup>f</sup>	Zayıf
AE-Tekke	5,11 ± 0,20 <sup>cd</sup>	24,14 ± 2,28 <sup>d</sup>	Orta
BK-Tavsanlı	4,68 ± 0,08 <sup>ab</sup>	42,52 ± 1,49 <sup>f</sup>	Yok veya Çok Zayıf
Ender-Karacabey	5,29 ± 0,04 <sup>de</sup>	41,12 ± 2,46 <sup>f</sup>	Orta
Inegol-92	4,56 ± 0,29 <sup>a</sup>	42,18 ± 0,71 <sup>f</sup>	Yok veya Çok Zayıf
Bursa	5,66 ± 0,31 <sup>f</sup>	12,92 ± 0,17 <sup>ab</sup>	Güçlü
Karaman	4,87 ± 0,04 <sup>abc</sup>	13,44 ± 0,54 <sup>b</sup>	Güçlü
Kartal-Kalem	4,92 ± 0,23 <sup>bc</sup>	37,59 ± 0,51 <sup>e</sup>	Yok veya Çok Zayıf
MK-Ekincik	6,48 ± 0,15 <sup>g</sup>	22,39 ± 2,74 <sup>d</sup>	Güçlü
MY-Yayla	6,52 ± 0,16 <sup>g</sup>	17,58 ± 2,05 <sup>c</sup>	Orta
MY-Yukarıyayla	6,27 ± 0,18 <sup>g</sup>	12,83 ± 2,04 <sup>ab</sup>	Güçlü
Bafra	5,55 ± 0,30 <sup>ef</sup>	36,29 ± 1,52 <sup>e</sup>	Orta
SV-Gol	5,32 ± 0,09 <sup>de</sup>	12,01 ± 1,31 <sup>ab</sup>	Orta
SV-Guney	6,40 ± 0,11 <sup>g</sup>	9,80 ± 0,85 <sup>a</sup>	Güçlü
Tarsus	5,69 ± 0,14 <sup>f</sup>	23,07 ± 2,97 <sup>d</sup>	Orta
Yeniyenice	4,74 ± 0,07 <sup>ab</sup>	41,83 ± 1,76 <sup>f</sup>	Zayıf

#### 4.1.2. Genotiplerin yaprak özellikleri değerleri

Pırasa genotiplerinde yaprak özellikleri olarak toplam yaprak sayısı, yaprak boyu, yaprak çapı, yaprak-gövde açısı ve yaprak rengi parametreleri ölçülmüş ve bu parametreler yönünden incelen genotipler arasında önemli çeşitlilik gözlenmiştir (Çizelge 4.2). Genotiplerin toplam yaprak sayısı değerleri 11,00 ile 15,56 arasında değişmiş ve en fazla yaprak sayısına sahip genotipler “MY-Yayla” ve “SV-Guney” olarak kodlanan genotipler olmuştur. En az yaprak sayısı ise Karaman ilinden elde edilen genotipte belirlenmiştir. Genotiplerin yaprak boyu değerleri ise 65,11 cm ile 104,90 cm arasında değişmiştir. En uzun yaprak boyuna sahip genotip Samsun

Bafra'dan temin edilen genotipken en kısa yaprak boyuna sahip genotip ise Karaman'dan elde edilen genotiptir. Tescilli genotipler olan Kartal-Kalem ve Inegol-92, yaprak boyu bakımından aynı istatistiksel grup içerisinde yer almıştır.

Genotiplerin yaprak genişliği incelendiğinde değerlerin 3,58 cm ile 6,00 cm arasında değiştiği görülmektedir. En az yaprak genişliğine sahip genotip "AE-Tekke" dir. En fazla yaprak genişliğine sahip genotip "Bafra" dır. Yaprak boyu ve yaprak genişliği birlikte değerlendirildiğinde en büyük yaprak hacmine sahip genotip "Bafra" olmuştur. Genotiplerin yaprak – gövde açısı değerlerinin ise 24,56° ile 47,56° arasında değiştiği görülmektedir. Gövde ve yaprak arasında en geniş açığa sahip genotip "SV-Guney", en dar açığa sahip genotip ise "AE-Tekke" olmuştur. Genotipler yaprak rengi açısından değerlendirildiğinde "BK-Tavsanlı", "Ender-Karacabey" ve "Kartal-Kalem" genotiplerinin sarı – yeşil renkte olduğu, "Alanyurt-Inegol", "AE-Tekke", "Inegol-92", "MK-Ekincik", "Bafra" ve "Yeniyenice" genotiplerinin yeşil renkte olduğu, "Karaman", "MY-Yayla", "MY-Yukarıyayla" ve "Tarsu"s genotiplerinin gri – yeşil renkte olduğu, "Bursa", "SV-Gol" ve "SV-Guney" in mavi – yeşil renkte olduğu gözlenmiştir. Genotiplerin toplam yaprak sayısı, yaprak boyu, yaprak genişliği, yaprak – gövde açısı ve yaprak rengi değerleri Çizelge 4.2' de verilmiştir.

#### **4.1.3. Genotiplerin çiçek özellikleri değerleri**

Pırasa genotiplerinde çiçek şemsiyesi çapı, çiçek şemsiyesi sapı çapı ve çiçek açma dönemi parametreleri incelenmiş ve bu özellikler yönünden genotipler arasında önemli farklılıklar bulunmuştur. Çizelge 4.3' te ki verilere göre genotiplerin çiçek şemsiyesi çapı değerleri 6,14 cm ile 12,48 cm arasında değişmiştir. Çiçek şemsiyesi çapı en fazla sırasıyla Tarsus, "MY-Yukarıyayla" ve "MY-Yayla" kodlu genotiplerinde olurken çiçek şemsiyesi çapı en az "SV-Gol" kodlu genotipte olmuştur. Çiçek şemsiyesi sapı çapı en fazla 1,34 cm değerle "Tarsus" kodlu genotipte, en az ise 0,73 cm değerle "SV-Gol" genotipinde saptanmıştır. Genotiplerin çiçek açma dönemlerine ait veriler incelendiğinde "MY-Yayla", "MK-Ekincik", "Bursa", "Tarsus" ve "AE-Tekke" genotiplerinin erkenci, "Karaman", "MY-Yukarıyayla", "Bafra", "SV-Gol" ve "SV-Guney" genotiplerinin orta, "Alanyurt-Inegol", "BK-Tavsanlı", "Ender-Karacabey",

“Inegol-92”, “Kartal-Kalem” ve “Yeniyenice” genotiplerinin ise geççi olduğu görülmektedir.

**Çizelge 4.2.** Genotiplerin toplam yaprak sayısı, yaprak boyu, yaprak genişliği, yaprak – gövde açısı değerleri ve yaprak rengi

Genotip	Toplam yaprak sayısı	Yaprak boyu (cm)	Yaprak genişliği (cm)	Yaprak - gövde açısı (°)	Yaprak rengi
Alanyurt-Inegol	12,78± 0,69 <sup>bcd</sup>	81,46 ± 1,37 <sup>d</sup>	4,02 ± 0,05 <sup>b</sup>	31,11 ± 1,84 <sup>bc</sup>	Yeşil
AE-Tekke	13,67 ± 0,67 <sup>de</sup>	75,66 ± 1,06 <sup>c</sup>	3,58 ± 0,07 <sup>a</sup>	24,56 ± 3,56 <sup>a</sup>	Yeşil
BK-Tavsanlı	12,44 ± 0,51 <sup>bc</sup>	97,34 ± 3,49 <sup>g</sup>	4,81 ± 0,13 <sup>ef</sup>	33,44 ± 1,84 <sup>cd</sup>	Sarı -Yeşil
Ender-Karacabey	13,11 ± 0,51 <sup>cd</sup>	92,93 ± 0,64 <sup>f</sup>	4,41 ± 0,18 <sup>cd</sup>	27,11 ± 2,01 <sup>ab</sup>	Sarı -Yeşil
Inegol-92	13,11 ± 0,69 <sup>cd</sup>	93,68 ± 1,26 <sup>f</sup>	4,11 ± 0,10 <sup>b</sup>	31,11 ± 3,34 <sup>bc</sup>	Yeşil
Bursa	14,33 ± 0,67 <sup>ef</sup>	87,39 ± 1,86 <sup>e</sup>	4,59 ± 0,26 <sup>de</sup>	45,00 ± 0,88 <sup>h</sup>	Mavi-Yeşil
Karaman	11,00 ± 0,58 <sup>a</sup>	65,11 ± 2,22 <sup>a</sup>	4,76 ± 0,13 <sup>ef</sup>	37,44 ± 4,44 <sup>def</sup>	Gri -Yeşil
Kartal-Kalem	12,67± 0,33 <sup>bcd</sup>	92,73 ± 0,58 <sup>f</sup>	4,92 ± 0,07 <sup>f</sup>	31,67 ± 2,60 <sup>bc</sup>	Sarı -Yeşil
MK-Ekincik	14,78 ± 0,38 <sup>fg</sup>	82,13 ± 1,60 <sup>d</sup>	4,74 ± 0,15 <sup>ef</sup>	45,33 ± 2,03 <sup>h</sup>	Yeşil
MY-Yayla	15,56 ± 0,51 <sup>g</sup>	84,87 ± 2,25 <sup>de</sup>	4,90 ± 0,09 <sup>f</sup>	39,78 ± 2,91 <sup>efg</sup>	Gri -Yeşil
MY-Yukarıyayla	15,00 ± 0,33 <sup>fg</sup>	68,64 ± 1,98 <sup>ab</sup>	4,61 ± 0,05 <sup>de</sup>	44,67 ± 2,65 <sup>gh</sup>	Gri -Yeşil
Bafra	13,11 ± 0,69 <sup>cd</sup>	104,90± 3,18 <sup>h</sup>	6,00 ± 0,17 <sup>h</sup>	42,44 ± 2,83 <sup>fgh</sup>	Yeşil
SV-Gol	12,00 ± 0,58 <sup>b</sup>	69,09 ± 0,51 <sup>b</sup>	4,44 ± 0,08 <sup>cd</sup>	45,33 ± 5,78 <sup>h</sup>	Mavi-Yeşil
SV-Guney	15,56 ± 0,69 <sup>g</sup>	66,69 ± 3,34 <sup>ab</sup>	4,40 ± 0,13 <sup>cd</sup>	47,56 ± 2,14 <sup>h</sup>	Mavi-Yeşil
Tarsus	14,78 ± 0,51 <sup>fg</sup>	91,67 ± 2,63 <sup>f</sup>	5,27 ± 0,15 <sup>g</sup>	38,44 ± 0,51 <sup>def</sup>	Gri -Yeşil
Yeniyenice	14,78 ± 0,51 <sup>fg</sup>	94,81 ± 0,97 <sup>fg</sup>	4,33 ± 0,07 <sup>c</sup>	36,78 ± 1,84 <sup>de</sup>	Yeşil

**Çizelge 4.3.** Genotiplerin çiçek şemsiyesi çapı, çiçek şemsiyesi sapı çapının değerleri ve çiçek açma dönemi

Genotip	Çiçek şemsiyesi çapı (cm)	Çiçek şemsiyesi sapı çapı (cm)	Çiçek açma dönemi
Alanyurt-Inegol	10,12 ± 0,35 <sup>fg</sup>	0,97 ± 0,09 <sup>cd</sup>	Geççi
AE-Tekke	11,51 ± 0,31 <sup>h</sup>	1,09 ± 0,12 <sup>def</sup>	Erkenci
BK-Tavsanlı	9,35 ± 0,58 <sup>e</sup>	1,02 ± 0,03 <sup>cde</sup>	Geççi
Ender-Karacabey	11,50 ± 0,41 <sup>h</sup>	0,80 ± 0,09 <sup>ab</sup>	Geççi
Inegol-92	8,79 ± 0,19 <sup>d</sup>	0,89 ± 0,01 <sup>bc</sup>	Geççi
Bursa	8,62 ± 0,73 <sup>d</sup>	0,99 ± 0,02 <sup>cd</sup>	Erkenci
Karaman	7,66 ± 0,22 <sup>c</sup>	1,02 ± 0,13 <sup>cde</sup>	Orta
Kartal-Kalem	9,68 ± 0,09 <sup>ef</sup>	0,97 ± 0,02 <sup>cd</sup>	Geççi
MK-Ekincik	10,26 ± 0,28 <sup>fg</sup>	1,16 ± 0,05 <sup>ef</sup>	Erkenci
MY-Yayla	11,53 ± 0,32 <sup>h</sup>	1,11 ± 0,10 <sup>d<sup>ef</sup></sup>	Erkenci
MY-Yukarıyayla	12,00 ± 0,06 <sup>hi</sup>	1,20 ± 0,05 <sup>f</sup>	Orta
Bafra	9,78 ± 0,11 <sup>efg</sup>	1,02 ± 0,08 <sup>cde</sup>	Orta
SV-Gol	6,14 ± 0,24 <sup>a</sup>	0,73 ± 0,06 <sup>a</sup>	Orta
SV-Guney	6,75 ± 0,18 <sup>b</sup>	0,87 ± 0,05 <sup>abc</sup>	Orta
Tarsus	12,48 ± 0,18 <sup>i</sup>	1,34 ± 0,04 <sup>g</sup>	Erkenci
Yeniyenice	10,31 ± 0,14 <sup>g</sup>	0,97 ± 0,17 <sup>cd</sup>	Geççi

#### 4.1.4. Genotiplerin ağırlık değerleri

Çizelge 4.4’te tek bitki ağırlığını ifade eden değerler incelendiğinde en ağır genotipin “MY-Yayla” olduğu en hafif genotipin ise “SV-Gol” olduğu görülmektedir. Tüm genotipler için ağırlık değerleri 358,44 g ile 809,78 g arasında değişmiştir.

**Çizelge 4.4.** Genotiplerin ağırlık değerleri

Genotip	Ağırlık (g)
Alanyurt-Inegol	712,89 ± 43,11 <sup>defg</sup>
AE-Tekke	650,00 ± 78,15 <sup>cde</sup>
BK-Tavsanlı	724,89 ± 69,54 <sup>efgh</sup>
Ender-Karacabey	747,33 ± 22,27 <sup>fgh</sup>
Inegol-92	624,22 ± 35,08 <sup>cd</sup>
Bursa	613,78 ± 63,36 <sup>c</sup>
Karaman	373,78 ± 49,65 <sup>a</sup>
Kartal-Kalem	655,33 ± 38,63 <sup>cdef</sup>
MK-Ekincik	783,56 ± 19,46 <sup>gh</sup>
MY-Yayla	809,78 ± 25,09 <sup>h</sup>
MY-Yukarıyayla	644,22 ± 54,92 <sup>cde</sup>
Bafra	794,00 ± 65,28 <sup>gh</sup>
SV-Gol	358,44 ± 40,09 <sup>a</sup>
SV-Güney	458,22 ± 38,83 <sup>b</sup>
Tarsus	802,22 ± 64,82 <sup>gh</sup>
Yeniyece	669,78 ± 50,08 <sup>cdef</sup>

#### 4.2. Moleküler Karakterizasyon Bulguları

Çalışmanın moleküler karakterizasyon bölümünde İpek ve diğerleri (2015) tarafından sarımsak genomunda kodlayan bölgelerden geliştirilen 18 SSR markörü 16 yerel pırasa genotipinde PCR analizi ile test edilmiştir. SSR primerlerinin optimum bağlanma sıcaklığını bulmak için 54 ile 62 °C arasında değişen sıcaklık derecelerinde gradient PCR yapılmış ve her bir primer için uygun bağlanma sıcaklığı belirlenmiştir (Çizelge 3.2). Bağlanma sıcaklıkları belirlenen primer kombinasyonları ile her genotipten 10 bitkinin homojenleştirilerek izole edilen DNA örneklerinde (bulk) ve her genotipten 3 bitkide izole edilen DNA örneklerinde PCR reaksiyonları yapılmıştır. Bu şekilde her SSR lokusunda daha fazla sayıda polimorfik allel belirlenmeye çalışılmıştır. Nitekim bazı SSR lokuslarındaki alleller bulk DNA örneklerinde monomorfik iken, her genotipte 3 bitkiden ayrı ayrı elde edilen DNA örneklerinde aynı alleller polimorfik olmuştur (sonuçlar verilmemiştir). Ancak benzerlik analizlerinde her genotipteki tüm allelleri

temsil etmesi nedeniyle bulk DNA örneklerinden elde edilen sonuçlar kullanılmıştır. PCR analizlerinde 18 SSR primer kombinasyonu içinden 13 tanesi güvenilir ve polimorfik amplifikasyon göstermiştir (Çizelge 4.5). Amplifikasyon gösteren primerler poliakrilamid jel elektroforezinde görüntülenmiştir. Elde edilen görüntülere göre 13 SSR marköründeki polimorfik alleller var (1) ve yok (0) olarak değerlendirilmiş ve ikili veri tablosu oluşturulmuştur. Elde edilen bulgulara göre bulk DNA örneklerinde 13 SSR lokusundan toplam 69 allel elde edilmiştir. Bu allellerin 45 tanesi polimorfik, 24 tanesi monomorfik bulunmuştur. Primer başına değişen allel sayısı 2 ile 10 arasında olup ortalama allel sayısı 5,30 olmuştur. AS739 SSR lokusu en fazla (10) alleli üretmiştir. AS96 ve AS352 en az (2) alleli olan SSR lokuslarıdır. SSR markörlerinin polimorfizm oranları incelendiğinde %33,33 ile %100 arasında değiştiği görülmüştür. En yüksek polimorfizm oranı (%100) AS2655 SSR marköründe belirlenirken en düşük (%33,33) polimorfizm oranı ise ASTC-MCG marköründe tespit edilmiştir.

**Çizelge 4.5.** Pırasa genomu için optimize edilen primerlere ait veriler

SSR Markörü	PIC değeri	Toplam allel sayısı	Polimorfik allel sayısı	Monomorfik allel sayısı	Polimorfizm oranı (%)
AS211	0,38	7	4	3	57,14
AS739	0,40	10	9	1	90,00
AS352	0,39	2	1	1	50,00
AS589	0,34	9	6	3	66,67
ASTC-MCG	0,45	6	2	4	33,33
AS623	0,35	3	2	1	66,67
AS30	0,34	5	3	2	60,00
AS2655	0,42	4	4	0	100,00
AS1722	0,34	5	2	3	40,00
AS6580	0,35	5	4	1	80,00
AS96	0,34	2	1	1	50,00
AS366	0,34	6	3	3	50,00
AS4143	0,34	5	4	1	80,00

SSR markörleri için hesaplanan PIC değerleri 0,34 ile 0,45 arasında değişmiştir. En yüksek PIC değeri ASTC-MCG SSR marköründe, en düşük PIC değeri ise AS4143,

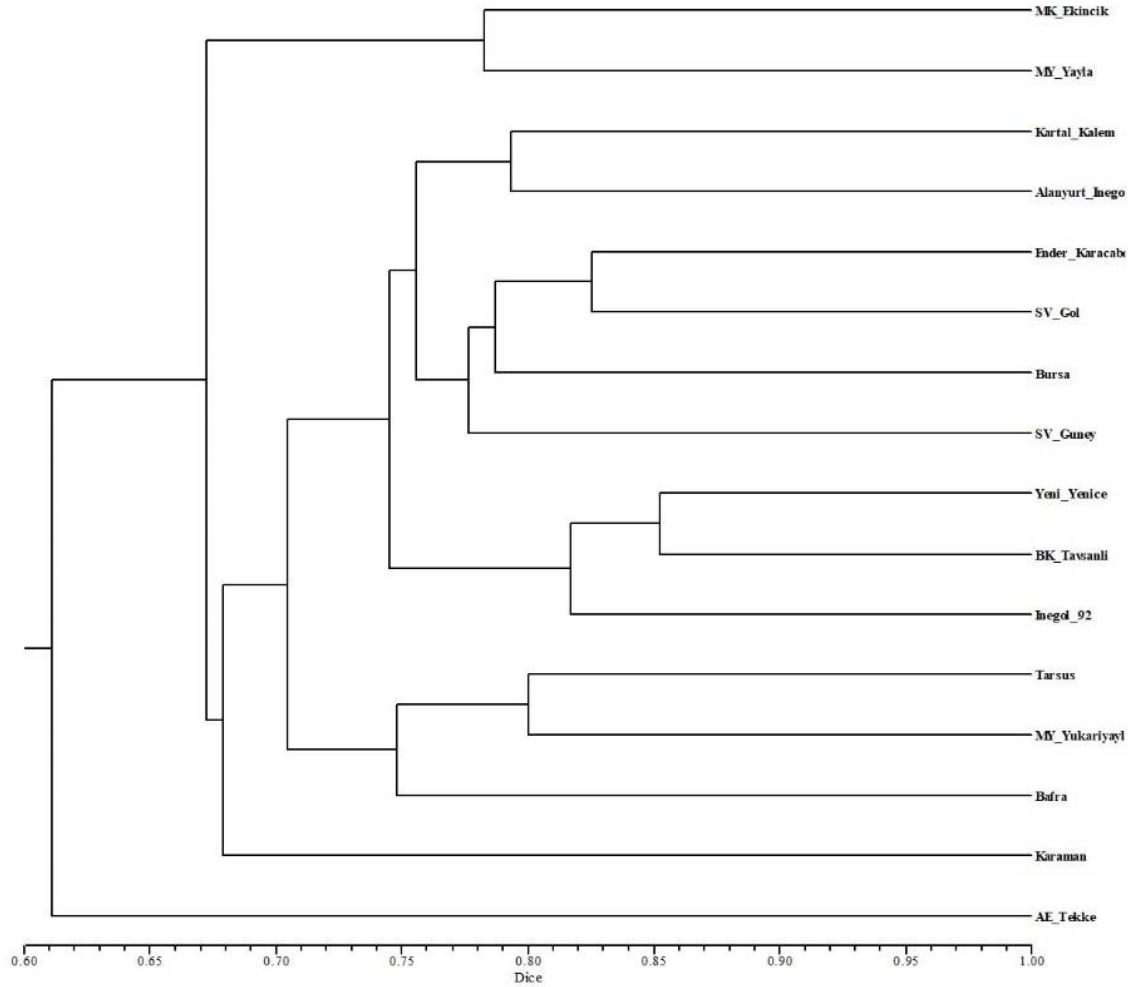
AS366, AS96, AS1722, AS30 ve AS589 markörlerinde gözlenmiştir (Çizelge 4.5). Botstein ve diğerleri (1980), lokusların PIC değerlerini üç kategoriye ayırmıştır.  $PIC > 0,50$  olduğunda yüksek derecede bilgilendirici,  $0,50 > PIC > 0,25$  olduğunda orta derecede bilgilendirici  $PIC < 0,25$  olduğunda düşük derecede bilgilendirici olduğu belirlenmiştir. Buna göre bu tez çalışmasında amplifikasyon gösteren tüm primerler orta derecede bilgilendirici bulunmuştur.

Elde edilen veriler ile birlikte Dice benzerlik matrisi hesaplanmıştır (Çizelge 4.6). Karakterize edilen 16 pırasa genotipi arasında benzerlik katsayı (similarity coefficient) değerleri 0,45 ile 0,85 arasında değişmiştir. En yüksek benzerlik katsayısı değeri 0,85 ile “Yeniyenice” ve “BK-Tavsanlı” arasında bulunmuştur. Bunları 0,84 değeri ile “BK-Tavsanlı” ve “Ender-Karacabey” genotipleri izlemiştir. En düşük benzerlik katsayısı değeri ise 0,45 ile “SV-Guney” ve “AE-Tekke” arasında bulunmuştur. Çalışmadaki iki tescilli çeşit olan Kartal-Kalem ve Inegol-92’nin benzerlik katsayısı değeri 0,73’tür.

**Çizelge 4.6.** 16 yerel pırasa genotipinde gerçekleştirilen moleküler analiz sonucu elde edilen Dice benzerlik matrisi

Genotip	MK-Ekincik	Kartal-Kalem	Ender-Karacabey	MY-Yayla	Alanyurt-Inegol	AE-Tekke	Bursa	SV-Guney	Tarsus	Yeniyenice	BK-Tavsanlı	Inegol-92	SV-Gol	MY-Yukariyayla	Bafra
Kartal-Kalem	0,67														
Ender-Karacabey	0,64	0,82													
MY-Yayla	0,78	0,71	0,68												
Alanyurt-Inegol	0,68	0,79	0,76	0,72											
AE-Tekke	0,49	0,64	0,58	0,58	0,62										
Bursa	0,73	0,73	0,80	0,73	0,77	0,59									
SV-Guney	0,63	0,71	0,81	0,67	0,75	0,45	0,76								
Tarsus	0,61	0,72	0,73	0,68	0,73	0,76	0,74	0,66							
Yeniyenice	0,72	0,69	0,73	0,64	0,74	0,61	0,75	0,66	0,70						
BK-Tavsanlı	0,70	0,74	0,84	0,63	0,81	0,68	0,76	0,71	0,81	0,85					
Inegol-92	0,72	0,73	0,73	0,64	0,74	0,61	0,81	0,62	0,73	0,81	0,82				
SV-Gol	0,64	0,76	0,83	0,60	0,73	0,62	0,77	0,75	0,73	0,81	0,78	0,77			
MY-Yukariyayla	0,64	0,69	0,70	0,76	0,67	0,69	0,78	0,59	0,80	0,59	0,69	0,70	0,63		
Bafra	0,72	0,72	0,70	0,72	0,73	0,58	0,74	0,69	0,79	0,67	0,75	0,74	0,70	0,70	
Karaman	0,61	0,67	0,71	0,61	0,68	0,67	0,62	0,60	0,75	0,68	0,70	0,64	0,75	0,68	0,68

Benzerlik katsayısı değerleri kullanılarak genotiplerde kümelendirme (UPGMA) analizi yapılmıştır. Şekil 4.1’ de ki UPGMA dendrogramı incelendiğinde iki ana grubun oluştuğu görülmektedir. “AE-Tekke” genotipi iki ana gruptan birini oluşturmuştur ve diğer 15 genotip ile benzerlik katsayısının ortalama 0,61 olduğu görülmektedir. İki ana gruptan diğeri ise iki alt gruba ayrılmıştır. Alt gruplardan birini “MK-Ekincik” ile “MY-Yayla” (0,78 benzerlik katsayısı değeriyle) ikili grubu oluşturmuştur. Alt grupların ikincisini ise geriye kalan 13 genotip oluşturmaktadır.



**Şekil 4.1.** 16 yerel pırasa genotipinde gerçekleştirilen moleküler analiz sonucu Dice benzerlik matrisine göre elde edilen UPGMA dendrogramı

## 5. TARTIŞMA VE SONUÇ

Pırasa insan sađlıđı aısından önemli bir sebze türüdür. Türkiye dünya pırasa üretiminde önemli ülkelerden biridir. Türkiye’de pırasa yetiştiriciliđi çođunlukla yerel çeşitlerle yapılmaktadır. Bu alıřmada kullanılan genotipler Türkiye’de pırasa yetiştiriciliđinin yođun olarak yapıldıđı illerde ki üreticilerden talep edilmiřtir. Bursa’nın merkezinden ve İnegöl ile Karacabey ilçelerinden toplam dört genotip, Muđla’nın Yatađan ve Köyceđiz ilçelerinden toplam üç genotip, Samsun’un Bafra ve Vezirköprü ilçelerinden toplam üç genotip, Antalya, Mersin, Balıkesir ve Karaman illerinden birer genotip temin edilmiřtir (izelge 3.1). “İnegol-92” ve “Kartal-Kalem” tescilli çeşitleri ile birlikte toplam 16 genotip, morfolojik ve moleküler düzeyde karakterize edilmiřtir. Pırasa yetiştiriciliđinin en fazla yapıldıđı illerden birisi olan İzmir’de yetiştiricilik daha ok hibrit tohum tercih edilerek yapıldıđı için İzmir’den bir genotip elde edilmemiřtir.

alıřmanın morfolojik karakterizasyon bölümünde pırasa bitkisinin yalancı gövdesi, yaprakları ve iekleri ile ilgili 12 parametre belirlenerek ölçüm ve gözlem yapılmıřtır. Yapılan ölçüm ve gözlemlerde genotiplerin yalancı gövde apları 4,56 cm ile 6,52 cm arasında, yalancı gövde uzunlukları 9,80 cm ile 42,52 cm arasında bulunmuřtur. Yalancı gövde tabanında bař oluřumu özelliđi bakımından incelendiđinde “BK-Tavsanlı”, “İnegol 92” ve “Kartal-Kalem” kodlu genotiplerde bař oluřumu yoktur veya ok zayıftır. “AE-Tekke”, “Ender-Karacabey”, “MY-Yayla”, “Bafra”, “SV-Gol” ve “Tarsus” kodlu genotiplerde orta düzeydedir. “Bursa”, “Karaman”, “MK-Ekincik”, “MY-Yukarıyayla” ve “SV-Guney” kodlu genotiplerde ise yalancı gövdenin tabanında bař oluřumu güçlüdür (izelge 4.1). Genotiplerin toplam yaprak sayısı deđerleri 11,00 ile 15,56 arasındadır. Yaprak boyu deđerleri 65,11 cm ile 104,90 cm arasında olup yaprak geniřliđi deđerleri ise 3,58 cm ile 6,00 cm arasında bulunmuřtur. Yaprak – gövde aısı deđerleri 24,56° ile 47,56° arasında deđiřmiřtir. Genotipler yaprak rengi aısından deđerlendirildiđinde “BK-Tavsanlı”, “Ender-Karacabey” ve “Kartal-Kalem” genotiplerinin sarı – yeřil renkte olduđu, “Alanyurt-Inegol”, “AE-Tekke”, “İnegol-92”, “MK-Ekincik”, “Bafra” ve “Yeniyenice” genotiplerinin yeřil renkte olduđu, “Karaman”, “MY-Yayla”, “MY-Yukarıyayla” ve “Tarsus” genotiplerinin gri – yeřil renkte olduđu, “Bursa”, “SV-Gol” ve “SV-Guney” genotiplerinin mavi – yeřil renkte

olduğu gözlenmiştir (Çizelge 4.2). Genotiplerin çiçek şemsiyesi çapı değerleri 6,14 cm ile 12,48 cm arasında olup çiçek şemsiyesi sapının çapı 0,73 cm ile 1,34 cm değerleri arasında değişmiştir. Genotipler çiçek açma dönemlerine göre sınıflandırıldığında “MY-Yayla”, “MK-Ekincik,” “Bursa”, “Tarsus” ve “AE-Tekke” genotiplerinin erkenci, “Karaman”, “MY-Yukarıyayla”, “Bafra”, “SV-Gol” ve “SV-Guney” genotiplerinin orta, “Alanyurt-Inegol”, “BK-Tavsanlı”, “Ender-Karacabey”, “Inegol-92”, “Kartal-Kalem” ve “Yeniyece” genotiplerinin ise geçici olduğu görülmüştür (Çizelge 4.3). Genotiplerin ağırlık değerleri ise 358,44 g ile 809,78 g arasında değişmiştir (Çizelge 4.4).

De Clercq ve diğerleri (1999) pırasa genotiplerini belirli özelliklere göre yazlık, sonbahar ve kışlık çeşitler olmak üzere üç gruba ayırmışlardır. Bu gruplandırmada bitkilerin yaprak rengi, yalancı gövde uzunluğu, soğuğa dayanıklılığı ve büyüme hızı esas alınmıştır. Sarı – Yeşil yaprak rengi, 30 – 50 cm arası yalancı gövde uzunluğu, çok hızlı gelişim ve dona karşı dayanıksız olması yazlık çeşitlerin özellikleridir. Soluk yeşil yaprak rengi, 24 – 29 cm arası yalancı gövde uzunluğu, hızlı gelişim ve dona karşı dayanıklılığı orta derecede olması sonbahar çeşitlerinin özellikleridir. Mavi – yeşil yaprak rengi, 18 – 23 cm arası yalancı gövde uzunluğu, yavaş gelişim ve dona karşı dayanıklı olması ise kışlık çeşitlerin özellikleridir. Bu gruplandırmaya göre “Bafra”, “BK-Tavsanlı”, “Yeniyece”, “Ender-Karacabey”, “Inegol-92”, “Kartal-Kalem” ve “Alanyurt-Inegol” genotipleri yazlık çeşitler, “Tarsus”, “AE-Tekke” ve “MK-Ekincik” genotipleri sonbahar çeşitleri, “SV-Gol”, “SV-Guney”, “MY-Yayla”, “MY-Yukarıyayla”, “Karaman” ve “Bursa” genotipleri kışlık çeşitler olarak gruplandırılabilir.

Çalışmanın moleküler karakterizasyon bölümünde SSR markör tekniği kullanılmıştır. İpek ve diğerleri (2015) tarafından sarımsak genomunda kodlayan bölgelerden geliştirilen 18 SSR markörü (Çizelge 3.5) pırasa genomunda PCR analizi ile test edilmiştir ve 13 markör amplifikasyon göstermiştir (Çizelge 4.5). Amplifikasyon gösteren SSR markörleri daha sonra 16 yerel pırasa genotipi arasındaki genetik çeşitliliği belirlemek için kullanılmış ve SSR allelleri poliakrilamid jel elektroforezinde görüntülenmiştir. SSR allellerinden elde edilen ikili veri kullanılarak Dice benzerlik matrisi (Çizelge 4.6) hesaplanmış ve UPGMA dendrogramı (Şekil 4.1)

oluşturulmuştur. Benzerlik katsayı değerleri 0,45 ile 0,85 arasında değişmiştir. En yüksek benzerlik katsayısı değeri 0,85 ile “Yeniyenice” ve “BK-Tavsanlı” arasında, en düşük benzerlik katsayısı değeri ise 0,45 ile SV-Guney ve AE-Tekke arasında bulunmuştur. Amplifikasyon gösteren primerlerden toplam 69 allel elde edilmiş ve bu allellerin 45’i polimorfik, 24’ü monomorfiktir bulunmuştur. Primer başına değişen allel sayısı 2 ile 10 arasında olup ortalama allel sayısı 5,30’dur. PIC değerleri 0,34 ile 0,45 arasında değişmiştir (Çizelge 4.5). Markörler orta derecede bilgilendiricidir.

Hancı (2021), Türkiye'nin farklı bölgelerinden toplanan 56 pırasa genotipi arasındaki genetik çeşitliliği 17 SRAP ve 3 ISSR markörü kullanarak analiz etmiş ve genetik benzerlik katsayı değerlerini 0,56 ile 0,96 arasında bulmuştur. Hancı (2021)'nin elde ettiği sonuç, bu çalışmada saptanan benzerlik katsayı değer aralığı (0,45 - 0,85) ile yakın bulunmuştur. İpek ve diğerleri (2015)'nin sarımsak genomundan geliştirdiği SSR markörleri bu çalışmada kullanılmış ve yerel pırasa genotiplerinde %72,2 oranında aktarılabirlik göstermiştir. Bu sonuç Lee ve diğerleri (2011)'nin sarımsak genomundan elde ettikleri 50 SSR markörünün pırasada gösterdiği %73 aktarılabirlik sonucu ile tutarlı bulunmuştur. Lee ve diğerleri (2011) aynı zamanda 50 SSR markörünü *Allium altaicum* ve *Allium fistulosum* türlerinde de test etmişlerdir. Ancak *Allium altaicum*' da %47,6, *Allium fistulosum*' da %48 oranında aktarılabirlik saptamışlardır. Bu veriler ışığında sarımsak genomunun pırasa genomuna, diğer *Allium* türlerine (*Allium altaicum* ve *Allium fistulosum*) oranla daha yakın olduğu sonucuna varılabilir. Aynı zamanda Jayaswall ve diğerleri (2019) Hint sarımsak ve soğan germplazmlarını ve yabancı pırasanın da (*Allium ampeloprasum*) dahil olduğu yabancı akrabalarını, 30 SSR markör ile moleküler olarak tanımlamışlardır. Test edilen SSR markörlerinin Hint sarımsak ve soğan genotipleri arasındaki varyasyonu değerlendirmek ve yabancı *Allium* türleri ile akrabalık ilişkilerini belirlemek için başarıyla kullanılabileceği ifade etmişlerdir.

Değerlendirilen 12 morfolojik parametre için yapılan arazi gözlemleri sırasında genotip içi yüksek varyasyon görülmemiştir. Özellikle yalancı gövde uzunluğu, yaprak rengi, yaprak – gövde açısı ve yalancı gövde tabanında baş oluşumu özellikleri yönünden genotip içindeki bitkiler arasında homojenlik yüksek görülmüştür (arazi gözlemi). Bu

durum genotiplerin genetik durulmuşluğunun yüksek olduğunu ve değerlendirilen morfolojik özelliklerin genotiplere özgü yüksek kalıtım özelliğine sahip karakterler olduğunu düşündürmektedir. Nitekim aynı arazi koşullarında yetiştirilmiş olmasına rağmen bazı genotiplerde yalancı gövde tabanında baş oluşumu eğilimi güçlü iken bazı genotiplerde bu özellik görülmemiştir. Tüketici talebine paralel olarak, pırasa yetiştiriciliğinde yalancı gövde tabanında baş oluşumu göstermeyen, uzun düz bir aksa sahip çeşitler daha çok tercih edilmektedir. İslah çalışmaları da bu talep doğrultusunda ilerlemektedir. Değerlendirilen karakterler yönünden genotipler arasında ise yüksek varyasyon tespit edilmiştir. Ortaya çıkan bu farklılık istatistiksel olarak da önemli bulunmuştur.

Samsun, Bursa, Karaman, Muğla, Mersin, Antalya ve Balıkesir illerinin farklı iklim koşullarında yetiştirilen pırasa genotipleri Bursa ekolojisinde aynı koşullar altında yetiştirilerek performansları değerlendirilmiştir. “İnegöl-92” ve “Kartal-Kalem” pazar değeri yüksek tescilli standart çeşitlerdir. Bu iki çeşidin morfolojik değerlerine en yakın ve yüksek pazar değeri açısından potansiyel genotipler “Alanyurt-Inegol”, “BK-Tavsanlı” ve “Yeniyenice” olarak gösterilebilir. Bununla birlikte pırasada genetik çalışmalar oldukça sınırlıdır. Pırasanın genomuna özgü yeni moleküler markörlerin geliştirilmesi, pırasa genotiplerinin genetik olarak tanımlanması ve gen kaynaklarının korunması açısından son derece önemlidir. Pırasada genetik çalışmaların ve genetik haritaların daha kapsamlı bir şekilde yapılabilmesi için daha fazla genotipte daha fazla sayıda moleküler markör kullanılarak çalışılması gerekmektedir. Moleküler ve morfolojik özellikleri karakterize edilen 16 yerel pırasa genotipi gelecekteki ıslah çalışmalarında materyal olarak kullanılabilir ve bu çalışmada elde edilen sonuçlar araştırmacılara katkıda bulunabilecektir.

## KAYNAKLAR

- Abdou, R., Malice, M., Bakasso, Y., Saadou, M. & Baudoin, J. P. (2015). Variabilite morphologique et agronomique des ecotypes d'oignon (*Allium cepa* L.) identifies par les producteurs du Niger. *Tropicultura*, 33(1):, 3–18.
- Adão, C. R., Da Silva, B. P. & Parente, J. P. (2011). A new steroidal saponin with antiinflammatory and antiulcerogenic properties from the bulbs of *Allium ampeloprasum* var. *porrum*. *Fitoterapia*, 82(8):, 1175–1180. <https://doi.org/10.1016/j.fitote.2011.08.003>
- Adriana, P. A., Emilia, B. & Arambaşa, V. (2019). Study on certain morphological characteristics of some local garlic ( *Allium sativum* L .) landraces. *Journal Of Horticulture, Forestry And Biotechnology* , 23(3):, 68–70.
- Adriana, P. A., Oana, D. & Mihaela, C. (2016). Variability of some *Allium sativum* L . landraces from Romania cultivated ex situ. *Journal of Horticulture, Forestry and Biotechnology*, 15(4):, 143–146.
- Akgün, S. (2018). *Farklı sükröz konsantrasyonlarının pırasada (Allium ampeloprasum L.) ginogenesis uyartımına etkilerinin araştırılması* (Yüksek Lisans Tezi) Pamukkale Üniversitesini, Fen Bilimleri Enstitüsü.
- Alan, A. R., Celebi Toprak, F. & Kaska, A. (2016). Production and evaluation of gynogenic leek (*Allium ampeloprasum* L.) plants. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture*, 125(2):, 249–259. <https://doi.org/10.1007/s11240-016-0944-2>
- Amiryousefi, A., Hyvonen, J. & Poczai, P. (2018). iMEC: Online marker efficiency calculator. *Applications in Plant Sciences*, 6(6):, 4–7. <https://doi.org/10.1002/aps3.1159>
- Anandhan, S., Mote, S. R. & Gopal, J. (2014). Evaluation of onion varietal identity using SSR markers. *Seed Science and Technology*, 42(2):, 279–285. <https://doi.org/10.15258/sst.2014.42.2.16>
- Anwar, G. M., Helmey, R. K. & Mostafa, Y. M. (2016). Assesment of genetic diversity in garlic clones using SSR and ISSR markers. *Egyptian Journal of Genetics and Cytology*, 45(2):, 333–345. <https://doi.org/10.21608/ejgc.2016.9585>
- Arumuganathan, K. & Earle, E. D. (1991). Nuclear DNA content of some important plant species. *Plant Molecular. Biology. Reporter*, 9 (3): 208–218 <http://dx.doi.org/10.1007/BF02672069>.
- Atik, İ. & Dıraman, H. (2019). Yaygın olarak tüketilen *Allium* türlerinin öne çıkan özellikleri ve insan sağlığına etkileri. *Gıda ve Yem Bilimi - Teknolojisi Dergisi*, 21:, 1–8.

- Ayed, C., Mezghani, N., Rhimi, A., Al, B. & Dridi, M. (2019). Morphological evaluation of Tunisian garlic (*Allium sativum* L.) landraces for growth and yield traits. *Journal of Horticulture and Postharvest Research*, 2(1):, 43–52. <https://doi.org/10.22077/jhpr.2018.1838.1033>
- Barboza, K., Beretta, V., Kozub, P. C., Salinas, C., Morgenfeld, M. M., Galmarini, C. R. & Cavagnaro, P. F. (2018). Microsatellite analysis and marker development in garlic: distribution in EST sequence, genetic diversity analysis, and marker transferability across Alliaceae. *Molecular Genetics and Genomics*, 293(5):, 1091–1106. <https://doi.org/10.1007/s00438-018-1442-5>
- Bernaert, N., De Paepe, D., Bouten, C., De Clercq, H., Stewart, D., Van Bockstaele, E., De Loose, M. & Van Droogenbroeck, B. (2012). Antioxidant capacity, total phenolic and ascorbate content as a function of the genetic diversity of leek (*Allium ampeloprasum* var. *porrum*). *Food Chemistry*, 134(2):, 669–677. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2012.02.159>
- Bernaert, N., De Clercq, H., Van Bockstaele, E., De Loose, M. & Van Droogenbroeck, B. (2013). Antioxidant changes during postharvest processing and storage of leek (*Allium ampeloprasum* var. *porrum*). *Postharvest Biology and Technology*, 86:, 8–16. <https://doi.org/10.1016/j.postharvbio.2013.06.010>
- Bernaert, N., Wouters, D., De Vuyst, L., De Paepe, D., De Clercq, H., Van Bockstaele, E., De Loose, M. & Van Droogenbroeck, B. (2013). Antioxidant changes of leek (*Allium ampeloprasum* var. *porrum*) during spontaneous fermentation of the white shaft and green leaves. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 93(9):, 2146–2153. <https://doi.org/10.1002/jsfa.6020>
- Bernaert, N., Debonne, E., De Leyn, I., Van Droogenbroeck, B. & Van Bockstaele, F. (2021). Incorporation of leek powder (*Allium ampeloprasum* var. *porrum*) in wheat bread: Technological implications, shelf life and sensory evaluation. *Lwt*, 153(September 2021):, 112517. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2021.112517>
- Bianchini, F. & Vainio, H. (2001). *Allium* vegetables and organosulfur compounds: Do they help prevent cancer?. *Environmental Health Perspectives*, 109(9):, 893–902. <https://doi.org/10.1289/ehp.01109893>
- Bilir, Ö. (2016). Bitki genetik kaynaklarının muhafazası açısından biyoteknoloji. *Türk Bilimsel Derlemeler Dergisi*, 9(2):, 29–33.
- Botstein, D., White, R. L., Skolnick, M. & Davis, R. W. (1980). Construction of a genetic-linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *Am J Hum Genet* 32: 314-331.
- Burt, B. J., Officer, D. & Perth, S. (1999). Growing leeks in western. *Chief Executive*, (52):.

Cebeci, E. & Hancı, F. (2014). Male sterility applications in *Alliums*. *Tarım Bilimleri Araştırma Dergisi*, 7(2):, 37–40.

Chen, S., Chen, W., Shen, X., Yang, Y., Qi, F., Liu, Y. & Meng, H. (2014). Analysis of the genetic diversity of garlic (*Allium sativum* L.) by simple sequence repeat and inter simple sequence repeat analysis and agro-morphological traits. *Biochemical Systematics and Ecology*, 55:, 260–267. <https://doi.org/10.1016/j.bse.2014.03.021>

Cunha, C. P., Hoogerheide, E. S. S., Zucchi, M. I., Monteiro, M. & Pinheiro, J. B. (2012). New microsatellite markers for garlic, *Allium sativum* (Alliaceae). *American Journal of Botany*, 99(1):, 17–19. <https://doi.org/10.3732/ajb.1100278>

Cunha, C. P., Resende, F. V., Zucchi, M. I. & Pinheiro, J. B. (2014). SSR-based genetic diversity and structure of garlic accessions from Brazil. *Genetica*, 142(5):, 419–431. <https://doi.org/10.1007/s10709-014-9786-1>

De Clercq, H., Baert, J. & Van Bockstaele, E. (1999). Breeding potential of Belgian landraces of leek (*Allium ampeloprasum* L. var. *porrum*). *Euphytica*, 106(2):, 101–109. <https://doi.org/10.1023/A:1003544231948>

De Clercq, H., Peusens, D., Roldán-Ruiz, I. & Van Bockstaele, E. (2003). Causal relationships between inbreeding, seed characteristics and plant performance in leek (*Allium porrum* L.). *Euphytica*, 134(1):, 103–115. <https://doi.org/10.1023/A:1026198910662>

Dey, P. & Khaled, K. L. (2015). An extensive review on *Allium ampeloprasum* a magical herb. *International Journal of Science and Research*, 4(7):, 371–377.

Dice, L. R.(1945). Measures of the amount of ecologic association between species. *Ecology* 26: 297-302.

Dubouzet, J. G. & Shinoda, K. (1999). Relationships among old and new world *Alliums* according to ITS DNA sequence analysis. *Theoretical and Applied Genetics*, 98(3–4):, 422–433. <https://doi.org/10.1007/s001220051088>

Eriş, A. & Yanmaz, R. (1979). Sağlık ve beslenme açısından sebzelerin önemi. *The Journal of Food*, 4(1).

FAO.(2020). Pırasa ve diğer soğanlı sebzelerin üretimi. The State of Food and Agriculture Organization of the United Nations. <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QV>

Filiz, E. & Koç, İ. (2011). Bitki biyoteknolojisinde moleküler markörler. *GOÜ, Ziraat Fakültesi Dergisi*, 28(2):, 207–214. Adresinden erişildi [http://ziraatdergi.gop.edu.tr/Makaleler/2026213079\\_207-214.pdf](http://ziraatdergi.gop.edu.tr/Makaleler/2026213079_207-214.pdf)

- Filjushin, M. A., Kholda, O. A., Kochieva, E. Z. & Ryzhova, N. N. (2011). AFLP marking of the genotypes of leek (*Allium porrum*) varieties. *Russian Journal of Genetics*, 47(4):, 492–496. <https://doi.org/10.1134/S1022795411030045>
- Futterer, j., Gisel, A., Iglesias, V., Kloti, A., Kost, B., Mittelsten Scheid, O., Neuhaus, G., Neuhaus-Url, G., Schrott, M., Shillito, R., Spangenberg, G. & Wang, Z.Y. (1995). Standard Molecular Techniques for the Analysis of Transgenic Plants. *Gene Transfer to Plants*, 215-263.
- García-Herrera, P., Morales, P., Fernández-Ruiz, V., Sánchez-Mata, M. C., Cámara, M., Carvalho, A. M., Ferreira, I. C. F. R., Pardo-de-Santayana, M., Molina, M. & Tardío, J. (2014). Nutrients, phytochemicals and antioxidant activity in wild populations of *Allium ampeloprasum* L., a valuable underutilized vegetable. *Food Research International*, 62:, 272–279. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2014.03.004>
- Geboloğlu, N., Karabekiroğlu, D. S. & Doksöz, S. (2017). Tokat sarımsağının morfolojik ve moleküler karakterizasyonu. *Akademik Ziraat Dergisi*, 136(6):, 131–136.
- Gilreath, J. P., Santos, B. M., Gilreath, P. R. & Maynard, D. N. (2008). Efficacy of early post-transplant herbicides in leeks (*Allium porrum* L.). *Crop Protection*, 27(3–5):, 847–850. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2007.06.005>
- Golubkina, N., Seredin, T., Kriachko, T. & Caruso, G. (2019). Nutritional features of leek cultivars and effect of selenium-enriched leaves from goliath variety on bread physical, quality and antioxidant attributes. *Italian Journal of Food Science*, 31(2):, 288–300. <https://doi.org/10.14674/IJFS-1277>
- Guenauoui, C., Mang, S., Figliuolo, G. & Neffati, M. (2013). Diversity in *Allium ampeloprasum*: From small and wild to large and cultivated. *Genet Resour Crop Evol*, 60:, 97–114. <https://doi.org/10.1007/s10722-012-9819-5>
- Gülşen, O. & Mutlu, N. (2005). Bitki biliminde kullanılan genetik markırlar ve kullanım alanları. *Alatarım*, 4(2):, 27–37.
- Hancı, F. & Gökçe, A. F. (2016). Molecular characterization of Turkish onion germplasm using SSR markers. *Czech Journal of Genetics and Plant Breeding*, 52(2):, 71–76. <https://doi.org/10.17221/162/2015-CJGPB>
- Hancı, F. (2021). The first assessment of genetic diversity among Turkish leek accessions using molecular and morphological markers: A detailed characterization of Turkish leek germplasm. *Israel Journal of Plant Sciences*, 1(aop):, 1–10. <https://doi.org/10.1163/22238980-BJA10046>
- H. B. C. (1860). “The ancient”. *Notes and Queries*, s2-IX(233):, 471–471. <https://doi.org/10.1093/nq/s2-ix.233.471d>

- Ipek, M., Ipek, A. & Simon, P. W. (2003). Comparison of AFLPs, RAPD markers, and isozymes for diversity assessment of garlic and detection of putative duplicates in germplasm collections. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 128(2):, 246–252. <https://doi.org/10.21273/jashs.128.2.0246>
- Ipek, M., Sahin, N., Ipek, A., Cansev, A. & Simon, P. W. (2015). Development and validation of new SSR markers from expressed regions in the garlic genome. *Scientia Agricola*, 72(1):, 41–46. <https://doi.org/10.1590/0103-9016-2014-0138>
- Jabbes, N., Arnault, I., Auger, J., Dridi, B. A. M. & Hannachi, C. (2012). Agromorphological markers and organo-sulphur compounds to assess diversity in Tunisian garlic landraces. *Scientia Horticulturae*, 148:, 47–54. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2012.08.013>
- Jayaswall, K., Bhandawat, A., Sharma, H., Yadav, V. K., Mahajan, V. & Singh, M. (2019). Characterization of *Allium* germplasms for conservation and sustainable management using SSR markers. *Indian Journal of Traditional Knowledge*, 18(1):, 193–199.
- Jo, M. H., Ham, I. K., Moe, K. T., Kwon, S. W., Lu, F. H., Park, Y. J., Kim, W. S., Won, M. K., Kim, T. I. & Lee, E. M. (2012). Classification of genetic variation in garlic (*Allium sativum* L.) Using SSR markers. *Australian Journal of Crop Science*, 6(4):, 625–631.
- Karić, L., Golzardi, M., Glamočlija, P. & Šutković, J. (2018). Genetic diversity assessment of *Allium cepa* L. Cultivars from Bosnia and Herzegovina using SSR makers. *Genetics and Molecular Research*, 17(1):. <https://doi.org/10.4238/gmr16039870>
- Kaska, A. (2013). *Bazı yenilebilir Allium türlerinde ginogenesis uyartımı ve klonal çoğaltma olanaklarının araştırılması* (Yüksek Lisans Tezi), Pamukkale Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü.
- Kaska, A., Yildirim, S., Top, B., Celebi-Toprak, F. & Alan, A. R. (2016). In vitro propagation of leek (*Allium ampeloprasum* L.). *Acta Horticulturae*, 1143(March 2017):, 55–60. <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2016.1143.9>
- Kesawat, M. S. & Das, B. K. (2009). Molecular markers: It's application in crop improvement types of molecular markers. *J. Crop Sci. Biotech*, 12(4):, 169–181.
- Khazanehdari, K. A. & Jones, G. H. (1997). The causes and consequences of meiotic irregularity in the leek (*Allium ampeloprasum* spp. *porrum*); implications for fertility, quality and uniformity. *Euphytica*, 93(3):, 313–319. <https://doi.org/10.1023/A:1002914808150>

- Kik, C., Samoylov, A. M., Verbeek, W. H. J. & Van Raamsdonk, L. W. D. (1997). Mitochondrial DNA variation and crossability of leek (*Allium porrum*) and its wild relatives from the *Allium ampeloprasum* complex. *Theoretical and Applied Genetics*, 94(3–4):, 465–471. <https://doi.org/10.1007/s001220050438>
- Kiremit, M. S. & Arslan, H. (2016). Effects of irrigation water salinity on drainage water salinity, evapotranspiration and other leek (*Allium porrum* L.) plant parameters. *Scientia Horticulturae*, 201:, 211–217. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2016.02.001>
- Kocakaya, V. (2019). *Ginogenik pırasa (Allium ampeloprasum L.) hatlarının karakterizasyonu* (Yüksek Lisans Tezi), Pamukkale Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü.
- Kolota, E. & Adamczewska-Sowinska, K. (2007). The effects of flat covers on overwintering and nutritional value of leeks. *Vegetable Crops Research Bulletin*, 66:, 11–16. <https://doi.org/10.2478/v10032-007-0002-z>
- Kratchanova, M., Nikolova, M., Pavlova, E., Yanakieva, I. & Kussovski, V. (2010). Composition and properties of biologically active pectic polysaccharides from leek (*Allium porrum*). *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 90(12):, 2046–2051. <https://doi.org/10.1002/jsfa.4050>
- Kumar, M., V., R. S., Kumar, V., Sirohi, U., Chaudhary, V., Sharma, S., Saripalli, G., Naresh, R. K., Yadav, H. K. & Sharma, S. (2019). Genetic diversity and population structure analysis of Indian garlic (*Allium sativum* L.) collection using SSR markers. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, 25(2):, 377–386. <https://doi.org/10.1007/s12298-018-0628-y>
- Lee, G. A., Kwon, S. J., Park, Y. J., Lee, M. C., Kim, H. H., Lee, J. S., Lee, S. Y., Gwag, J. G., Kim, C. K. & Ma, K. H. (2011). Cross-amplification of SSR markers developed from *Allium sativum* to other *Allium* species. *Scientia Horticulturae*, 128(4):, 401–407. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2011.02.014>
- Li, J., Guo, H., Wang, Y., Zong, J., Chen, J., Li, D., Li, L., Wang, J. & Liu, J. (2018). High-throughput SSR marker development and its application in a centipedegrass (*Eremochloa ophiuroides* (Munro) Hack.) genetic diversity analysis. *PLOS ONE* 13(8): e0202605. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0202605>
- Li, X., Qiao, L., Chen, B., Zheng, Y., Zhi, C., Zhang, S., Pan, Y. & Cheng, Z. (2021). SSR markers development and their application in genetic diversity evaluation of garlic (*Allium sativum* L.) germplasm. *Plant Diversity*. <https://doi.org/10.1016/j.pld.2021.08.001>
- Ma, K. H., Kwag, J. G., Zhao, W., Dixit, A., Lee, G. A., Kim, H. H., Chung, I. M., Kim, N. S., Lee, J. S., Ji, J. J., Kim, T. S. & Park, Y. J. (2009). Isolation and characteristics of eight novel polymorphic microsatellite loci from the genome of garlic (*Allium sativum* L.). *Scientia Horticulturae*, 122(3):, 355–361. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2009.06.010>

- Mallor, C., Arnedo-Andrés, M. S. & Garcés-Claver, A. (2014). Assessing the genetic diversity of Spanish *Allium cepa* landraces for onion breeding using microsatellite markers. *Scientia Horticulturae*, 170:, 24–31. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2014.02.040>
- Mousavi, A., Kashi, A., Davoodi, D. & Sanei Shariatpanahi, M. (2011). Characterization of an *Allium* cultivated in Iran: The Persian leek. *Royal Botanical Society of Belgium*, 139(1):, 115–123.
- Onur, N., Sarper, F. & Onur, F. (2017). Farklı sosyo-ekonomik düzeydeki ailelerin sebze-meyve tüketim durumları. *Journal of Tourism and Gastronomy Studies*, 5(1):, 105–123. <https://doi.org/10.21325/jotags.2017.62>
- Ozgun, M., Akpinar-Bayizit, A., Ozcan, T. & Yilmaz-Ersan, L. (2011). Effect of dehydration on several physico-chemical properties and the antioxidant activity of leeks (*Allium porrum* L.). *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca*, 39(1):, 144–151. <https://doi.org/10.15835/nbha3915861>
- Peterka, H., Budahn, H., Schrader, O. & Havey, M. J. (2002). Transfer of a male-sterility-inducing cytoplasm from onion to leek (*Allium ampeloprasum*). *Theoretical and Applied Genetics*, 105(2–3):, 173–181. <https://doi.org/10.1007/s00122-002-0935-z>
- Poljuha, D., Franic, M., Kralj, I., Weber, T., Šatovic, Z., Ban, D., Toth, N., Dumičić, G., Kereša, S., Da Cunha, C. P. & Goreta Ban, S. (2021). Genetic diversity and structure analysis of Croatian garlic collection assessed by SSR markers. *Folia Horticulturae*, 33(1):, 157–171. <https://doi.org/10.2478/fhort-2021-0011>
- Rivera, A., Mallor, C., Garcés-Claver, A., García-Ulloa, A., Pomar, F. & Silvar, C. (2016). Assessing the genetic diversity in onion (*Allium cepa* L.) landraces from northwest Spain and comparison with the European variability. *New Zealand Journal of Crop and Horticultural Science*, 44(2):, 103–120. <https://doi.org/10.1080/01140671.2016.1150308>
- Sabir, M., Singh, D. & Jat, B. L. (2017). Study of morphological and molecular characterization of garlic (*Allium sativum* L.). *The Asian Journal of Horticulture*, 12(1):, 141–159. <https://doi.org/10.15740/has/tajh/12.1/141-159>
- Santos, C. A. F., Oliveira, V. R., Rodrigues, M. A. & Ribeiro, H. L. C. (2010). Molecular characterization of onion cultivars using microsatellite markers. *Pesquisa Agropecuaria Brasileira*, 45(1):, 49–55. <https://doi.org/10.1590/s0100-204x2010000100007>
- Sarı, M., Karanfil, A. & Korkmaz, S. (2020). Çanakkale İlinde Leek yellow stripe virus Enfeksiyonunun Güncel Durumu ve İki farklı Gen Bölgesine Göre Kısmi Moleküler Karakterizasyonu. *Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi*, 6(1):, 39–48. <https://doi.org/10.28979/comufbed.697787>

- Sarıkamış, G. (2014). Sebze ıslahında moleküler yaklaşımlar. *Türk Bilimsel Derlemeler Dergisi*, 7(2):, 80–83.
- Sezgin, A. C. (2014). Meyve sebze ve sağlığımız. *Journal of Tourism and Gastronomy Studies*, 2(2):, 46–51.
- Schuelke, M. (2000). An economic method for the fluorescent labeling of PCR fragments. *Nat Biotechnol* 18: 233-234.
- Schlötterer, C. (2004). The evolution of molecular markers -just a matter of fashion?. *Nature Reviews-Genetics* 5:, 63–69. <https://doi.org/10.1016/j.actao.2011.01.003>
- Shelke, P. A., Rafiq, S. M., Bhavesh, C., Rafiq, S. I., Swapnil, P. & Mushtaq, R. (2020). Leek (*Allium ampeloprasum* L.). *Antioxidants in Vegetables and Nuts-Properties and Health Benefits*, (December), , [https://doi.org/10.1007/978-981-15-7470-2\\_16](https://doi.org/10.1007/978-981-15-7470-2_16)
- Smith, B. M. & Crowther, T. C. (1995). Inbreeding depression and single cross hybrids in leeks (*Allium ampeloprasum* ssp. *porrum*). *Euphytica*, 86(2):, 87–94. <https://doi.org/10.1007/BF00022013>
- Sivritepe, H.Ö. (2017). Özel sebzeçilik-I. Pırasa yetiştiriciliği. Bursa Uludağ Üniversitesi Bahçe Bitkileri Bölümü Ders Notları.
- Sultan, S. M. & Raina, S. K. (2020). Agro-morphological characterization of local garlic (*Allium sativum* L.) germplasm accessions collected from different regions of Jammu and Kashmir. *Journal of Applied and Natural Science*, 12(2):, 124–127. <https://doi.org/10.31018/jans.v12i2.2253>
- Thapa, P., Karkee, A., Ghimire, K., Mainali, R. P., Joshi, B. K. & Mishra, K. K. (2021). Characterization and diversity assessment of Nepalese garlic (*Allium sativum* L.) landraces. *The Journal of Agriculture and Environment*, 22(July):, 80–93. Retrieved from <https://www.researchgate.net/publication/353285820%0ACHARACTERIZATION>
- TÜİK. (2020). Türkiye pırasa üretimi. Türkiye İstatistik Kurumu, <https://data.tuik.gov.tr/Kategori/GetKategori?p=tarim-111&dil=1>
- UPOV, 2008. <https://www.upov.int/edocs/tgdocs/en/tg085.pdf>
- Yabancı, N. (2010). İnülin ve oligofruktozların insan sağlığı ve beslenmesi üzerine etkileri. *Akademik Gıda*, 8(1):, 49–54.
- Yorgancılar, M., Yakışır, E. & Tanur Erkoyuncu, M. (2015). Moleküler markörlerin bitki ıslahında kullanımı. *Bahri Dağdaş Bitkisel Araştırma Dergisi Journal of Bahri Dagdas Crop Research*, 4(2):, 1–12.

Zhao, W. G., Chung, J. W., Lee, G. A., Ma, K. H., Kim, H. H., Kim, K. T., Chung, I. M., Lee, J. K., Kim, N. S., Kim, S. M. & Park, Y. J. (2011). Molecular genetic diversity and population structure of a selected core set in garlic and its relatives using novel SSR markers. *Plant Breeding*, 130(1):, 46–54. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.2010.01805.x>



## EKLER

**EK 1:** Çalışmada kullanılan 16 yerel genotipin hasat sonrası görüntüleri







