

EGE ÜNİVERSİTESİ FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

(DOKTORA TEZİ)

**BAZI İDRİS (*Prunus mahaleb* L.) GENOTİPLERİNİN
MORFOLOJİK VE MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU**

Deniz EROĞUL

Tez Danışmanı: Prof. Dr. Serra HEPAKSOY

Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı

**Bilim Dalı Kodu:501.01.01
Sunuş Tarihi: 21.12.2009**

Bornova-İZMİR

2009

Deniz EROĞUL tarafından **Doktora Tezi** olarak sunulan “**Bazı İdris (Prunus Mahaleb L.) Genotiplerinin Morfolojik Ve Moleküler Karakterizasyonu**” başlıklı bu çalışma E.Ü Lisansüstü Eğitim ve Öğretim Yönetmeliği ile E.Ü. Fen Bilimleri Enstitüsü Eğitim ve Öğretim Yönergesi’nin ilgili hükümleri uyarınca tarafımızdan değerlendirilerek savunmaya değer bulunmuş ve **21.12.2009** tarihinde yapılan tez savunma sınavında aday, oybirliği/oyçokluğu ile başarılı bulunmuştur.

Jüri Üyeleri:

İmza

Jüri Başkanı		
Raportör Üye		
Üye		
Üye		
Üye		

ÖZET**BAZI İDRİS (*Prunus mahaleb* L.) GENOTİPLERİNİN
MORFOLOJİK VE MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU****EROĞUL, Deniz****Doktora Tezi, Bahçe Bitkileri Bölümü****Tez Yöneticisi: Prof. Dr. Serra HEPAKSOY****Aralık 2009, 150 sayfa**

Türkiye idris tiplerinin doğal yayılma alanı içinde bulunduğundan genetik varyabilitesi çok geniş zengin bir popülasyona sahiptir. İdrisin çiçek, yaprak ve meyvelerinden tıpta yararlanıldığı gibi, meyveleri jöle, pestil, şekerleme ve alkollü içki yapımında kullanılmaktadır. Meyvecilik açısından en önemli özelliği ise, kiraz ve vişne için anaç olarak kullanımındır.

Bu çalışma ile Türkiye’de bulunan idris tipleri morfolojik ve moleküler düzeyde belirlenerek aralarındaki farklılıklar ortaya konmuştur.

Morfolojik verilere dayanarak 60 idris genotipinde oluşturulan dendrogramda 4 ana grup oluşmuş, 3 grubu kara idris genotipleri oluştururken, bir grubu da sarı idris genotipleri oluşturmuş, sarı ve kara idrisler birbirinden ayrılarak dendrogramda yer almıştır.

SSR analizlerinde, kiraz, şeftali ve kayısıdan seçilen 36 primer çiftinden, 28’inde amplifikasyon gerçekleşmiştir. Altmış idris genotipi üzerinde yapılan değerlendirmede, toplam 105 bant elde edilmiş ve bu bantlardan 19’u monomorfik, 86’sı polimorfik bulunmuş, lokus başına düşen ortalama allel sayısı 3.9 olarak belirlenmiştir. SSR analizleri sonucunda genel olarak aynı yörelere ait olan genotiplerin benzerlikleri yüksek bulunmuştur.

AFLP analizlerinde ise 4 primer kombinasyonu, 45 idris genotipinde kullanılmış ve 14’ü monomorfik, 98 i polimorfik olmak üzere, toplam 112 bant elde edilmiştir. SSR yöntemi ile birbirine çok yakın bulunan genotiplerin, AFLP analizleri sonucunda oluşan dendrogramda uzak olduğu belirlenmiştir.

Yapılan analizler sonucunda, SSR metoduyla elde edilen polimorfizm seviyesi AFLP'ye göre daha yüksek bulunmuştur.

Anahtar Kelimeler: *Prunus mahaleb* L., idris, anaç, morfolojik özellikler, SSR, AFLP

ABSTRACT**MOLECULAR AND MORPHOLOGICAL CHARACTERIZATION
OF SOME MAHALEB (*Prunus mahaleb* L.) GENOTYPES****EROĞUL, Deniz****PhD in Department of Horticulture****Supervisor: Prof. Dr. Serra HEPAKSOY****December 2009, 150 pages**

Turkey, which is located in the ecological range of mahaleb, has a variable genetic population. Flowers, leaves and fruits of mahaleb tree can be used for their medicinal properties, and its fruits are also used for confectionary and alcoholic beverage production. The mahaleb is the most important rootstock in terms of fruit growing for sour cherry and sweet cherry trees.

In this study, the differences between *Prunus mahaleb* types in Turkey are defined with morphological and molecular methods.

According to the morphological data, the dendrogram that is constructed with 60 mahaleb genotypes, consists of 4 main groups, 3 of them include black mahaleb genotypes while yellow mahaleb genotypes belong to the last group of dendrogram, where black and yellow types of mahaleb are separately appeared in.

28 SSR primer pairs out of 36 selected from sweet cherry, peach and apricot gave amplification in SSR analysis. A total of 105 alleles have been obtained for 60 mahaleb genotypes and 19 of them were monomorphic whereas 86 were polymorphic with a mean value of 3.9 alleles per locus. According to SSR analysis data, genotypes collected from the same region were closely related and regrouped together.

Four primer combinations were used for 45 mahaleb genotypes in AFLP analysis. A total of 112 alleles were obtained. 14 of them were monomorphic

whereas 98 were polymorphic. The mahaleb genotypes that are closely related and clustered together in SSR analysis were genetically distant according to dendrogram obtained from AFLP analysis.

Finally, SSR analysis resulted in higher polymorphism compared to AFLP analysis for mahaleb genotypes used in this study.

Keywords: *Prunus mahaleb* L., mahaleb, rootstock, morphological characteristics, SSR, AFLP

TEŞEKKÜR

Bu konuda bana çalışma olanağı veren, çalışmalarım süresince bana her türlü desteği sağlayan, çalışmamın her aşamasında yanımda olan, değerli görüş ve fikirlerini benimle paylaşan ve yönlendiren danışman hocam Sayın **Prof. Dr. SERRA HEPAKSOY**'a,

Tez izleme jürisindeki değerli katkılarından dolayı **Prof. Dr. Ali TANRISEVER**'e, çalışmamın moleküler analizlerinin yürütülmesi aşamasında her zaman bilgisine başvurduğum Sayın **Doç. Dr. Bahattin TANYOLAÇ**'a ve bulunduğu her ortamdan bana ulaşarak moleküler bilgisini her zaman benimle paylaşan sevgili arkadaşım Sayın **Yrd. Doç.Dr. Birsen ÇAKIR**'a,

Özverili destek ve yardımlarıyla hep yanımda olan **Dr. M. Kadri BOZOKALFA**'ya, **ZYM Tansel Kaygısız AŞÇIOĞUL**'a ve **ZM Yekta Orhan SAYDAM**'a,

Çalışmanın moleküler analizlerinin yürütülmesi aşamasının bir bölümünde İzmir Yüksek Teknoloji Enstitüsü Moleküler Biyoloji ve Genetik laboratuvarının imkanlarından yararlanmamı sağlayan Sayın **Doç. Dr. Sami DOĞANLAR**'a,

Araştırmayı destekleyen **Türkiye Bilimsel ve Teknolojik Araştırma Kurumu (TÜBİTAK)**'na,

Araştırmayı destekleyen **Ege Üniversitesi Bilimsel Araştırmalar Proje Komisyonu**'na,

Yanımda olan ve burada adını yazamadığım tüm hocalarıma ve arkadaşlarıma, Üniversiteme, Fakülteme, Bölümüme,

Tüm yaşamım boyunca beni koşulsuz olarak her zaman destekleyen, daima yanımda olan sevgili annem **Yücel EROĞUL**'a, sevgili ablam **Serap TİRYAKİOĞLU**'na ve yanımda olduğunu her zaman hissettiğim, büyük bir özlem duyduğum aramızdan yeni ayrılan sevgili babam **MEHMET ALİ EROĞUL**'a çok teşekkür ederim.

İÇİNDEKİLER

Sayfa

ÖZET	V
ABSTRACT	VII
TEŞEKKÜR	IX
İÇİNDEKİLER	XI
ŞEKİLLER DİZİNİ	XIII
ÇİZELGELER DİZİNİ	XV
SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ	XVII
1. GİRİŞ	1
2. LİTERATÜR BİLDİRİŞLERİ	8
2.1. Kiraz Anaçları	8
2.2. Moleküler işaretleyicilerin kullanımı	22
2.2.1. Genetik işaretleyici (markör) tipleri	23
3. MATERYAL VE YÖNTEM	43
3.1. Materyal	43
3.2. Yöntem	43
3.2.1. Fenolojik ve pomolojik gözlemler	43
3.2.2. Moleküler tanımlama çalışmaları	46
4. BULGULAR	57
4.1. Fenolojik Özellikler	57
4.2. Pomolojik Özellikler	62
4.2.1. Meyve ve tohum özellikleri	62
4.2.2. Yaprak özellikleri	71
4.3. İncelenen Agronomik Özellikler Arasındaki Korelasyonlar	83
4.4. Faktör Analizi	86
4.5. Cluster Analizi ve Genotiplerin Gruplanması	89

4.6. SSR markör analizi.....	93
4.7. AFLP markör analizi.....	108
4.8. AFLP ve SSR markörleri analizi.....	116
5. TARTIŞMA VE SONUÇ	121
KAYNAKLAR DİZİNİ	129
ÖZGEÇMİŞ	150

ŞEKİLLER DİZİNİ

<u>Sekil</u>	<u>Sayfa</u>
2.1. AFLP'nin aşamaları.....	36
2.2. Fragmentlerin poliakrilamid jelde ayrılması	37
2.3. Fragmentlerin kapillar elektroforezde ayrılması	37
3.1. Yaprak ayası şekli: dar eliptik (a), eliptik (b), yuvarlak (c), ovat (d), ters ovat (e)	45
3.2. Yaprak ayası apex şekli: dar açılı (a), dik açılı (b), geniş açılı (c)	45
3.3. Yaprak uç uzunluğu: kısa (a), orta (b), uzun (c).....	45
3.4. Yaprığın bazal kısmı: dar (a), geniş (b), küt (c).....	46
3.5. Yaprak kenarları kertikli (a), kertikli-testere dişli (b), testere dişli (c)	46
3.6. Yaprak sapı yivi derinliği: derin olmayan (a), orta derinlikte (b), derin (c)	46
3.7. Thermal cycler PTC-200	48
3.8. DNA markörünün (Fermantas #SM1133) agoroz ve polyakrilamid jeldeki görüntüsü.....	51
3.9. DNA kalite ve kantitesinin belirlenmesinde kullanılan spektrofotometre (nanodrop)	52
3.10. AFLP analizlerinde kullanılan Thermal cycler cihazı (ep gradient S)	54
3.11. Beckman oulter 8800 CEQ.....	56
4.1. Sarı ve kara idris	68
4.2. İdris genotipleri arasındaki benzerlikleri ve farklılıkları gösteren gruplar arası benzerlik dendogramı	92
4.3. SSR markörlerine dayalı 'gruplar arası benzerlik' dendogramı (60 idris genotipine ait)	101
4.4. EMPaS10 ^A primeri ile idris genotiplerinin amplifikasyonu sonucunda elde edilen bant profilleri.....	104
4.5. EMPaS12 ^A primeri ile idris genotiplerinin amplifikasyonu sonucunda elde edilen bant profilleri.....	104

4.6. Pchgms17 primeri ile idris genotiplerinin amplifikasyonu	
sonucunda elde edilen bant profilleri	104
4.7. Bppct34 primeri ile idris genotiplerinin amplifikasyonu	
sonucunda elde edilen bant profilleri	104
4.8. PceGA25 primeri ile idris genotiplerinin amplifikasyonu	
sonucunda elde edilen bant profilleri	105
4.9. PMS3 primeri ile idris genotiplerinin amplifikasyonu sonucunda	
elde edilen bant profilleri	105
4.10. PSO8EO8 primeri ile idris genotiplerinin amplifikasyonu	
sonucunda elde edilen bant profilleri	105
4.11. PMS49 primeri ile idris genotiplerinin amplifikasyonu	
sonucunda elde edilen bant profilleri	105
4.12. PS07AO2 primeri ile idris genotiplerinin amplifikasyonu	
sonucunda elde edilen bant profilleri	106
4.13. AFLP markörlerine dayalı ‘gruplar arası benzerlik’ dendogramı	
(45 idris genotipine ait)	114
4.14. SSR markörlerine dayalı ‘gruplar arası benzerlik’ dendogramı	
(45 idris genotipine ait)	115
4.15. AFLP ve SSR markörleri sonuçlarına dayalı ‘gruplar arası	
benzerlik’ dendogramı (45 idris genotipine ait)	120

ÇİZELGELER DİZİNİ

<u>Cizelge</u>	<u>Sayfa</u>
2.1. Moleküler markör teknikleri (Mohan <i>et al.</i> , 1997).....	24
3.1. Meyve renklerine göre idris genotipleri	43
3.2. PCR Çoğaltma ögeleri konsantrasyon ve miktarları	48
3.3. Mikrosatellit analiz aşamalarında kullanılan primerler ve baz dizilimleri	49
3.4. Primerlerin PCR'daki döngü koşulları	50
3.5. Primerlerin PCR'daki döngü koşulları	50
3.6. AFLP markör analizlerinde kullanılan idris genotipleri.....	52
3.7. Genomik DNA'nın kesilmesinde kullanılan komponentler	53
3.8. AFLP analizlerinde kullanılan primerler	55
4.1. 2006 yılına ait fenolojik gözlemler (Tomurcuk kabarması (T.K.), Yapraklanma başlangıcı (Y.B.), Çiçeklenme başlangıcı (Ç.B.), Tam çiçeklenme zamanı (T.Ç.), Çiçeklenme sonu zamanı (Ç.S.).....	59
4.2. 2007 yılına ait fenolojik gözlemler (Tomurcuk kabarması (T.K.), Yapraklanma başlangıcı (Y.B.), Çiçeklenme başlangıcı (Ç.B.), Tam çiçeklenme zamanı (T.Ç.), Çiçeklenme sonu zamanı (Ç.S.).....	60
4.3. 2008 yılına ait fenolojik gözlemler (Tomurcuk kabarması (T.K.), Yapraklanma başlangıcı (Y.B.), Çiçeklenme başlangıcı (Ç.B.), Tam çiçeklenme zamanı (T.Ç.), Çiçeklenme sonu zamanı (Ç.S.).....	61
4.4. 2005-2007 yılları idris genotiplerine ait meyve ve tohum ağırlıkları (g/25 adet)	63
4.5. İdris genotiplerine ait meyve ve tohum boyu değerleri (mm)	65
4.6. İdris genotiplerine ait meyve eni ve tohum eni değerleri (mm)	67
4.7. 2005-2007 yılları idris genotiplerine ait meyve kroma, hue, L değerleri.....	70
4.8. İdris genotiplerinin yaprak özelliklerinin upov'a göre belirlenmesi	74
4.9. İdris genotiplerine ait ortalama, minimum, maksimum yaprak alanı değerleri (cm ²)	75
4.10. İdris genotiplerine ait yaprak eni (cm), yaprak boyu (cm)	77
4.11 İdris genotiplerine ait yaprak sapı uzunluğu (cm), yaprak kalınlığı değerleri (mm)	78
4.12. Yaprak üst ve alt yüzey L değerleri.....	80

4.13. Yaprak üst ve alt yüzey kroma (C*) değerleri	81
4.14. Yaprak üst ve alt yüzey Hue° değerleri.....	82
4.15. Agronomik özellikler arasındaki korelasyonlar	85
4.16. İdris genotiplerinin ait oldukları faktör grupları	88
4.17. İdris genotiplerinde faktör gruplarının açıklandığı varyabilitenin değerlendirilmesi.....	88
4.18. Mikrosatellit analizi sonucu elde edilen bant büyüklükleri ve allel sayıları	99
4.19. SSR markörlerine ait faktör analizi.....	103
4.20. SSR markörlerine dayalı genetik uzaklık (60 idris genotipine ait).....	107
4.21. AFLP markörlerine ait faktör analizi	110
4.22. SSR markörlerine ait faktör analizi.....	111
4.23.AFLP markörlerine dayalı genetik uzaklık (45 idris genotipine ait)	112
4.24.SSR markörlerine dayalı genetik uzaklık (45 idris genotipine ait).....	113
4.25. AFLP ve SSR markörlerine ait faktör analizi	118
4.26. AFLP ve .SSR markörlerine dayalı genetik uzaklık (45 idris genotipine ait).....	119

SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

<u>Simgeler</u>	<u>Açıklama</u>
bp	Base pair-baz çifti
°C	Santigrat derece
cm	Santimetre
g	gram
HCl	Hidro klorik asit
K	Potasyum
MgCl ₂	Magnezyum Klorür
mM	Milimol
µl	Mikrolitre
M	Mol
mm	milimetre
ng	Nanogram
nm	nanomol
NaAC	Sodyum asetat
NaCl	Sodyum klorür
pm	Part per million-milyonda bir kısım
rpm	Rotation per minute-dakikadaki dönüş sayısı
V	Volt
<u>Kisaltmalar</u>	<u>Açıklama</u>
AFLP	Amplified Fragment Length Polymorphism (Çoğaltılan Parça Uzunluğu Farklılığı)
CTAB	Hekzadesil Trimetil-Amonyum Bromür
DNA	Deoksiribo Nükleik Asit
dNTP	Deoksi-Nüklezid Trifosfat
EDTA	Etilen Diamine Tetra Asetik Asit
MAS	Marker Assisted Selection
PCR	Polymerase Chain Reaction (Polimeraz zincir reaksiyonu)
PVP	Polyvinylpyrrolidone
RAPD	Random Amplified Polymorphism DNA (Rastgele çoğaltılmış DNA farklılığı)
RFLP	Restriction Fragment Length Polymorphism (Kesilmiş parça uzunluğu farklılığı)
SSR	Simple Sequence Repeats (Basit dizi tekrarları).
TE	Tris-EDTA Çözeltisi
UPOV	The International Union for the Protection of New Varieties of Plants (Yeni Bitki Çeşitlerinin Korunmasına İlişkin Uluslararası Birlik)

1. GİRİŞ

Türkiye, dünya üzerinde uygun iklim kuşağındaki konumu itibariyle bahçe bitkileri yetiştirme potansiyeli çok yüksek olması yanı sıra tür ve çeşit zenginliğine sahip olan bir ülkedir. Tür ve çeşit zenginliğinin oluşturduğu bu potansiyel, farklı iklim ve toprak koşullarına adapte olabilecek, iç ve dış pazar taleplerine uygun ürün sunumuna, bazı hastalık ve zararlılara dayanıklı anaç ve çeşit seçimine olanak sağlayarak farklı amaçlara hizmet verebilecek alternatifler yaratmaktadır.

Dünya üzerinde kiraz-vişne grubunda 119 türün bulunduğu Köhne tarafından bildirilmiştir. Bu türlerden 100 tanesi Himalayaları da içine alan Doğu Asya'da, 14'ü Avrupa'da ve 5 tanesi de Kuzey Amerika'da doğal olarak yetişmektedir. Tür sayısının bu kadar çok olmasına rağmen bunlar içerisinde *P. avium* L. kiraz; *P. cerasus* L. ise vişne kültür çeşitlerinin meydana gelişlerinde büyük rol oynamışlardır. Diğer türlerden bir kısmı kiraz ve vişneler için anaç olarak önem kazanırken, bir kısmı özellikle soğuklara dayanıklı çeşitlerin ıslahında kullanılmış, bir kısmı da güzel çiçeklerinden dolayı süs bitkisi olarak değerlendirilmiştir (Özbek, 1978b).

Türkiye içinde bulunduğu iklim kuşağı ve coğrafi avantajları nedeniyle kiraz yetiştirilmesinde uygun koşullara sahip bir ülke olmakla birlikte uzun süren hasat dönemi ve yüksek güneşlenme süresi gibi açılardan da şanslı olup büyük bir üretim potansiyeline sahiptir. Ülkemizde kiraz yetiştirilen bölgelerin başında Afyon (Sultandağı ve geniş anlamda çevresi), Konya (Akşehir, Ereğli, Hadim), Isparta (Uluborlu), İzmir (Kemalpaşa ve çevresi), Manisa (Salihli) ve Denizli (Honaz) gelmektedir. 2007 yılı itibariyle kiraz üretiminde 398.141 ton ile Türkiye lider üretici ülke konumunda olup dünya üretiminin % 21.26'sını elinde tutmaktadır. Türkiye'nin ardından gelen en yüksek üretim kapasitesine sahip iki ülke ABD (310.700 t) ve İran (225.000 t)'dir (Food and Agriculture Organization, 2009). Ülkemizde her geçen yıl artan kiraz dikimleri ile kiraz üretiminin artması beklenmektedir.

Birçok meyve türünd'e olduğu gibi, kirazın çoğaltılmasında vejetatif yöntemlerden aşı kullanılmaktadır. Aşı ile çoğaltma durumunda ise, anaç gündeme gelmektedir (Özbek, 1978a). Modern meyve yetiştiriciliğinde ideal bir anacın bahçedeki tüm koşullara mümkün olduğu kadar uygun olması gerekmektedir.

Modern meyve yetiştiriciliğinde; toprak ve iklim şartlarından kaynaklanan olumsuz etkenleri çözebilmek, hastalık ve zararlılara karşı dayanıklılığı sağlamak, adaptasyon kabiliyetini geliştirmek, meyve verim ve kalitesini artırmak ve ağaçları bodurlaştırma gibi amaçlarla anaç kullanımı zorunludur. Meyvecilikte kullanılan anaçlarda bir takım özelliklerin bulunması gerekir. Anaçlar tohum veya vejetatif üretim ile kolay çoğaltılmalı, kolay aşılmalı, iyi bir kök sistemine sahip olmalı, kalemle uyuşmazlık göstermemeli, tesis edildiği bahçede kök ve dip sürgünü yapmamalı, anaç üzerine aşıl原因 ağaçlar erken ve bol ürün vermeli, mümkün olduğu takdirde de hastalık ve zararlılara karşı dayanıklı olmalıdır. Meyve üretim ve ticaretinde standardizasyon başarısı bu faktörlere bağlıdır.

Türkiye dünyanın meyve üretiminde birçok türde ön sıralarda bulunan bir tarım ülkesi olmasına rağmen, birim alana düşen verim, ihracatta geride kalmaktadır. Son yıllarda Türkiye'de modern meyveciliğin uygulamaya konması yönünde önemli adımlar atılmakta ve dünyada yaygın olarak kullanılan bodur anaçların kullanımı hızla yaygınlaşmaktadır.

Dünyanın birçok ülkesinde küçük taç oluşturan, erken meyveye yatan, kritik iklim koşullarında kiraz-vişne yetiştiriciliğine olanak veren ve değişik hastalık-zararlılara dayanıklı anaç elde etmek için yoğun çalışmalar yapılmaktadır. Son yıllarda bazı klon bodur kiraz anaçları kullanılmaya başlanmıştır.

Kiraza anaç olarak *Prunus avium* L., *P. mahaleb* L. ve *P. cerasus* L. kullanılmaktadır. Bu türler içinde çok sayıda çöğür ve klon anaçları yanında, tür ve türler arası melezleme yolu ile elde edilen hibrit klon anaçları da bulunmaktadır. Her anacın yaygın olduğu ülke hatta yöre farklı olmaktadır. Yayılıştaki etkili olan en önemli faktör, iklim ve toprak koşullarına adaptasyondur.

Prunus mahaleb L. mahlep ve idris isimleriyle tanınmakta olup, anavatanı olarak bilinen Anadolu'nun birçok bölgesine yayılmıştır. Türkiye'de yetiştirilmekte olan kiraz ağaçlarının % 75–80'i idris anacı üzerine aşılidir. İdris anacının soğuk ve kurak iklimlere dayanımı iyi olup, toprak bakımından fazla seçici değildir (Perry, 1987; Gerçekçioğlu ve Çekiç, 1999). Yapılan araştırmalar idris anacına aşıli kiraz ve vişnelerin, kiraz üzerine aşıli olanlara göre daha küçük ağaçlar meydana getirdiğini, daha fazla ürün verdiklerini ve erken olgunlaştıklarını göstermiştir (Özçağır, 1976; Rom and Carlson, 1987).

İdris (*P. mahaleb* L.) kuş kirazına nazaran daha zayıf gelişme göstermektedir (Brase, 1945). Ancak gelişmeleri açısından idris tipleri arasında farklılıklar bulunmaktadır. Türkiye, farklı coğrafyalar ile farklı iklim koşullarını ve bu bakımından da farklı fitocoğrafik bölgeleri içermektedir (Başer, 1997). Farklı ekocoğrafyaların sonucu olarak da yabancı bitki türleri, çeşitli adaptif karakterler bakımından bölgesel farklılıklara sahip olmaktadır (Gepts, 1995). Yapılan bir çalışmada 100 km²'lik bir alana yayılan *Prunus mahaleb* L. populasyonunda varyabilitenin geniş olduğu saptanmıştır (Jordana and Godoy, 2000).

Türkiye'de, kiraz yetiştiriciliğinde taban araziler dışında kalan yerlerde yaygın olarak kullanılan anaç idristir. İdris kireçli, kumlu, çakıllı ve taşlı toprakların bitkisi olup, kökleri derine gitmekle birlikte, ana kayanın veya taban suyunun toprak yüzeyine yakın olduğu yüzlek topraklarda da genişliğine doğru köklerini geliştirerek yetişmektedir (Özbek, 1978b). Sulama problemi olan, az su verilebilen arazilere idris anacının uyumu iyidir (Revin, 1990). Bu özellikleriyle idris, hava drenajı açısından tercih edilen, yamaç ve eğimli alanlarda kiraz bahçesi tesisinde kullanılacak bir anaçtır (Edizer, 1994). Nitekim kiraz yetiştiriciliğinin yapıldığı en önemli yöre olan İzmir - Kemalpaşa'da çok yaygın olarak idris anacı kullanılmaktadır. Bunun dışında, İzmit körfez yöresi, Afyon, Kütahya, Bilecik, Çanakkale, Manisa (Turgutlu), Amasya ve Tokat'ta da anaç olarak idris kullanılmaktadır (Gülcan ve Özçağır, 1982).

Orijini Batı Asya olan *Prunus mahaleb* L. bu bölgede geniş bir alanda yayılım göstermekle birlikte Avrupa'nın doğusu ve merkezinde de sık olmamakla

birlikte görülmektedir. *Prunus mahaleb* L.'nin anavatanı arasında bulunan Türkiye'de büyük bir genetik çeşitlilik bulunmaktadır. Türkiye'de yaygın olarak, Amasya, Ankara, Bolu, Çorum, Diyarbakır, Gümüşhane, Hakkâri, İstanbul, Kars, Mardin, Muğla, Tokat (Merkez, Erbaa, Niksar ve Zile ilçeleri), Uşak ve Van'da doğal yayılım göstermektedir (**Davis, 1972; Anonim, 1985**). Farklı coğrafi bölgeler ve farklı kiraz çeşitleri, anaç performansını etkileyen en önemli faktörlerdir. Güney İtalya'nın farklı bölgelerinden toplanan 60 farklı *Prunus mahaleb* anacı üzerine aşılardan Bigarreau Moreau ve Ferrovia kiraz çeşitlerinin aşılardan sonraki 7 yıl boyunca yapılan gözlemlerinde bazı *Prunus mahaleb* anaçlarının bazı kiraz çeşitleriyle uyumsuzluk gösterirken, bazılarının ise uyumsuzluk göstermediği görülmüştür (**Giorgio et al., 1997**).

Prunus mahaleb L.'nin meyveleri olgunlaştığı zaman kırmızı veya açık kırmızı renkli olup, açık kırmızı renkli olanlar sarı (ak), koyu kırmızı renkli olanlar ise kara (siyah) idris olarak bilinmektedir (**Gerçekçioğlu ve Güneş, 1995**). Sarı ve siyah renkli meyvelere sahip olan tiplerden sarı olanları kiraz ve vişnelerle iyi uyuma gösterdikleri bilimsel olarak belirlenmiş olmamakla birlikte, yaygın olduğu yerlerde fidancılar tarafından tercih edilmektedir (**Akça ve Kaya, 1999a, 1999b**). Diğer taraftan kara idrisler, sarı olanlara göre daha yaygındır. **Gülcan ve Özçağırın (1982)**, yaptıkları çalışmada Tokat'ta yaygın olan tipler arasında sarı olanların yoğunlukta olduğunu; Amasya, Kastamonu ve Malatya'da da Tokat'taki kadar yaygın olmamakla birlikte, sarı meyveli tiplerin varlığını tespit etmişlerdir. Afyon, Bilecik, Bolu ve Turgutlu'da ise yaygın olan tipin, kara idris olduğu belirtilmiştir. Yine önemli kiraz bölgesi olan Kemalpaşa'da kara idris daha fazla olup ve bunların kullanımı daha yaygındır.

Edizer (1994), bazı idris tiplerinin Early Burlat, Salihli, Stella ve Van kiraz çeşitleri ile aşı uyuma durumlarını incelemiştir. Ancak, gecikmiş uyumsuzluğa yönelik bir çalışma yapılmamıştır. **Mısırlı ve Özeker (1999)**, Afyon, Kemalpaşa, Manisa, Turgutlu ve Tokat'tan seçilen bazı tiplerin fenolik madde içerikleri belirlenmiştir.

Türkiye'de kaynağı ve özellikleri bilinen idris tip veya tipleri bugüne kadar belirlenmediği için, kaynağı belli olmayan tohumlar çöğür anacı olarak kiraz

yetiştiriciliğinde kullanılmaktadır. **Rom and Carlson'a (1987)** göre ideal bir anaç, modern pomolojik kriterler yanında, hastalıklarından arî olma, drenaj, pH, toprak verimliliği gibi toprak özelliklerine, biyotik ve abiyotik (özellikle kurağa, kireçli ve tuzlu toprak koşulları ile aşırı sıcak ve soğuk iklim koşullarına) stres faktörlerine dayanıklı olmalıdır.

Türkiye'de kiraz için uygun idris anaç veya anaçların seçilmesi ve bunların yaygınlaştırılması ile ilgili bazı çalışmalar yapılmış olmakla birlikte, daha ileri kademedeki araştırmalar yapılmamış, hatta bazı özellikleri açısından uygun bir anaçlık olabileceği düşünülen tiplerin korunması bile gerçekleştirilememiştir. Bu nedenle de, dünyanın en büyük kiraz üretici ülkesi olmamıza karşın, kiraz için kullanılabilecek uygun bir idris anacımız bulunmamaktadır.

Bilindiği gibi, meyvecilikte anaç ıslahı programlarının bahçe koşullarında yürütülmesi hem masraflı olmakta, hem de uzun zaman gerektirmektedir. Tekerrürlü yapılan bahçe denemelerinin 15–20 yıl gibi oldukça uzun süre devam edeceği düşünüldüğü zaman, bu konuda fazla çalışma yapmanın kolay olmadığı ortadadır. Klasik bitki ıslahı uygulamaları için yeni ve yardımcı yöntemler olan bitki biyoteknolojisi yöntemleri; varyasyon yaratma, mevcut varyasyon kaynaklarını ortaya koyma ve bunlardan yararlanma, istenilen karakterlerin sistematik sınırlama olmaksızın bitki veya diğer organizmalardan gen izole edilerek bitkilere aktarılmasına olanak vermekte, böylece klasik bitki ıslahı yöntemlerinin etkinliğini arttırmaktadır.

Genetik ilişkileri belirlemede moleküler işaretleyicilerden yararlanılmaktadır. Moleküler işaretleyiciler; morfolojik, biyokimyasal, moleküler olmak üzere 3 şekilde gruplanabilmektedir.

Moleküler işaretleyiciler son yıllarda sistematik çalışmalarda kullanılmakta olup, çeşitli avantajlara sahiptir. Moleküler işaretleyiciler çevre faktörlerinden etkilenmezler. Kloroplast ve mitokondri gibi organel genomlar ayrı ayrı çalışılabilir, genetik değişiklikleri daha fazla yansıtabilirler. Her bir ebeveynden gelen farklı karakterler tespit edilebildiği için bitkilerin genetik orijini tespit

edilebilir, sonsuz sayıda moleküler işaretleyiciler elde edilebilir (**Gülşen ve Mutlu, 2005**).

Klasik bitki ıslahı, üstün bireyler arasından fenotipik seleksiyon ile istenen bireylerin seçimine dayanmaktadır. Morfolojik karakterizasyonun genetik ve ıslah çalışmalarında kullanımı dominansi ya da epistatik interaksiyon vb. gibi durumlarda bazı zorlukları ortaya koymuştur (**Foolad, 2007**). Moleküler biyolojideki ilerlemeler ve DNA tekniklerinin kullanımı bitkilerde genetik analiz ve bitki ıslahı çalışmalarında yeni ufuklar açmıştır. Yeni geliştirilen moleküler ıslah metotlarından *in vitro* kültürü, genetik transformasyon, PCR, RFLP vb. moleküler markör teknikleri başarıyla kullanılmaktadır. Moleküler markör teknikleri, bitkiden alınacak çok az miktarda dokudan elde edilen DNA ile bütün bir genomun analizini mümkün kılması, genellikle yetiştirme koşullarının markörün ifadesini etkilememesi gibi birçok üstünlükleriyle, son yıllarda germplasm karakterizasyonunda yoğun olarak kullanılmaktadır. Böylece bitki genetik kaynakları daha doğru ve kesin bir şekilde karakterize edilmeye başlanmıştır. Ancak bu markör sistemlerinin morfolojik markörlere alternatif değil, onların tamamlayıcısı olarak ele alınması daha bütünsel bir yaklaşım olacaktır.

İşaretleyici yardımcı seleksiyon (MAS), önemli agronomik karakterleri kontrol eden genlerle sıkı bir "linkage" durumunda olan ve kolaylıkla tanınabilen moleküler markörlerin kullanılması esasına dayanır. MAS, bitki ıslahında maliyeti azaltmakta, klasik ıslah çalışmalarındaki seleksiyon hızını, doğruluğunu ve etkinliğini artırma yönünde önemli ilerlemeler sağlamaktadır.

Kültür bitkilerinin genom analizlerinden elde edilen veriler, öncelikle ıslah çalışmalarının etkinliğinin artırılmasında ve ıslah sürecinin kısaltılmasında önemli katkıda bulunmaktadır. Günümüzde DNA markörleri ile yapılan bağlantı haritaları birçok kültür bitkisi için geliştirilmiş olup, arzulanan genlerin doğrudan takibi ve seleksiyonu mümkün olmaktadır. Çevrenin baskısından bağımsız olan bu işlem, genleri kolayca takip edilebilen markörlerle bağlantı durumları incelenerek yapılabilmektedir.

Bugüne kadar Türkiye’de moleküler düzeyde sadece **Ağaoğlu ve Ergül (2001)** ile **Kavaklı (2007)** RAPD tekniği ile idrislerde çalışma yapmıştır ve dünyada da **Jordana and Godoy (2000)** tarafından yine RAPD tekniği ile yapılan bir çalışmaya ulaşılabilmektedir.

İşte bu noktadan hareketle, Türkiye’nin sahip olduğu idris popülasyonundan yararlanarak, ülkemizin iklim ve toprak koşullarına uygun, anaç-kalem uyumsuzluğu göstermeyen, gelişme kuvveti az olan ve çoğaltılmasında sorun olmayan, anaçları bulmak mümkündür ve bu kiraz yetiştiriciliğimiz için de son derece önemlidir. Türkiye’nin idris popülasyonunun genetik varyabilitesinin çok geniş olduğu bilinmektedir. Daha önce, **Gülcan ve Özçağırın (1982)**, tarafından Afyon, Kemalpaşa, Manisa, Turgutlu ve Tokat yörelerinden toplanarak, E.Ü. Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölümüne ait meyve koleksiyon bahçesine dikilmiş, farklı tiplere ait aşılı idris ağaçlarında yapılan bu çalışmada genetik varyasyon hem moleküler hem de morfolojik anlamda birlikte incelenmiştir. Birbirinden farklı özelliklere sahip, farklı yörelere ait olan bu idris genotiplerinin genetik varyabilitesi ortaya konulmuştur.

2. LİTERATÜR BİLDİRİŞLERİ

2.1. Kiraz Anaçları

Amaca uygun anaç ıslahı 1917 yılında, İngiltere’de East Malling Araştırma Enstitüsünde elma anacı ıslah programı ile başlamıştır (**Moore and Janick, 1983**). Amerika ve Avrupa ülkelerinde 1960 ile 1970 yılları arasında bodur meyve bahçeleri tesis edilirken, dünyada yaygın olarak kullanılan bodur anaç kullanımı Türkiye’de 10-12 yıldır tercih edilmektedir. Özellikle elma, armut, kiraz, vişne, şeftali ve erikte bodur anaç kullanımı hızla yaygınlaşmaktadır.

Meyve yetiştiriciliği yapılan ülkelerde genellikle, özellikleri bilinen ve bu özellikleri mutasyonlar dışında değişmeyen anaçlar kullanılmaktadır. Meyve ağaçlarında kullanılacak anaçlarda bulunması gereken bazı özellikler şu şekilde sıralanmaktadır: Anaçlar aşılandıkları çeşitlerle uyumlu olmalı, erken ve düzenli verim vermeli, düşük sıcaklıklara özellikle donlara karşı dayanıklı olmalı, hastalık taşımamalı ve kuvvetli kök sistemine sahip olmalıdır (**Trefois, 1985**).

Meyve yetiştiriciliğinde çöğür ve klon anaçlar kullanılmaktadır. Çöğür anaçlar, aralarındaki büyüme ve kalıtım farklılıkları, geç verime yatmaları nedeniyle yerini klon anaçlarına bırakmakta ve büyüme kuvvetleri ile diğer özellikleri bilinen, virüsten ari sertifikalı anaçların kullanılması yaygınlaşmaktadır. Modern meyvecilikte klon anaçları bulunan türlerde, bunlarla yetiştiricilik yapılması önerilmektedir (**Çelik ve Sakin, 1991**).

Klon anaç kullanımının nedenleri arasında genotipin devamlılığını sağlaması, gelişme dönemlerinin kontrol edilebilir olması, üniform populasyon oluşturması, üretimlerinin kolay olması, değişen koşullar ve pazar isteklerine daha kolay uyum sağlaması, üzerine aşılanan çeşitlerde gençlik kısırlık döneminin daha kısa sürmesinden dolayı erken meyveye yatması, anacın kalemle uyuşma durumu, ağaçlarının verimlilikleri, gelişme kuvvetleri, meyveye yatma zamanları, meyve özellikleri, ekonomik ömürleri, ekolojik ve fizyolojik isteklerinin biliniyor olması, bahçe kurulması aşamasından başlayarak diğer teknik ve kültürel bakım

işlemlerinde büyük kolaylıklar sağlanabilmesi yer almaktadır (Çelik, 1983; Yılmaz, 1992; Hartman *et al.*, 1997).

Kiraz anaçları, üzerine aşılı olan kültür çeşitlerinin performanslarını etkilemektedirler. Anaçlar kiraz meyve kalitesine, ağaç gelişimine, (Facteau *et al.*, 1996; Jiménez *et al.*, 2004a), verime ve etkin verime (Facteau *et al.*, 1996; Moreno *et al.*; 2001), çiçeklere ve yapraklara ait beslenmeye (Neilsen and Kappel, 1996; Betrán *et al.*, 1997; Jiménez *et al.*, 2004b) etki etmektedir.

Kiraz anaçlarından idris (*Prunus mahaleb*), kiraz (*Prunus avium*) ve vişne (*Prunus cerasus*) arasındaki genetik varyasyonu farklı araştırmacılar belirlemeye çalışmışlardır (Albertini and DeSalvador, 1991; Krahel *et al.*, 1991; Giorgio *et al.*, 1992; Rakonjac *et al.*, 1996).

Türkiye’de kullanılan kiraz anaçları genellikle tohumdan elde edilen çöğür anaçlarıdır. Fidan üretimi idris, diğer bir ismiyle mahalep (*Prunus mahaleb* L.) ve Türkiye’deki ismiyle kuş kirazı, yabancı literatürdeki ismiyle Mazzard (*Prunus avium* L.) anacı üzerine aşılı çeşitler ile yapılmaktadır.

Mazzard (*Prunus avium* L.) kiraz anacı olarak 2400 yıldır kullanılmaktadır. Yunan ve Roman bahçeciler Mazzard anacını kiraz üretiminde kullanmışlar ve diğer ülkelere yayılımına neden olarak günümüze kadar çok az bir değişimle gelmesini sağlamışlardır. Mazzard anaçlarının kiraz ve vişne çeşitleriyle uyuma durumu oldukça iyidir (Webster and Schmidt, 1996).

Mahlep (*Prunus mahaleb* L. ya da *Cerasus mahaleb*) Rosaceae familyasının Prunoidae alt familyasındandır (Iezzoni *et al.*, 1991). *Prunus mahaleb*, ssp. *simonkai*, ssp. *cupaniana* and ssp. *mahaleb* Terp6, (1968) olmak üzere 3 farklı alt türe ayrılmıştır. Alt türlerin toplanması ve araştırılması 1950’li yıllarının sonuna doğru başlamış olup, bu idris tipleri arasından bazı klonlar kiraz anacı olarak denenmiştir (Sebok, 1968).

Bahçeci araştırmacılara göre idrisin (*Prunus mahaleb* L.) kiraz anacı olarak kullanıldığı 1768 yılındaki Fransa’da ki kayıtlardan anlaşılmaktadır. Thomas Rivers, 1865’de basılan ‘The Miniature Fruit Garden’ kitabında idrisin bodur anaç olarak ya da odun kısmı yakıldığında yaydığı kokudan dolayı parfüm olarak kullanıldığını belirtmektedir. İdrisin anaç olarak Britanya’da 1850’li yıllardan beri kullanıldığı, kireçli alt toprak katmanına sahip topraklarda kiraz yetiştiriciliğine olanak sağladığı, killi topraklara uygun olmadığı bildirilmektedir (**Rivers, 1870**). İdris A.B.D.’de 1800’lü yılların ortasından itibaren popüler olmaya ve 20. yüzyılın başından itibaren kuş kirazının önüne geçmeye başlamıştır. Bu gelişmeler fidancılar ve meyve yetiştiricileri arasında değişime neden olmuştur. İdris tohumlarının çimlenmesi oldukça kolay olup kuş kirazının aksine yaprak benek hastalığına (*Coccomyces hiemalis* Higg Syn. *Blumeriella jaapii* (Rehm) v. Arx.) oldukça dayanıklıdır. Kuş kirazı anacının ise A.B.D’de bazı bölgelerde 1920’li yılların ortasından itibaren, idris üzerine aşıllı olan kiraz ağaçlarının kısa ömürlü olmalarından dolayı popüleritesi artmıştır. Bununla birlikte idris, vişne çeşitleri için kullanılan başlıca anaç olmaya devam etmiştir. Vişne (*Prunus cerasus*) klonları ise ağır ve fakir drenaja sahip olan topraklarda popüler olmuştur. Özellikle klon anaçlarından Stockton Morello’nun daha bodur olduğu belirtilmiştir. Vişne anaçları, kuş kirazı ve idrise göre düşük sıcaklıklara dayanımının daha yüksek olmasından dolayı Avrupa’nın merkezinde (Rusya’nın bir kısmında) tercih edilmektedir (**Webster and Schmid, 1996**).

Prunus avium çöğür anaçları arasında Alkavo, Hüttner 170 x 53, KW 101, Mazzard ve OCR-1 yer almaktadır. Aynı türün klon anaçlarına ise, Charger, Cristimar I.A.I. F12/1’i örnek olarak vermek mümkündür. *P. mahaleb* çöğür anaçları arasında; Alpruna, CT500, CT 2753, Mahaleb 900 ve 4, Türk Mahalebi; klon anaçları arasında ise; Dunabogdany, SL 64, Bonn klonlarından 6, 58, 60, 62 gibi anaçlar yer almaktadır. *P. cerasus* türünde çöğür anacı olarak, Trevnenska o.p. VG1, F442, Ilva; klon anacı olarak da Stockton Morello, Vladimirska, VV1, CAB klonları sayılmaktadır. Son yıllarda yoğunlaşan tür ve türlerarası melezleme çalışmaları sonucunda elde edilen hibrit klon anaçları arasında ise, Colt, Camil (GM 79), Damil (GM 61/1), Inmil (GM 9), Gisela klonları, MxM

(MaxMa) klonları, Tabel Edabriz bulunmaktadır (**Tréfois, 1985; Iezzoni et al., 1991; Druart, 1996**).

Almanya'da *P. avium* ve *P. mahaleb* tohum kaynaklarından elde edilen bir örnek olan seleksiyonlarının klon anaçları uzun zamandır kullanılmaktadır. *P. mahaleb* seleksiyonu Heimann 10, *P. avium* seleksiyonu Huttner 170*53 olarak adlandırılmıştır (**De haas and Hildebrandt, 1967**).

Prunus mahaleb L. ve *Prunus avium* L. kiraz ve vişne için tüm dünyada kullanılan başlıca anaçtır (**Moghadam and Khalighi, 2007**). *Prunus mahaleb*, *Prunus avium*'a göre daha küçük boylu ağaçlar meydana getirmekle birlikte hastalıklara karşı dayanıklı bir anaçtır. F12/1 *Prunus avium* klon anacı ve *Prunus mahaleb* çöğür anacı üzerine aşılın English Morello, Nefris ve North Star vişne çeşitlerinin gelişmesi izlendiğinde, *Prunus mahaleb* üzerine aşıli olan ağaçlar diğerlerine göre daha küçük boylu ağaçlar meydana getirmiştir (**Grzyb and Kolbuzs, 1989**).

İspanya ve Akdeniz bölgelerinde kalkerli topraklar hakim olup, geleneksel anaç olarak *Prunus mahaleb* kullanılmaktadır (**Moreno et al., 1996**). İtalya'da bazı *Prunus mahaleb* klonları kalkerli ve kurak topraklar için kiraz anacı olarak önerilmiş, kirecin neden olduğu kloroz ve çinko eksikliklerine karşı bu anacın toleranslı olduğu bildirilmiştir (**Albertini and DeSalvador, 1991; Buman, 1977; Giorgio et al., 1992; Giorgio and Standardi, 1993; Moghadam and Khalighi, 2007**).

İdriste çiçek ve meyve üretimi yıllara göre büyük varyasyon göstermekte, tohum içi boş çıkan meyve oranı oldukça yüksek olmaktadır (**Guitián 1993; Pflugshaupt et al., 2002**). Meyve ile beslenen kuşlar tarafından idris tohumları yayılırken, (**Herrera and Jordano 1981; Jordano 1994; Jordano and Schupp 2000**), idrisin başlıca tozlayıcılarının böcekler ve arılar olduğu bildirilmektedir (**Westrich 1989; Jordano 1993**).

Tokat'ta bulunan sarı ve kırmızı mahleplerde bazı meyve özellikleri (Gerçekçioğlu ve Güneş, 1995) ve idris tohumlarının çimlenme oranları araştırmacılar tarafından belirlenmiştir (Gerçekçioğlu ve Çekiç, 1999).

Tokat yöresinde bulunan çöğürden yetişmiş 10 farklı sarı idris tipine ait ağaçlardan alınan tohumlardan elde edilen bir yaşındaki bitkilerin, kurağa, tuza ve kirece dayanımlarının incelendiği çalışmalar sonucunda bazı tiplerin ön plana çıktığı saptanmıştır (Akça ve Kaya, 1999a,b,c). Ancak bu çalışmaların devamında anaç elde etme aşamasına gelinememiştir.

Kollmann and Pflugshaupt (2005), İsviçre'nin kuzeyine yayılmış olan meyvesi etli populasyon büyüklüğü ve izolasyonu, yükseklik ve iklimden etkilenerek dağılım göstermiş olan *P. mahaleb* türlerinin yaş ve bitki performanslarını inceleyerek, demografik yapısını belirlemeye çalışmışlardır. Türlerin nadir bulunduğu, kayalık ve yamaç yerlerden dolayı ortaya çıkmasının sınırlandığı, kayın ve meşe ağaçlarınca çevrilmiş bölgelerden 15 küçük *P. mahaleb* populasyonu seçmişler, populasyondaki dağılımın kümeler halinde ya da lineer biçimde olduğunu belirlemişlerdir. Bazı populasyonlardaki idris tiplerinin yaş yapısının oldukça dengesiz dağıldığını saptamışlardır. Her populasyondaki yaş dağılımı 14 ile 42 yaş arasında değişmiş, bitki yaşı, gövde uzunluğu, gövde çapı, bitki tacının fotosentetik aktivitesi, yıllık gelişme hızı, populasyonlar arasında önemli derecede farklı bulunmuştur. Ayrıca bitki yaşının, vejetatif periyot boyunca süren yağışlar ile negatif bir korelasyon gösterdiğini belirlemişlerdir.

Moghadam and Khalighi (2007), *Prunus mahaleb* L. anaç seleksiyon programında, morfolojik varyasyonlar üzerine çalışarak idris tiplerinin büyüme güçleri ve morfolojik özellikleri arasındaki korelasyonu ortaya koyabilmeyi amaçlayarak idrisler arasındaki genetik varyasyonu araştırıp, kiraz anacı ıslah programına alınacak bodur idrisleri belirlemeye çalışmışlardır. Populasyondaki 17 idrisi morfolojik olarak değerlendirmişler ve farklı bölgelerdeki genetik varyasyonu ortaya çıkarabilmek için karakteristik özelliklerini belirlemişlerdir. Çalışmada ağaçların gelişme kuvveti ile taç hacmi, aşı noktalarının alanlarının

büyükülüğü, taç genişliği, boğum uzunluğu arasında pozitif bir korelasyon olduğunu ayrıca ağaç canlılığı, taç genişliği, taç hacmi arasındaki korelasyon katsayısının önemli olduğunu saptamışlardır. Faktör analizlerinde birinci grubu taç yüksekliği, taç genişliği, gövde çevresi, gövde hacmi; ikinci grubu odun dokudaki kabuk oranı, boğum ve klorofil içeriği; üçüncü grubu ise yaprak alanı oluşturmuştur. Bu faktörler % 57.9 oranında çeşitlilik içermektedirler. Bu sonuçlar ayrıca idris anaçlarının farklı kuvvette olduklarını göstermektedir.

Çöğür anaçlarla yapılan üretimde tipler arasında meydana gelen farklılıkları (**Gonda et al., 2007**) giderebilmek, bir örnek bireyler elde edebilmek için klon anacı kullanmak gerekmektedir. Fakat Türkiye’de henüz klon anacı kullanımı yaygınlaşmamıştır. Sainte Lucie 64 (SL 64), idris tohumlarından seleksiyonla elde edilmiş, *P. mahaleb* türüne ait olan bir klon anacıdır. Karakteristik özellikleri *P. mahaleb* türüne benzetmekle birlikte mahaleb çöğür anacının % 75-80’i kadar gelişme gösteren, orta kuvvette büyüme gücüne sahip bir anaçtır. Vejetatif olarak çoğaltılabilmekte olup, bir örnek ağaçlar meydana getirmekte, kiraz ve vişneler ile iyi uyuşmakta, Amerika’da özellikle vişne yetiştiriciliği için kullanılmaktadır. Kalkerli, kurak, kireçli topraklara uyumu iyi olup; ağır, taban suyu yüksek, killi topraklar SL 64 için uygun değildir. SL 64, *Meloidgyne incognita* ve *Pratylenchus penetrans* nematodlarına orta derecede hassas, *Pratylenchus vulnus* nematoduna dayanıklı bir idris klon anacıdır.

SL 64 ve SL 405 (Ferci-Pontaleb) anaçları ağır ve taban suyunun yüksek olduğu topraklara uygun olmadığı için (**Breton et al., 1972; Perry, 1987**), bu koşullar altında Adara anacının kiraz kültür çeşitleri için uygun bir anaç olduğu bildirilmektedir (**Moreno et al., 1996**).

Radulic et al. (2004), Saint Lucia 64 klon anacının kiraz yetiştiriciliği için anaçlık özelliklerini araştırmışlardır. Bu anaç üzerine aşılı Van, New Star, Sunburst kültür çeşitleri ile standart *P. mahaleb* anacına aşılı olan çeşitler karşılaştırılmıştır. Vejetatif büyüme *P. mahaleb* çöğür anacı üzerine aşılı olan çeşitlerde, SL 64 klon anacı üzerine aşılı olanlara göre daha güçlü olurken, ürün miktarı SL 64 üzerine aşılı olan çeşitlerde daha fazla olmuştur. SL 64 klon anacı

üzerine aşıllı olan çeşitlerin homojen ve yüksek verimli olması nedeni ile kiraz yetiştiriciliği için uygun bir klon anaç olduğunu bildirmişlerdir.

Kanada’da yapılan çalışmalarda daha az güçlü olan Mazzard seleksiyonu araştırmacılar tarafından bildirilmektedir (**Kappel and Lichou, 1994**)

Fransa’da oldukça kuvvetli olan iki *Prunus avium* anacı selekte edilmiş ve Pontaviun1 Fercahun ve Pontaris1 Fercadeu isimleriyle tanıtılmıştır (**Edin, 1989**).

Kalkerli ve ağır topraklara adapte olmuş diğer bir anaç ise CAP 6P anacıdır (**Jiménez et al., 2004b**). Klon anaçlarından olan CAB anaçları *Prunus cerasus* türünden ıslah edilmiş bir vişne klon anacıdır. CAB 4D, CAB 11E, CAB 6P en önemli anaçlarıdır. Vişne klonu olduğundan ağır bünyeli topraklarda kullanılan, Mazzarda göre % 50-60 daha küçük ağaç oluşturan, soğuklara dayanıklı bir anaçtır.

Vişnelerden seleksiyonla elde edilmiş, İran’dan temin edilip Fransa’da selekte edilen bir diğer anaç ise Tabel (Edabriz) anacıdır. Yarı bodur bir anaç olup, killi topraklarda gelişimi oldukça iyi olup, kurak ve pH’sı yüksek topraklarda sonuç vermez. Edabriz üzerine aşıllı olan çeşitlerin, Colt ve Maxma 14 anacına göre daha küçük olduğu belirlenmiştir (**Webster and Schmidt, 1996**)

Cordeiro et al. (2007) Kuzey Portekiz bölgesi için uygun kiraz anacını belirleyebilmek amacıyla Burlat, Summit, Van çeşitlerini Tabel Edabriz, Gisela 5, Maxma 14, Cab 11E ve Mazzard üzerine aşılamışlar ve 4 yıl boyunca aşı yerinin üzerinden gövde çapı ve ağaç boyunu her yıl kaydederek anaç*çeşit kombinasyonlarını gözlemlemişlerdir. Anaçların etkisi ağaç gelişimi yönünden başlıca faktör olmuştur. Üçüncü yaprak yılında aşı noktalarının alanlarının büyüklük oranları (TCSA) Mazzard’ın (% 100) aşı noktası alanının büyüklüğüne göre, % 25 (Gisela 5), % 48 (Edabriz), % 59 (Cab 11E) ve % 80 (MaxMa 14) olarak bulunmuştur. Dip sürgünü MaxMa 14 anacında hiç görülmezken, Gisela 5 ve Edabriz anaçlarında az miktarda görülmüştür. Buna karşılık Cab 11E anacındaki dip sürgünü miktarı oldukça fazla olmuştur. Ağaçların büyüme güçleri

anaç*çeşit kombinasyonlarında farklı olmuştur. *P. avium* üzerine aşılı Summit çeşidinin TCSA değeri maksimum olurken (123.6 cm^2 , % 100), Gisela anacı üzerine aşılı Van çeşidinin gelişmesi daha zayıf bulunarak minimum TCSA değeri (18.6 cm^2 , % 16) elde edilmiştir. Beklenildiği gibi Van çeşidinin özellikle Edabriz anacı başta olmak üzere bütün anaçlarda verimlilik düzeyi en yüksek olurken, meyve çapı oldukça küçük olup pazarlanamaz olarak belirlenmiştir.

MaxMA 14 ise farklı toprak tiplerine adapte olmuş bir seleksiyon anacıdır (**Perry, 1987**) ve orta kuvvette bir büyüme gücü göstermektedir (**Moreno et al., 2001**).

M×M klon serileri Amerika' da Oregon'da 3000 açık döllen *P.mahaleb* tohumundan selekte edilmişlerdir. Temel büyüme şekli ve yaprak yapısı *P.avium* hibridi olduğunu düşündürmektedir. M×M 14 (Brokforest veya MaxMa delbart 14) bu serinin pek çoğundan bodurdur (**Iezzoni et al., 1991**). Ağır bünyeli, drenajı olmayan topraklara uygun olmayıp, soğuklara karşı oldukça dayanıklıdır. Mazzard anacının % 70-75'i kadar taç hacmi oluşturur. Pseudomonas hastalığına dayanıklıdır.

Gisela anaçları, *P. fruticosa* x *P. cerasus*, *P. fruticosa* x *P. avium*, *P. cerasus* x *P. canescens* ve *P. canescens* x *P. cerasus* melezmeleri sonucu elde edilmiş bodur anaçlardır (**Webster and Schmidt, 1996**). Gisela anaçları derin, sulama imkanı olan, pH'sı 8'in altında olan, kireç oranı % 10'nu aşmayan topraklarda yetişmektedir. Gisela anacı, Mazzard ile karşılaştırıldığında 2-3 yıllık erkencilik sağlamaktadır. Bodur anaç olan Gisela 5 inter-spesifik bir hibrit olup, kiraz çeşitleri için erken meyveye yatan, verimi yüksek bir anaç olmakla birlikte Akdeniz yetiştirme koşullarında performansı tam olarak belirlenmemiştir (**Charlot et al., 2005; Ruisa and Rubauskis, 2004**). Gisela 5 ve Gisela anaçları cücelik virüsü ve nekrotik halkalı leke virüsü hastalıklarına toleranslıdır. Gisela anaçları arasında Gisela 12 anacı Mazzard anacının % 90-95'i kadar büyüklükte ağaçlar oluştururken en boduru Gisela 3 yine Mazzarda göre % 35-45'i kadar büyüklükte ağaçlar oluşturmaktadır.

Gisela anacının bodur kiraz yetiştiriciliğinde uygunluğunu göstermek için, **Balkhoven et al. (2006)** Gisela 3, Gisela 4, Gisela 5, Gisela 6 ve Gisela 7, Colt ve Edabriz (standart) anaçları üzerine Lapins ve Regina kiraz çeşitlerini aşılamışlardır. Gisela 4 anacı kullanılan tüm kültür çeşitleri ile uyumsuz bulunmuş, gövde gelişiminin her iki kültür çeşidi içinde Colt anacında en yüksek olduğu belirlenmiştir. Toplam ürün verimi Lapins kiraz çeşidi için 43-67 t/ha olurken, Regina kiraz çeşidi için 34-72 t/ha olarak saptanmıştır. Regina kültür çeşidinin Colt anacına göre diğer tüm anaçlarla daha verimli olduğu belirlenmiş, Gisela 3 ve Gisela 7 anaçlarının Lapins kültür çeşidi ile kombinasyonları verimli bulunmuştur. En düşük kaliteyi Gisela 6 üzerine aşılı olan Lapins kiraz çeşidi vermiştir.

1992 yılında Fransa’da yapılan çalışmada, Tabel Edabriz, Maxma Delbard 14 Brokforest ve SL-64 anaçları üzerine aşılı farklı kiraz çeşitlerinin gelişme durumları araştırılmıştır. Çeşitlere bağlı olarak en iyi gelişmeyi SL-64 anacının gösterdiği bu anacın ıslak toprak koşullarına dayanıksız, kuru toprak koşullarına ise oldukça dayanıklı olduğu belirlenmiştir (**Edin et al., 1998**)

Yarılgaç and Kadan, (2002) Van yöresi koşullarında *P. mahaleb* ve *P. avium* üzerine aşılı olan Kütahya vişnesinin pomolojik ve morfolojik özelliklerini incelemişler, *P. mahaleb* üzerine aşılı olan Kütahya vişnesinin *P. avium* üzerine aşılı olanlara göre daha iyi gelişme gösterdiğini saptamışlardır. *P. avium* üzerine aşılı olan Kütahya vişnesi çeşidinin meyve ağırlığı 2.97 g, tohum ağırlığı 0.26 g olurken, *P. mahaleb* üzerine aşılı olanlarda meyve ağırlığı 2.47 g, tohum ağırlığı 0.31 g olarak belirlemiştir. Tomurcuk kabarması, tomurcuk patlaması, çiçeklenme zamanı başlangıcı, tam çiçeklenme zamanı, çiçeklenme sonu, meyve olgunlaşma zamanları gözlemlendiğinde *P. mahaleb* anacı, *P. avium* anacı üzerine aşılı olanlara göre birkaç gün daha geç çiçeklenmiştir. Hasat zamanı da *P. avium* anacına aşılı ağaçlarda 3–7 Temmuz tarihleri arasında değişirken, *P. mahaleb* anacı üzerine aşılı olanlarda 3-10 Temmuz arasında olmuştur. *P. avium* anacı, *P. mahaleb* anacına göre daha yüksek boylu ağaçlar meydana getirmiştir. Meyve kabuk rengi her iki anaca aşılı çeşitlerde de koyu kırmızı, meyve eti rengi kırmızı ya da açık kırmızı olurken, *P. mahaleb* anacı üzerinde gelişen ağaçlarda meyve

boyu, meyve eni, tohum boyu, tohum eni, meyve ağırlığı, meyve sapı uzunluğu, titre edilebilir asitlik, meyve hacmi, meyve eti sertliği, meyve:tohum oranı parametreleri önemli derecede farklı bulunmuştur.

Andoni et al. (2004), Mazzard F 12/1 (*P. avium*), Santa Lucia 64 (*P.mahaleb*), GM 61/1 (*P. dawykensis*), Stockton Morello, CAB 6P, Weiroot 158 ve Weiroot 13 anaçlarının, üzerine aşılı olan Lapins kiraz kültür çeşidine etkilerini incelemişlerdir. Santa Lucia 64 (*P. mahaleb*) üzerine aşılı olan çeşitler en güçlü büyümeyi göstermiştir. Verimlilik, çiçek ve meyve sayısındaki yükseklik bakımından en iyi sonucu Weiroot 158 ve Weiroot 13 anaçlarına aşılı kirazlarda gözlemlemişler, diğer anaçlar üzerine aşılı kiraz ağaçlarının meyve kalitesi, çapı, ağırlığının ise daha yüksek olduğunu saptamışlardır.

Simon et al. (2004a), farklı anaçlar üzerine aşılı olan kiraz kültür çeşitlerinin meyve kalitelerini araştırmışlar, Germersdorfi FL 45, Van kiraz kültür çeşitlerini Colt, MxM 14-Brokforest, MxM 97-Brokgrow, Saint Lucia 64 (kontrol) üzerine aşılamışlardır. Verim MaxMa 14 ve SL 64 anaçları üzerine aşılı olan kiraz kültür çeşitlerinde, diğer anaçlara göre daha yüksek bulunmuştur. Colt anacı üzerine aşılı olan kiraz ağaçları en yüksek meyve ağırlığı değerine sahip olurken, MaxMa 14'ün en düşük meyve ağırlığına sahip olduğu belirlenmiştir. Suda çözünür kuru madde oranlarının, Colt ve MaxMa 97 üzerine aşılı kiraz çeşitlerinde daha yüksek olduğu belirlenmiştir. Farklı anaçlar üzerine aşılı kültür çeşitlerinin meyve sularındaki asit içerikleri arasındaki fark önemsiz bulunurken, meyve çatlamalarındaki fark önemli bulunmuştur.

Yine aynı araştırmacıların yaptıkları bir diğer çalışmada modified brunner-spindle system (MBS) budama sistemini denemişler, ağaç boyları ve verimi her yıl değerlendirmişler, sistemin verime kümülatif etkilerini hesaplamışlardır. Elde edilen sonuçlara göre *P. mahaleb* çeşitlerle iyi uyuma gösteren, verimli ve en güçlü gelişen anaç olarak belirlenmiştir. Diğer anaçlar *P. mahaleb* üzerine aşılı çeşitlere göre; Colt anacı üzerine aşılı çeşitler % 10-15, MaxMa anaçları üzerine aşılı çeşitler ise % 30-40 daha bodur olmuştur. Her iki kiraz kültür çeşidi de benzer eğilimlerde bulundukları için çeşidin anaca etkisi önemli derecede

olmamıştır. Kültür çeşitlerinin aşılı olduğu anaçlardan SL 64 idris klon anacı en yüksek kümülatif verime sahip olurken, bunu sırasıyla MaxMa 14, Colt ve MaxMa 97 anaçları takip etmiştir. Bu anaçlar üzerindeki çeşitler için en uygun budama sisteminin modified brunner spindle sistemin uygun olduğu belirlenmiş ve bu sistemin ortalama olarak her ağaç için 4-5 dakikayı aldığı bildirilmiştir. Ayrıca bu anaçlar için yaz budamasının da gerekli olduğu saptanmıştır.

Anaç*çeşit kombinasyonu yetiştiricilikte son derecede önemli olup, anaçların üretime etkisi farklı olmaktadır. **Espada et. al. (2005)** çalışmalarında kültür çeşidi olarak Marvin, Burlat, Summit, Sunburst kullanılırken; anaç olarak Saint Lucia 64, Mastro de Montanan, Maxma 14 anaçları kullanmışlardır. Erken verime yatması, büyüme gücü ve kümülatif verim yönünden en iyi performansı Saint Lucia 64 anacı göstermiştir.

Sitarek et al. (2005) Burlat, Vega, NY 9801, Kordia çeşitleri, Gisela 5 ve kontrol olarak da Mazzard anacı üzerine aşılanmış, verim ve meyve kalite değerleri incelenmiştir. Gisela anacı üzerine aşılı olan çeşitlerin Mazzard anacı üzerine aşılı olanlara göre oldukça bodur olduğu belirlenmiştir. 6 yaşındaki Gisela 5 anacı üzerine aşılı çeşitlerin aşı noktalarının alanlarının büyüklüğü Mazzarda aşılı olan çeşitlere oranla % 18-33 daha küçük olmuştur. Bütün çeşitlerde kümülatif verim Mazzarda göre daha yüksek bulunurken, Mazzard üzerine aşılı olan çeşitlerin meyveleri de Gisela 5 üzerine aşılı olanlara göre daha büyük olmuştur.

Kiraz anacı olarak kullanılan bir diğer anaç da Stockton Morello anacıdır. Bu anaç yabani vişne tohumlarından seleksiyon yolu ile elde edilmiş olup, ağır ve nemli topraklarda kullanılabilen, kök - ur nematoduna dayanıklı bir anaçtır. **Granger, (2005)**, Stockton Morello (*P.cerasus*), idris (*P. mahaleb*) ve Mazzard (*P. avium*) çöğür anaçlarının üzerine aşılı olan Venüs, Stella, Sam kiraz çeşitlerinin verimine ve meyve kalitelerine etkilerini araştırmıştır. Dikimler 1980 yılında yapılmış ve sonuçlar 1990 ile 1996 yılları arasında kaydedilmiştir. İlk 10 yıl kombinasyonların arasında önemli derecede bir farka rastlanmamıştır. 1990 ile 1996 yılları arasında yapılan gözlemlerde idris (*P. mahaleb*) ve Stockton Morello (*P.cerasus*) anaçlarının, Mazzard (*P. avium*) anacına göre daha yüksek meyve verimine sahip olduklarını belirlemişlerdir. Ortalama ağaç başına düşen meyve

verimleri sırasıyla 22.8, 22.7 ve 19.2 kg olarak belirlenmiştir. 7 yıl boyunca yağmur kaynaklı meyve çatlamalarından en çok zarar gören çeşitler Mazzard anacı (% 21.3) üzerine aşılı kiraz çeşitleri olurken, bunu idris (% 18), Stockton Morello (% 17.9) takip etmiştir. Meyve ağırlıkları ve çapları açısından da aralarında önemli bir fark bulunmadığı belirlenmiştir.

Vercammen et al. (2006) Kordia ve Schneiders Sp. Kn. kiraz çeşitlerini Colt, Gisela 5, GM61, Limburgse Boskriek ve Weiroot 13 anaçları üzerine aşılayarak uygun çeşit*anaç kombinasyonunu belirlemeye çalışmışlardır. Dikimdeki problemlere ve topraktaki hastalıklara rağmen Kordia*Gisela 5 kombinasyonunun en uygun kombinasyon olduğu belirlenmiştir. Gisela 5 *P. cerasus* ve *P.canescens* hibriti olup zayıf gelişme gösteren bir anaçtır. Kiraz verimi oldukça yüksek olup, meyveleri iridir. Gisela 5 anacının yeni varyeteler için uygun olup, yoğun kiraz yetiştiriciliği için ideal bir anaç olduğu bu çalışmada bildirilmektedir.

Prunus cerasus türünden geliştirilen Weiroot anaçları diğer bodur anaçlar gibi erken meyveye yatarak, kuş kirazı anacının % 40-45'i kadar büyüklükte ağaçlar oluşturmaktadır. P-HL anaçları ise *Prunus cerasus* ve *Prunus avium* melezlemesi ile elde edilmiş olup en önemlileri P-HL-A, P-HL-B ve P-HL-C'dir. Bu anaçlar yüzlek kök sistemine sahip olup, P-HL-C anacı en bodur anaç özelliğini taşımakta, kuş kirazı standart çöğür anacının % 40-50'si kadar büyüklükte ağaçlar oluşturmaktadır. Soğuk iklim şartlarına ve kısmen ağır bünyeli topraklara karşı dayanıklıdır. **Bujdoso et al. (2007)** 7 farklı bodur anaç (Weiroot 13, Weiroot 53, Weiroot 72, Weiroot 154, Weiroot 158, Gisela 5, P-HL-A) ile Germersdorfi 3, Linda, Katalin kiraz çeşitleri ve Piramis vişne çeşidinin kombinasyonunun sonuçlarını incelemişlerdir. Kontrol olarak da Mazzard seleksiyonu olan *Cerasus avium* 'C. 2493' ve *Cerasus mahaleb* 'Cema' kullanmışlardır. Anaçların kiraz, vişne çeşitleri üzerindeki bodurlaştırıcı etkileri farklı olmuş, en kuvvetli büyüme gücünü Cema anacı üzerinde yetiştirilen çeşitler gösterirken bu anacı sırasıyla *Cerasus avium* 'C. 2493', 'Weiroot 13', 'P-HL-A', 'Weiroot 158', 'Weiroot 14', 'Weiroot 72', 'Weiroot 53', 'Gisela 5' takip etmiştir. En yüksek kümülatif verim Gisela 5 anacı üzerine aşılı kirazlarda gözlenirken, bu anaç üzerine aşılı kirazlarda erken çiçeklenme, fazla ürün verme

eğilimi gibi negatif etkiler saptanmış, bu etkilerin nedeninin yetiştiği bölge ve iklimdeki değişiklikler olabileceği bildirilmiştir. Bu anaçlar içerisinde en sağlıklı anacın ise Weiroot 158 olduğu belirlenmiştir. Bodur anaçlar üzerine aşılı olan vişne ağaçları gözlemlendiğinde ise *Cerasus mahaleb* ‘Cema’ ve Weiroot 13 anacının en yüksek verimi verdiği görülürken, en büyük meyveler, Weiroot 72 anacı üzerine aşılı olan çeşitlerin meyveleri olmuş ve bu meyvelerin % 28’nin çapının 26 mm’den büyük olduğu belirlenmiştir.

Jiménez et al. (2007), Adara, CAB 6P, Gisela 5, MaxMa 14, Saint Lucie GF 405(SL 405) ve Tabel-Edabriz anaçları üzerine Stark Hardy Giant ve Van kiraz çeşitlerini aşılamışlar ve killi, kalkerli toprak tipine sahip araziye dikiminden 7 yıl sonra karşılaştırmışlardır. Yapraklarda ve sürgünlerde N, P, K, Ca, Mg, Fe, Mn, Zn, Na ve Cu mineral elementlerin analizleri yapılmıştır. Her iki kültür çeşidinde de verim etkinliği Gisela 5 anacı üzerine aşılı olanlarda yüksek olurken; ağaç kuvveti ve kümülatif verim Adara anacı üzerine aşılı olan çeşitlerde yüksek olmuştur. Kloroz belirtileri görülmemesine rağmen, bütün anaçlar üzerine aşılı olan çeşitlerin yapraklarında demir konsantrasyonu oldukça düşük bulunmuştur. Her iki kültür çeşidinin yapraklar ve sürgünlerindeki Mn içeriği önemli bulunup, pozitif korelasyon göstermiştir. Verim etkinliği ile sürgünlerdeki mineral element konsantrasyonu arasındaki korelasyon önemli bulunmuş, Mg ve Zn elementleri ile hiç korelasyon görülmezken, K elementi ile negatif ve incelenen diğer elementlerle ise pozitif bir korelasyon olduğu saptanmıştır. Dengeli besin elementi değerleriyle Van kültür çeşidi üzerine aşılı Adara anacını, CAP 6P ve Gisela 5 anacı takip etmiştir. Diğer yandan SL 64 anacının yaprakların mineral element konsantrasyonu optimumun altında belirlenmiş, bunun nedeninin de bu anacın ağır toprak koşullarına adaptasyonun kötü olabileceği bildirilmiştir.

Simon et al. (2004b) bu kiraz anaçlarının özelliklerini test edebilmek için Van ve Gemmersdorfi orias kiraz çeşitlerini mahaleb ‘Saint Lucia 64’, *Prunus avium* x *Prunus pseudocerasus* hibriti olan ‘Colt’, Mahaleb ve Mazzard hibritlerinden ‘MaxMa 14’ ve ‘MaxMa 97’ üzerine aşılamışlardır. Ağaç boyları her yıl ölçülerek, kümülatif verimleri hesaplanmıştır. Mahaleb ‘SL 64’ anacı üzerine aşılı kiraz çeşitleri en güçlü gelişimi göstererek, verimliliği ve kiraz çeşitleriyle aşı uyumu da iyi bulunmuştur. Colt anacına aşılı olan kültür

çeşitlerinin aşı noktalarının alanlarının büyüklüğünün SL 64 anacına aşılı kültür çeşitlerine göre % 15 daha az olduğunu bildirmişlerdir. MaxMa melezleri üzerine aşılı olan kiraz kültür çeşitlerinin aşı noktalarının alanlarının büyüklüğünün ve ağaç boylarının ise 'SL 64' anacı üzerine aşılı olan kiraz kültür çeşitlerine göre % 30-40 daha az olduğu saptanmıştır. Kümülatif verimin en yüksek bulunduğu anaç ise her iki kiraz çeşidinde de MaxMa 14 anacının olduğu belirlenmiştir. Ağaçların gelişimi boyunca yaz budamasını takiben zamklanma ve diğer patolojik hastalıklarda incelenmiş fakat ilk 5 yılda bu hastalıklara rastlanmamıştır. Dikimden 15 yıl sonra bazı ağaçların gövdelerinde bakteriyel kanserin neden olduğu zamklanmanın görüldüğünü bildirmişlerdir.

Lanauskas et al. (2007) farklı kiraz anaçlarının 'Vytenu Rozine' kiraz çeşidiyle olan kombinasyonlarını killi toprak koşullarında araştırmışlar; Z1, PN (both *Prunus cerasus*), P3, P7 (both *P. padus* x (*P. cerasus* x *P. avium*); *P. mahaleb* anaçları üzerine 'Vytenu Rozine' çeşidini aşılamışlar ve *P. mahaleb* çöğür anaçlarını kontrol olarak alarak bu anaçların etkilerini değerlendirmişlerdir. Ağaçların dikiminden 5 yıl sonra yapılan ölçümlerde gövde çapı 87 mm ile en zayıf gelişme gösteren anaç Z1 olmuş, diğer anaçların gövde çapı ölçümleri 99-103 mm arasında, total verim ise 0.94 kg ile (*P. mahaleb*) ile 4.45 kg (P3) arasında değişmiştir. *P. mahaleb* üzerine aşılı olan çeşitlerin verimi düşük olurken (0.014 kg/cm^2), P3 anacı üzerine aşılı olan çeşitlerin verimliliği (0.061 kg/cm^2) yüksek bulunmuştur. En düşük ortalama meyve ağırlığını veren anaçlar ise Z1 ile P7 (3.9-4 g) olmuş, diğer anaç*çeşit kombinasyonlarında ise bu değer 4.9-5.0 g arasında değişmiştir. Kurak geçen yılda Z1 ve P7 anacı üzerine aşılı olan çeşitlerin yapraklarının rengini kaybettiği görülmüş; yapılan analizler azot, potasyum, kalsiyum ve magnezyumun düşük seviyelerde olduğunu göstermiştir. P3 ve P7 anacı üzerindeki çeşitler fazla dip sürgünü verirken, en fazla ölüm oranı Z1 ve P7 anaçlarına aşılı ağaçlarda olmuş, 'Vytenu Rozine' çeşidi için en umut verici anacın PN olduğu belirlenmiştir. *P. mahaleb* anacı ile karşılaştırıldığında oldukça verimli ve meyve çapına etkisinin de negatif yönde olmadığı belirlenmiş, ayrıca PN üzerine aşılı olan çeşitlerin dip sürgünü meydana getirmedeği görülmüştür. P3 anacına aşılı olan çeşitler en yüksek verimliliği gösterirken, bol miktarda dip sürgününe sahip oldukları da belirlenmiştir.

Günümüzde kirazları bodurlaştırıcı anaçlar ticari açıdan son derece büyük, önemli bir dal haline gelmiştir. **Santos et al. (2007)** yaptıkları bu çalışmada Burlat, Summit, Van ve Portekiz'e ait yerel bir çeşit olan Saco kirazlarının Edabriz, Gisela 5, Maxma 14, Cab 11E ve Mazzard üzerine aşılayarak bu anaç*çeşit kombinasyonlarında ağaçların gelişimini araştırmışlardır. Sürgün boyları her yıl aşı yerinin yukarisından, 3. yaprak yılının sonuna kadar ölçülmüştür. Anaçlar bitki gelişimi etkileyen başlıca faktör olmuştur. Toplam sürgün gelişimi Mazzard anacı üzerine aşıli çeşitler ile karşılaştırıldığında Edabriz, Gisela 5, Maxma 14, Cab 11E anaçları üzerine aşıli kiraz ağaçlarında % 18, % 30, % 67, % 73 olarak değişmiştir. Van, Summit, Burlat kiraz çeşitleri benzer gelişim değerlerini gösterirken, Portekiz'in yerel çeşidi Saco kiraz kültür çeşidine göre daha kuvvetli büyümüşlerdir. *P. avium* üzerine aşıli olan Van çeşidi maksimum kümülatif gelişime sahip olurken (5.2 m, % 100), Edabriz anacı üzerine aşıli olan Saco çeşidi en düşük kümülatif gelişime sahip olmuştur (2.1 m, % 3.9). *P. avium* anacı üzerine aşıli çeşitlerin çok güçlü bir gövde ve yan dal gelişimine sahip olduğu belirlenirken, Edabriz ve Gisela 5 anacı üzerine aşıli çeşitlerin sürgün gelişiminin çarpıcı olarak azaldığı saptanmıştır. Edabriz bodur anacı kullanılarak bodurlaştırılmış kiraz ağaçlarında ölümlerin meydana gelebildiği de araştırmacılar tarafından bildirilmiştir.

2.2. Moleküler İşaretleyicilerin Kullanımı

Genetik varyasyon, fenotipik ve genotipik varyasyon ile belirlenebilmektedir. Fenotipik varyasyon, bireyin genotip ve çevre etkisinden kaynaklanarak bireylerin morfolojik ve fizyolojik özelliklerindeki farklılıklardır. Genotipteki farklılıklar ve çevresel farklılıklar fenotipik varyasyona neden olmaktadır. Genotipik varyasyon DNA bazında meydana gelen varyasyonlar olup, gen veya allel dağılımındaki farklılıklar olarak ortaya çıkar. DNA miktarındaki değişim ve DNA dizilim değişimleri (gen duplikasyonları, nükleotid farklılıklar), kromozom yapısı ve sayısındaki değişimler (poliploidi, kromozom inversiyonları) genotipik varyasyona neden olmaktadır. Bireylerin genotip ve fenotipindeki farklılıkları belirleyen genetik markörlerle, genetik varyasyon belirlenmektedir.

Klasik bitki ıslahında sadece fenotipik varyasyona dayalı seleksiyon yapıldığı için yeni bir çeşidin ıslahı uzun zaman almakla birlikte, bu süre sonunda

geliştirilen çeşidin piyasaya çıkması garanti edilemeyebilmektedir. Moleküler markör teknoloji, seleksiyon stratejilerinin geliştirilmesine neden olmuş, bu tekniklerin kullanımı ıslah çalışmalarında yeni uygulamaların benimsenmesini sağlamıştır. Moleküler markör teknikleri ıslah çalışmalarında morfolojik markörlerin bir tamamlayıcısı olmuştur (Yüce, 2005).

2.2.1. Genetik işaretleyici (markör) tipleri

Morfolojik özellikler, tek genle kontrol edilebilir ve genetik markör olarak kullanılabilen, görsel olarak değerlendirilebilen kalitatif özelliklerdir. Bu markörler bitki doğasında vardır ve mutasyon sonucu ortaya çıkmışlardır (Aka-Kaçar, 2001). Fenotipik varyasyonu belirleyerek genotipik tanımlama amaçlı kullanılan morfolojik faktörlerin, sayıca azlığı ve çevre ile diğer genlerin etkileşimi sonucu bazı morfolojik özelliklerin maskelenmesinden dolayı birçok moleküler markör tipleri ortaya çıkmıştır.

Moleküler markörler ise, çeşit tanımlamasından taksonomide kullanılmaya kadar, populasyonda genetik varyasyonun belirlenmesinden, gen kaynaklarının ve genetik çeşitliliğinin korunmasına kadar çok geniş bir alanda çalışmaya olanak vererek bitki ıslah programlarında yaygın olarak kullanılmaktadır.

Bitkilerde aranılan bazı fenotipik özelliklerin ortaya çıkışının uzun zaman alması da ıslah çalışmalarında moleküler markör sistemine yönelten en büyük etkenlerden bir diğeri olmuştur. Moleküler biyoloji tekniklerinin getirdiği avantajlar ile birçok moleküler markör teknikleri bitki ıslahında kullanılmaya başlanmıştır. Bu teknikler Çizelge 2.1’de görülmektedir. Son yıllarda moleküler markörlerden DNA markörlerinin kullanımı çeşitli türlere ait ıslah çalışmalarında verim ve etkinlik sağlamıştır (Baum *et al.*, 2000).

Son 20 yıllık sürede prokaryotik ve ökaryotik organizmaları DNA seviyesinde belirlemek ve yazmak için çok çeşitli metodlar geliştirilmiştir. Bu metodlar, organizmaların taksonomik sınıflandırmasına, ayırt etme gücüne, tekrarlanabilir olmasına, yorumlanmasının ve standardizasyonunun kolay olmasına göre farklılık göstermektedir (Maslow *et al.*, 1993; Versalovic *et al.*, 1993, Replogle *et al.*, 1994; Tenover *et al.*, 1994; Van Belkum, 1994; Vaneechoutte, 1996; Morel, 1997; Reineke *et al.*, 1998).

Çizelge 2.1.Moleküler markör teknikleri (**Mohan *et al.*, 1997**)

Moleküler markör teknikleri	Açılımı
AFLP	Amplified Fragment Length Polymorphism
ALP	Amplicon Length Polymorphism
AP-PCR	Arbitrarily Primed PCR
AS-PCR	Allele-specific PCR
CAPS	Cleaved Amplified Polymorphic Sequences
DAF DNA	Amplification Fingerprinting
ISSR Inter-SSR	Inter-SSR Amplification
RAPD	Random-Amplified Polymorphic DNA
RFLP	Restriction Fragment Length Polymorphism
SAP	Specific Amplicon Polymorphism
SCAR	Sequence Characterized Amplified Region
SSCP	Single-strand Conformation Polymorphism
SSLP	Micro and Minisatellite Simple Sequence Length Polymorphism
SSR	Simple Sequence Repeats
STS	Sequence Tagged Sites

Hızla gelişen moleküler işaretleyici teknolojisi ticari ıslah programlarında 1990'lı yıllardan itibaren kullanılmaya başlanmıştır. Islah çalışmalarında istenen genotipler seçilerek melezlenmekte, böylelikle seleksiyon için zaman ve yer azaltılarak bir günde yüzlerce bitki aynı anda seçilebilmektedir (**Barone *et al.*, 2005; Young and Tanksley, 1989**).

Moleküler markörlerden biri olan biyokimyasal markörler, genlerin ürettikleri proteinler olup, protein ekspresyonu gelişim dönemi veya çevre koşullarına bağlı olarak değişim gösterebilirler. İzoenzimler farklı olarak yüklenmiş proteinler olup elektroforez tekniği kullanılarak kolayca ayrılabilir, spesifik biyokimyasal reaksiyonları katalizleyebilirler. Kodaminant bir kalıtım gösteren biyokimyasal markörler; yaprak, tohum, anter gibi spesifik bitki dokularından elde edilmektedir. Morfolojik markörlere göre sayıca fazla olup, kullanımları yaygındır. Fakat izoenzim lokuslarının azlığı ve bazı enzim sistemlerinin çevre koşullarından etkilenmeleri kullanımlarını sınırlamaktadır (**Aka Kaçar, 2001**).

Moleküler markörlerden DNA markörleri ise farklı genotiplere ait DNA nükleik asit diziliş farklılığını çeşitli şekillerde ortaya koyan markörlerdir. DNA markörleri DNA'nın aktif bölgelerinden (genler) veya herhangi bir genetik kodlama fonksiyonuna sahip olmayan DNA dizinlerinden geliştirilebilirler (**Yıldırım ve Kandemir, 2001**). DNA markörleri sayıca sınırsız olup, alındıkları dokular spesifik değildir. Gelişme dönemi veya çevre koşullarından etkilenmeyen DNA markörlerinden bazıları kodominantdır. DNA izole edildikten sonra yıllarca saklanabilir.

*Prunus*lardan kayısıda da bu çalışmalar gerçekleştirilmiş olup yapılan başlıca moleküler çalışmalar izoenzimler (**Byrne and Littleton, 1989**), RFLPs (**de Vicente et al., 1998**) ve RAPDs ile (**Badenes et al., 2000; Mariniello et al., 2002**) olmuştur. Son yıllarda bazı araştırmacılar AFLPs (**Hagen et al., 2002; Hurtado et al., 2002**) ve SCARs (**Mariniello et al., 2002**) yöntemlerini kullanarak da kayısıda moleküler çalışmalar yapmışlardır.

2.2.1.1. SSR (Mikrosatellit) markörleri

DNA markörü olan SSR ya da mikrosatellitler, birçok ökaryotik genomda bulunan basit dizilerdir ve sık sık rastgele oluşurlar. İlk olarak **Delseny et al. (1983)** tarafından bitki çekirdek DNA'sında tekrarlanan basit dizi motiflerinin (örneğin CACACA...) varlığı kanıtlanmış, tropikal türlerden izole edilerek klonlanmıştır (**Condit and Hubbell 1991**).

Mikrosatellitler bitki genomu ve organel genomu içeren birçok organizmada bulunurlar (**Langercrantz et al., 1993; Wang et al., 1994**). Her mikrosatellit memelilerin nükleer genomlarında ortalama olarak 6 kb'da bir bulunurken, bitki nükleer genomlarında ise 33 kb'da bir bulunmaktadır (**Testolin et al. 2000**).

Bu diziler, bitki genetiğinin araştırılması için uygun olan genetik varyasyonun büyük bir kaynağını oluşturmakta, populasyon genetiği ve bitki ıslahında geniş ölçüde kullanılmakta, polimeraz zincir reaksiyonu kullanımına dayalı, polimorfizmi yüksek olan markörlerdir (**Tautz et al., 1986**). PCR'da meydana çıkmaları kolay olup, az miktarda DNA yeterli olmaktadır. Kodominansi

özellikleri ve kalıttındaki büyük sayılardaki allellerle kombinasyonlarından dolayı oldukça informatik olup, çeşit tanımlamalarında ve genom haritalamalarında kullanımları artmaktadır (Sefc *et al.*, 1997; Hormaza, 2002).

Tipik bir mikrosatellit dizi 1-6 nükleotitten (örneğin [(GA)_n, (GATA)_n, (TCT)_n, (TTG)_n, (TATG)_n] meydana gelip, kısa basit dizilerin sayısı 5'ten yaklaşık 100'e kadar değişen tekrarını içermekte olup, buradaki n ise mikrosatellit lokusundaki tekrarların sayısını vemektedir. SSRs ya da SSR olarak bilinen basit dizi tekrarları, bir çok ökoryatik bitkinin genomlarında tekli, ikili, üçlü, dördü, beşli nükleotidlerin arda arda tekrarlanmasından oluşmaktadır (Powel *et. al.*, 1991; Taramino *et al.*, 1996). Ökaryotlarda, 10⁴'ten 10⁵'e kadar tahmin edilen mikrosatellit lokusları, genom boyunca rastgele bulunmakta; ökaryot genomdaki mikrosatellit dizilerin bolluğu, genetik markör olarak değerlendirilebilecek polimorfik yerlerin neredeyse sınırsız bir kaynağını oluşturmaktadır. Tekrar bölgelerinin varyasyonunun yüksekliğinden dolayı SSR markörleriyle belirlenen polimorfizm seviyesi yüksek olmaktadır (Taramino *et al.*, 1996). Mikrosatellitler bir kodlama bölgesi içinde veya yakınında olmadığı zaman "selektif olarak nötr" kabul edilmektedirler (Sefc *et al.*, 2001).

Mikrosatellitler birçok farklı lokusta bulunmalarına ek olarak poliallellik de gösterebilirler. Özel bir lokusdaki SSR'ı belirlemek için öncelikle bu bölgeyi içeren küçük genomik kütüphane oluşturulur. Bu kütüphane SSR'ları saptamak üzere mikrosatellit problemleriyle incelenir, bölge sekanslanır ve lokus için spesifik primerler dizayn edilir. DNA bant şablonlarını elde etmek için bu primerlere PCR işlemi uygulanır ve bir lokusun iki allelindeki tekrarların sayısındaki farklılığa dayalı polimorfizm jel üzerinde veya otomatik dizi analiz sisteminde büyüklüklerine göre sıralanarak gözlenir. Bu nedenle elde edilen markör kodominant markörler olup, homozigot ve heterozigotların ayırımına izin verirler. Tekrar bölgelerinin her iki yanındaki korunan bölgeler tekrar lokuslarının amplifikasyonu için oldukça uygundur. Tekrar sayılarının yüksek derecede çeşitlilik göstermesinden ve SSRs markörlerinin çok bilgi verici olmasından dolayı parmak izi analizlerinde kullanılan markörler olup, soya ait geçmiş anlamaya yardımcı olmaktadır (Jones *et al.*, 1997 and Decroocq *et al.*, 2004).

Basit dizi tekrarları markörleri geniş bir aralıktaki bitkilerin genetik çeşitlilik çalışmalarında çok iyi sonuç veren genetik markörlerdir. Genetik çeşitliliği değerlendirmede, türler arasındaki genetik bağlantıları belirlemede, bitkilerde ve memelilerde genetik ayrımı değerlendirmek için oldukça uygundur (**Gupta et al., 1996; Wünsch and Hormoza, 2002; Dallas 1992; Powell et al., 1996; Jarne and Lagoda 1996**). *Prunus* türlerinin DNA amplifikasyonu için de oldukça yararlı olan SSR markörleri haritalamaların karşılaştırılması ve *Prunus*larda MAS çalışmaları için uygun olan markörlerdir (**Canlı, 2004**).

SSRs markörlerini çevreleyen primerler şeftalilerde (**Cipriani et al., 1999; Sosinski et al., 2000; Testolin et al., 2000; Dirlewanger et al., 2002; Aranzana et al., 2002; Yamamoto et al., 2001, 2002**), kirazlarda (**Downey ve Iezzoni, 2000; Cantini et al., 2001**) ve kayısıda (**Lopes et al., 2002**) klonlanmış ve sekanslanmıştır. Bu SSR markörleri moleküler karakterizasyon ve farklı kültür çeşitlerini tanımlamada şeftali (**Downey ve Iezzoni, 2000; Testolin et al., 2000; Aranzana et al., 2002; Dirlewanger et al., 2002**), badem (**Martinez-Gomez et al., 2003a,b**) kayısı (**Hormoza, 2002; Zhenebtyayeva et al., 2003**), kiraz (**Downey and Iezzoni, 2000; Cantini et al., 2001; Dirlewanger et al., 2002; Mohanty et al., 2001; Wünsch ve Hormoza, 2002**), vişnede (**Cantini et al., 2001**) ve bazı *Prunus* anaçlarında (**Serrano et al., 2002**) kullanılmıştır.

Farklı türlerden elde edilen genetik bağlantı haritaları karşılaştırıldığında *Prunus*larda genetik yapının oldukça korunmuş olduğu bulunmuştur (**Joobeur et al., 1998; Wang et al., 1998; Yamamoto et al., 2001**). Bu nedenle şeftali, kiraz ve kayısılarda geliştirilen SSR markörlerinin *Prunus* cinsine ait diğer türlerde transfer edilebilir olduğu belirlenmiştir. Şeftalide kullanılan SSR markörlerini, kiraz çeşitlerinde genetik ayrımı belirlemek için kullanmışlardır (**Dirlewanger et al., 2002, Wunsch and Hormoza 2002b; Scheuler et al., 2003**).

Joobeur et al. (1998), badem ve şeftali melezlerinden elde edilen F₂ populasyonlarındaki bireylerde RFLP ve izoenzim markörleri kullanarak bağlantı haritası çıkarmışlardır. Bu haritanın yapılışı diğer türler arasında karşılaştırma yapabilmek için referans olmuş ve ayrıca diğer çalışmaların yapımına ve haritaların hazırlanmasına olanak sağlamıştır. **Aranzana et al., (2003)** bu

haritadan yola çıkarak şeftali ve kiraz için 109 mikrosatellit markörü geliştirmişlerdir. Amplifikasyon ürünleri % 87 oranında ayrılmış ve 96 lokus ortaya çıkmıştır. Araştırmacılar çalışmalarında genomu saran tek lokuslu ve yüksek polimorfizm gösteren şeftali SSRs markörleri seçmişlerdir. Seçilen SSRs markörleri, çeşitlerin tanımlanmasında ve türler arasında soy ağacı analizlerinde kullanılmak üzere referans gösterilmiştir.

Dettori et al. (2001), BC₁ melezlerinde (*Prunus persica* x (*P. persica* x *P. ferganensis*)) 109 lokustan (74 RFLPs, 17 SSRs, 16 RAPDs ve 2 morfolojik özellik ile sınıflandırılmış) oluşan 10 bağlantı grubu içeren bağlantı haritasını oluşturmuşlardır. Lokusu, 5 farklı oranda ayırıp, Joinmap 2.0 software programıyla haritada yerleştirmişlerdir. Harita 521cM'lik şeftali genomunu kaplamış olup, komşu lokuslar arasındaki ortalama uzaklık 4.8 cM olmuş, 32 lokuslu genel bir *Prunus* bağlantı haritası ile karşılaştırılmış ve iki harita arasındaki homologlar bulunmuştur.

Romero et al. (2003) Macaristan, Budapeşte ve İspanya, Valencia gen bankalarının koleksiyonlarına ait, coğrafi orijinleri bu ülkelerin farklı bölgeleri olan 40 farklı kayısı kültür çeşidinde SSR markörleriyle çalışarak, farklı coğrafi bölgelerden gelen farklı kayısı genotiplerinin aralarındaki genetik akrabalıklarını belirlemeye çalışmışlardır. Çalışmada, **Cipriani et al. (1999)**; **Testolin et al. (2000)**; **Aranzana et al. (2002)** tarafından şeftaliden izole edilerek, karakterizasyonu yapılmış olan şeftali genomunda mikrosatellit sekanslarını çevreleyen 16 primer çiftini kullanmışlardır. Bu 16 primer çiftinden 11 tanesini polimorfik bulmuş, her genotipi açık bir şekilde birbirinden ayırmışlardır. Toplam olarak 34 allelde ortalama 3.1 allel/lokus değerini saptamışlar, beklenen heterozigoti 0.46 olurken, gözlenen ortalama heterozigoti 0.32 olarak bulunmuş ve genotipler UPGMA analizine göre ayrılmıştır. Bu çalışmanın sonuçları ışığında SSRs markörlerinin kayısı genetik çalışmalarında oldukça yararlı araçlar olduğu ve kayısı ıslah çalışmalarının yürümesi için bir anahtar olduğu belirlenmiştir.

Martinez-Gomez et al. (2003a) 18 SSR markörü kullanarak 30 badem, 15 işlemeye yönelik et şeftalisinde, 20 sofralık şeftali ve 10 anaç arasındaki genetik ilişkiyi ve varyeteler arasındaki karakterizasyonla genetik ayrımı belirlemeye

çalışmışlardır. Şeftalide SSR markörleri 1'den 6'ya kadar olan allellerde belirlenirken, bu oran bademlerde 3 ile 9 arasında bulunmuştur. Orijinal belgelerle uyuşarak şeftali kültür çeşitleri 10 grup içinde toplanmışlardır. Farklı kaynakların desteklediği gibi işlemeye yönelik kullanılan et şeftalileri sofralık şeftalilerden farklı bulunmuştur. 2 ana grup Kaliforniya ve Avrupa kültür çeşitleri arasında gözlenmiştir. Çalışmanın sonucunda SSR markörlerinin farklı genetik nesilleri ayırmada ve geniş populasyonların karakterizasyonunda ve türler içi geliştirmede, gen havuzları oluşturularak badem ve şeftali ıslah programlarında kullanılabileceğini belirlemişlerdir.

Schueler et al. (2003), 20 primer çifti ile yabani ve kültür kiraz çeşitlerinde tanımlamalar yapmışlar, tohum ve polenle aktarılan genleri araştırmışlardır. Araştırmada **Testolin et al. (2000)** ve **Cipriani ve et al. (1999)** tarafından şeftali kütüphanesinden tanımlanan primer çiftleri kullanılmıştır. Kültür kirazlarında 7 lokusda mikrosatellit sekansları polimorfik olarak belirlenmiştir. Doğal populasyondaki 75 yabani kiraz ağacında her lokusdaki alleller 4'den 9'a dizilmiş ve beklenen heterozigoti 0.39 ile 0.77 arasında değişmiştir. SSR markörleri arasındaki varyasyonun ağaçların tanımlanmasına imkan sağladığını belirlemişlerdir. Ayrıca 13 kiraz kültür çeşidi analiz edilmiş, 12 tanesinde farklılıklar saptanmıştır. Bu çalışmadaki markörler yabani kirazlar arasındaki genetik varyasyonu ve genleri belirlemeyi sağlayarak kiraz ıslah programı için yol gösterici olmuştur.

Clarke and Tobutt (2003), kiraz için kullanılan mikrosatellitlerin sayılarının az olması ve diğer *Prunus* türlerinde kullanılan mikrosatellitlerin kirazda kullanılmasının mümkün olması nedeni ile Napolyon kirazında polimorfik mikrosatellitler geliştirerek karakterizasyonunu sağlamışlardır. Napolyon kiraz çeşidinin 21 mikrosatellit lokusu izole edilerek primerler geliştirilmiştir. Oniki lokus kesintisiz dinükleotid tekrarları içerirken, 9 lokus oldukça kompleks bulunmuştur. 14 kiraz kültür çeşidinde 19 primer (EMPA001-019) tekli lokuslarda her lokusda 2 ile 7 alleller arasında polimorfizm gösterirken, diğer 3 primer kombinasyonu (EMPA014, 015 ve 018) tüm kültür çeşitlerini birbirinden ayırmıştır. EMPA020 ve EMPA021 kodlu 2 primer çifti *P.avium* lokuslarında monomorfik bulunmuştur.

Martinez-Gomez et al. (2003b) şeftali [*Prunus persica* (L.) Batsch], badem [*Prunus dulcis* (Mill.) ve *Prunus amygdalus* (L.) Batsch] ve ilgili 10 *Prunus* türleriyle yaptıkları çalışmada SSR markörleri kullanmışlardır. SSR analizlerinde şeftali ve badem kültür çeşitlerinde açığa çıkan allel sayısı 1 ile 3 arasında değişirken, diğer 10 *Prunus* türünde allel sayısı 1 ile 10 arasında bulunmuştur. Elde edilen sonuçlarla geniş genetik varyabilite ortaya konulabilmiş ve bu türler 4 ana grup altında toplanarak aralarındaki filogenetik akrabalık belirlenmiştir.

Vaughan et al. (2004), mikrosatellitlerin karakterizasyonu ve yabancı kiraz populasyonları için DNA genomik kütüphanesinden 14 primer çifti ile çalışarak çoklu PCR reaksiyonlarını geliştirmişlerdir. Surveylerle belirlenen 16 yabancı kiraz ağacında 10 lokusta 2 ile 6 allelleri arasında polimorfizm belirlenmiş, geri kalan lokuslar monomorfik bulunmuştur. 7 polimorfik lokus bu çalışmada belirlenmiş ve bir önceki çalışmada bildirilen 4 polimorfik lokus ile haritalandırılma yapılarak çalışmalar ilişkilendirilmiştir. Çalışmada 2 PCR reaksiyonu optimize edilmiş ve bu reaksiyonlar 11 bağlantının karakterize edilmesine ve polimorfik SSR lokuslarının belirlenmesine imkan tanımıştır.

Daha önceki çalışmalarında kayısı (*Prunus armeniaca* L.) için cDNA'dan *Prunus* türlerinin genomik DNA'larını kullanarak mikrosatellit içeren bölgelerin amplifiye edilmesiyle spesifik primerler dizayn eden **Decroocq et al. (2004)**, bu çalışmalarında da hexaploid *Prunus domestica* türlerinden cDNA mikrosatellit markörleri geliştirmişler ve erik populasyonlarını polimorfizm elde ederek ayırmışlardır. Allellerin kodominant mendel ayrımını (segragasyonu) ispatlamışlar ve mikrosatellit polimorfizmini her bireyde her SSR lokusunda 6 allele kadar görüntülemişlerdir. Ebeveyn soyları aynı olan erik çeşitlerinin (cv. Cacanska najbolja, Cacanska rana ve Cacanska lepotica) analizleri nükleer SSR markörleri ile yeniden yapılarak 4 kloroplastik mikrosatellit lokusuyla tamamlanmıştır. Çalışmada 6 informatik nükleer lokusu 3 Cacak çeşidini ve akrabalığı olmadığı halde ebeveynleri olduğu ileri sürülen 'Wangenheim' ve 'Pozegaca' çeşitlerini ayırmak mümkün olmuştur. Elde edilen veriler bu çeşitlerin orijinlerinin 'Stanley' kültür çeşidi olduğu yönündeki kanıtları desteklemiştir. Bununla birlikte SSR analizleri 'Wangenheim'in ebeveyn olma ihtimalini kabul etmemiş, çalışmanın sonucunda nükleer ve kloroplast SSR lokuslarıyla Cacak

kültür çeşitlerinin orijininin anne bitki ‘Stanley’ ile ‘Ruth gerstetter’ tozlayıcısının melezi olduğu belirlenmiştir. Ayrıca, kayısı SSR markörlerinin hexaploid Erik çeşitlerinin genotipik parmak izi analizleri için uygun olduğu da ortaya konulmuştur.

Kayısı ıslah hatlarının ve yeni melez çeşitlerin karakterizasyonu, DNA parmak izi analizlerinin bu materyalde geliştirilmesi ve genetik ilişkinin incelenerek, SSR markörleriyle elde edilen sonuçların ebeveynlerle karşılaştırılması amacıyla **Perez-Sanchez et al. (2005)**, İspanya, Kuzey Amerika, Fransa ve Yunanistan’dan alınan 8 kayısı kültür çeşidinin 17 SSR markörü kullanılarak karakterizasyonunu yapmışlardır. 7 primer içinde SSR lokuslarındaki amplifikasyon gerçekleşmiş ve bunlardan 14’ü polimorfik amplifikasyon göstermiştir. SSR markörleriyle ulaşılan tahmini allel sayısı 1’den 9’a kadar olmasına rağmen primerlerin çoğunda 3 ya da daha fazla allele ulaşılmış, her lokustaki ortalama allel sayısı 4.1 olarak belirlenmiştir. Çalışmada yer alan kayısı genotiplerinin moleküler tanımlamasını belirlemişler ve orijinleri ile soy ağaçlarına göre başlıca 7 grupta toplanmışlardır. Kayısı ıslah programında yeni çeşitlerin korunması ve melez çeşitlerin elde edilmesi için bu çalışmanın sonuçlarının büyük bir önem taşıdığı araştırmacılar tarafından vurgulanmıştır.

Ohta et al. (2005a), Doğu Asya’dan 15 taksoniden 11 türe ait 144 *Prunus* subgenus *Cerasus* bireyleri arasındaki genetik varyasyonu şeftali, kiraz ve vişneden geliştirilen SSR markörleriyle belirleyerek, 85 adet SSR marköründen 25 tanesi dışındakilerde amplifikasyon elde etmişlerdir.

Baranek et al. (2006), *Prunus* L. cinsinden seçilen 15 genotip arasında genetik farklılığı belirleyebilmek amacıyla 40 adet RAPD ve 21 adet SSR markörü kullanarak bunlardan yüksek derecede polimorfizm gösterenleri seçmişler, SSR markörlerini hem metahpore agorozda, hem de PAGE de ayırarak çalışmayı yürütmüşler, elde edilen sonuçların dendogramlarıyla genotipler arasındaki genetik benzerlikler arasında bağlantılar kurmuşlardır. Tüm genotipler göz önüne alındığında mantel testlerinde RAPD ve SSR markörleri arasındaki istatistiksel korelasyon önemli bulunurken, *Prunus persica* L. kültür çeşitlerine bakıldığında korelasyonun büyük ölçüde azaldığı belirlenmiştir. SSR markörlerini

görüntülemeye kullanılan polyakrilamid jel ve metaphor agorozdan elde edilen sonuçlar da hesaplanmış, analiz edilen genotiplerin dendogramları botanik soy ağacıyla karşılaştırılmış, en büyük benzerliğin RAPD markörlerinden geliştirilen dendogramlarda olduğu ortaya çıkmıştır. RAPD fragmentlerinin dendogram üzerinde değerlendirilmesi amacıyla permütasyon analizleri kullanarak RAPD ve her iki SSR uygulamalarının farklı genotiplerin ayrılmasında benzer sonuçları verdiğini belirlemişlerdir. Araştırmacılar farklı allelleri ayırt ederek farklı grupları ayırmak için yeterli olan MetaPhor agorozun her yerde bulunabilir olmasıyla, kullanımı zahmetli ve oldukça toksik olan polyakrilamid jel için bir alternatif olduğunu belirtmişlerdir

Sanchez-Perez et al. (2006), bademde genotiplerin ayrılması ve aralarındaki akrabalık ilişkilerinin belirlenmesi için yaptıkları SSR çalışmalarında, 1 ile 5 bp arasındaki SSR polimorfizmini PCR ürünlerinde ayırabilmek için otomatik sekuensör, poliakrilamid jel, metaphor agoroz olmak üzere 3 farklı metod denemişler ve her 3 yöntemde de 1 ile 5 bp arasında değişen ölçüdeki SSR polimorfizmini belirleyebilmişlerdir. Otomatik sekuensör ile polyakrilamid jelin verdiği sonuçlar aynı bulunurken, metaphor agoros ile yapılan elektroforezden elde edilen sonuçlarla karşılaştırıldığında çok az farklılık elde etmişlerdir. Otomatik sekuensör cihazının kullanımı sırasında sarfedilen malzemenin maliyetinin pahalı olması, polyakrilamid jel elektroforezinin uygulanabilirliğinin zorluğu ve toksik etkisinin metaphor agorosa göre daha fazla olması nedeniyle metaphor agoros daha düşük maliyeti ve uygulanabilirliğinin kolaylığı nedeniyle avantajlı bulunmuştur. Ayrıca metaphor agorozun DNA fragmentlerinin 5 bp ya da daha çok olması durumunda kullanılabileceğini bildirmişlerdir **Pedersen (2006)**, 10 SSR primer çifti ile 51 farklı kiraz, vişne çeşitleri ile kiraz anaçlarında genotipik farkları belirlemek amacıyla çalışmışlar ve tüm SSR primer kombinasyonlarında SSR fragmentlerinin sayılarının yüksek olup, boş lokus sayısının ise oldukça az sayıda olduğunu belirlemişlerdir. Her lokusda 14-40 arasında farklı allel bulunmuş olup, lokuslar yüksek polimorfizm göstermişlerdir. Heterozigoti değerleri 0.52-1.00 arasında değişirken, genetik ayırım (PIC) 0.905–0.966 arasında saptanmış, her lokusun birbirinden ayrılma güçleri vişne için 0.896–0.965 arasında değişkenlik gösterirken, bu oran kiraz genotipleri için 0.48–0.967, kiraz anaçları için ise 0.803–0.921 arasında yer almıştır.

Shiran et al. (2007) İran badem çeşitleri arasındaki genetik ayrımı belirlemek ve diğer yabancı kültür çeşitleri ile bu çeşitlerle ilgili olan 3 tür arasındaki bağlantıyı belirleyebilmek amacıyla RAPDs ve SSRs markörleri kullanmışlardır. Çalışma, 8 Shahrodi badem kültür çeşidi ve 3 yabancı badem kültür çeşidini (*Prunus communis*, *Prunus orientalis* ve *Prunus scoparia*) kapsamaktadır. 80 RAPD primeri ile 26 SSR primeri test edilmiş, RAPD primerlerinin 42 tanesi, SSR primerlerinin ise 18 tanesi tekrarlanabilir olmaları ve yüksek derecede polimorfizm göstermelerinden dolayı seçilmiştir. RAPD analizlerinde ortaya çıkan 729 banttan 664'ü polimorfik bulunurken, SSR analizlerinde tahmini açığa çıkan alleller her lokusda 3 ile 10 alleleri arasında olmuş ve her lokusdaki ortalama değeri 6.64 olarak belirlenmiştir. Her iki teknikte genotipleri etkili bir şekilde birbirinden ayırırken, Monagha ve Sefied kültür çeşitlerini sadece RAPD markörleri ayırtedebilmiş, test edilen kültür çeşitlerinde geniş bir genetik varyabilite saptanmıştır. Ayrıca şeftali için geliştirilen SSR markörleri badem çeşitlerinde kullanılabilmektedir. Tüm çiftler için benzer katsayılar hesaplanmış ve UPGMA dendogramı çizilmiş, bazı farklılıkların gözlemlenmesine rağmen her iki markörde dendogram topolojisinde yüksek benzerlikler göstermişlerdir. SSR ve RAPD markörlerinin kombine kullanılarak elde edilen bilgileri içeren tüm dendogramlar çeşitlerin coğrafi bölgelerine ve kalıtım bilgilerine bağlı olarak aralarındaki fenotipik bağlantıyı tanımlamıştır.

Japonya'dan 56 sofralık ile 55 adet süs olmak üzere 111, Çin'den 8, Taiwan'dan 7, Thailand'dan 1 olmak üzere 127 Japon kayısı çeşidi (*Prunus mume* Siebold et Zucc.) arasındaki genetik ayrım ve akrabalık ilişkileri SSR markörleriyle değerlendirilmiştir. 58 SSR markörünün 39 tanesi şeftali ve kayısıdan geliştirilmiş olup, bu markörlerin Japon kayısılarında 1 ya da 2 amplifike olmuş fragment verdiği belirlenmiş ve diğer türlere transferinin mümkün olduğu bildirilmiştir. 14 SSR markörü yüksek polimorfizm göstermiş, amplifikasyon net olmuştur. Japon kayısılarında toplamda 155 allel gözlenmiş ve 14 SSR lokusu için ortalama değer 11.1 olurken gözlenen heterozigoti değeri (H_O) 0.29 ile 0.88 arasında (ortalama değer 0.61) ve beklenen heterozigoti değeri (H_E) 0.32 ile 0.92 (ortalama değer 0.68) olmuştur. Çalışmanın sonucunda birincisi Japon kayısılarının oluşturduğu grup, ikincisi Taiwan ve Thailand kayısıları, üçüncüsü meyve veren ve süs kayısıların oluşturduğu grup olmak üzere 3 ana grup belirlenmiştir. Meyve veren kayısı çeşitleri ile süs kayısıları arasında genetik

farklılık bulunamaması meyve veren kayısı çeşitlerinin, süs kayısılarından seçildiği hipotezini desteklemiştir (**Hayashi et al. 2008**).

Prunus anaçlarının ıslah programlarında, önemli bir payı olan morfolojik karakterizasyonunu çevre koşulları sınırlandırmaktadır. Ayrıca aşılabilir aşılabilir anaçların fenotipik özelliklerinin belirlenmesi mümkün değildir. Bu nedenle **Bouhadida et al. (2009)**, DNA parmak izi analizlerinden SSR yöntemi ile şeftali anaçlarının moleküler karakterizasyonunu belirlemek için, şeftaliden geliştirilen 20 mikrosatellit primeri ile 44 *Prunus* anacının karakterizasyonunu gerçekleştirerek aralarındaki genetik ilişkiyi saptamışlardır. Araştırmacılar *Prunus* anaçlarında şeftali anaçları (*Prunus dulcis* _ *P. persica*, *P. persica* _ *P. davidiana* hibritleri), Myrobalan-Marianna erikleri (*Prunus ceracifera* ve *Prunus cerasifera*'nın ebeveyn olduğu interspesifik hibritler) ve yavaş gelişen erikler (*P. insititia*, *P. domestica*, and *P. domestica* _ *P. spinosa* hibritleri) olmak üzere 3 grup belirlemişlerdir. Araştırmada kullanılan 20 SSR primerinden 18'i şeftali bazlı anaçlarda, 13'ü ise Myrobalan-Marianna ve yavaş gelişen erik gruplarında polimorfizm göstermiştir. Kullanılan SSR mikrosatellitlerinden üçlü primer takımı (BPPCT001, CPPCT022 ve UDP98-407) 44 klonu açık bir şekilde ayırabilmiştir. Myrobalan-Marianna erik klonları arasındaki farklılıklar CPPCT005, CPPCT006 ve CPPCT0283 isimli primerlere ait üçlü SSR takımı, şeftaliler BPPCT007, BPPCT017 ve UDP98-025 isimli üçlü SSR takımı ile, yavaş gelişen erik grupları arasındaki farklılıklar ise BPPCT001 isimli SSR primeriyle belirlenebilmiştir. Diğer markörlerin kombinasyonları da 44 anacın ayrılmasında kullanılmıştır.

2.2.1.2. AFLP markörleri

AFLP markörleri hem restriksiyon enzimlerinin hem de PCR amplifikasyonunun kullanıldığı bir DNA parmak izi yöntemi olup, genetik markörler sisteminde güvenilir olarak kullanılmaktadır (**Strus et al., 2001**). İdeal genotipik metotların sonuçları; laboratuvarıdan laboratuvara değişmemeli, karşılaştırmalı analizlere izin vermeli, güvenilir verilere dayanmalıdır. Zabeau ve Vos tarafından geliştirilen bir metot olan AFLP (çoğaltılmış parça uzunluk polimorfizmi) yönteminin patenti Kygene NV (Wageningen, Hollanda) tarafından verilmiştir (**Vos et al., 1995**).

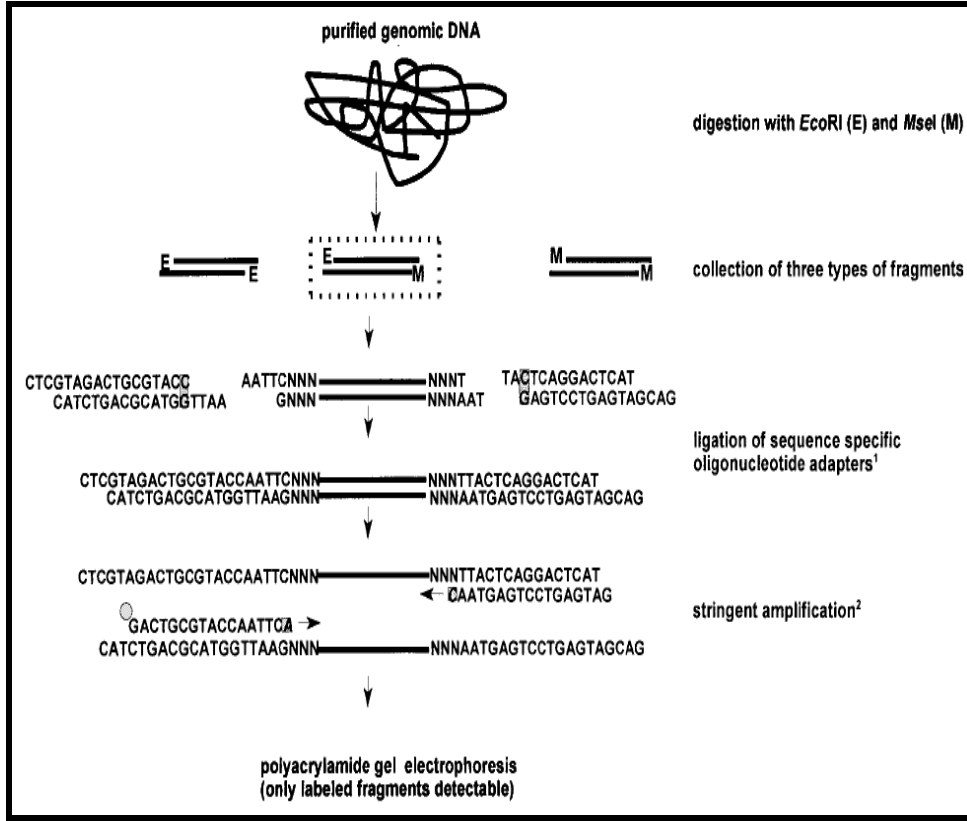
AFLP tekniği bitki ıslahında agronomik özelliklerin kalıtımının gözlemlenmesinde, kalıtım ile geçen genetik hastalıkların tanımlanmasında, soy

ağacı analizlerinde, parmak izi ve tarama ile genetik özellikleri ilişkilendirmekte kullanılmaktadır. İnsanlara, hayvanlara ve bitkilere uygulanabilen AFLP tekniği, diğer DNA parmak izi analizlerine göre birçok avantaja sahiptir. En önemli avantajı ise yüksek derecede ayırt etme gücü, polimorfik ve tekrar edilebilir olmalarıyla tüm genomu denetleme yeteneğine sahip olmasıdır (**Janssen, et al., 1996; Sorkheh et al., 2007**).

AFLP markörleri polimorfik olması nedeni ile herhangi bir organizmanın genomunda hızlı bir şekilde çalışılmasına olanak sağlamaktadır. Her primer kombinasyonu ortalama olarak 30-40 farklı bant verdiği için, çalışılan organizma için ayrı bir parmak izi olup, tekrarlanabilirliği çok yüksektir. Herhangi bir bitkide hızlı bir şekilde genetik harita oluşturulması için çok kullanışlı olan AFLP markörleri ile yapılan çalışmalarda DNA baz diziliminin bilinmesine gerek yoktur. Dezavantajları arasında ise AFLP markörlerinin dominant markörler olması ve genetik haritalama çalışmalarında AFLP bantlarının genellikle centomer ve telomer bölgesinde grup oluşturması bulunmaktadır (**Özkan, 2006**). Kesilmiş DNA parçalarının PCR yardımıyla çoğaltılması prensibine dayanan bu teknik, RFLP ve PCR teknolojisinin bir kombinasyonudur. AFLP tekniği; parmak izi analizlerinde, çeşitlerin tanımlanmasında, hızlı bir şekilde genetik haritaların oluşturulmasında, F₁ bitkilerinin tanımlanmasında (melezlik durumunun tesbiti), genlerin bağlanmasında, bulk segregant analizinde, genetik çeşitliliğin değerlendirilmesi ve çalışılmasında, marköre dayalı seleksiyonda herhangi bir organizma ne kadar kompleks olursa olsun uygulanabilmektedir. AFLP ile kodominant markörler elde edilemez, elde edilen markörler dominanttır. Tohum DNA'nın yanında cDNA rahatlıkla kullanılabilmektedir. Genomik DNA'nın (0.05-0.5 mg) restriksiyon enzimleri ile kesildikten sonra restriksiyon parçalarının seçici PCR ile çoğaltılmasına dayalı bir teknik olan AFLP'nin aşamaları şekil 2.1'de görülmektedir. (**Savelkoul et al., 1999**). AFLP tekniği herhangi bir orijinden olan veya karmaşık bir DNA için orijinal ve çok güçlü DNA parmak izi sağlayan bir tekniktir (**Vos et al., 1995**).

Adaptörler genellikle kısa segmentli, restriksiyon bölgesine komplementer yapışkan uçlu çift iplikli DNA'lardır. Farklı restriksiyon enzimleri için ayrı

adaptörlere, farklı fragmentlere bağlanabilecek farklı primerlere ihtiyaç vardır. Primerler adaptör sekanslarına spesifiktirler (Liu, 1999).

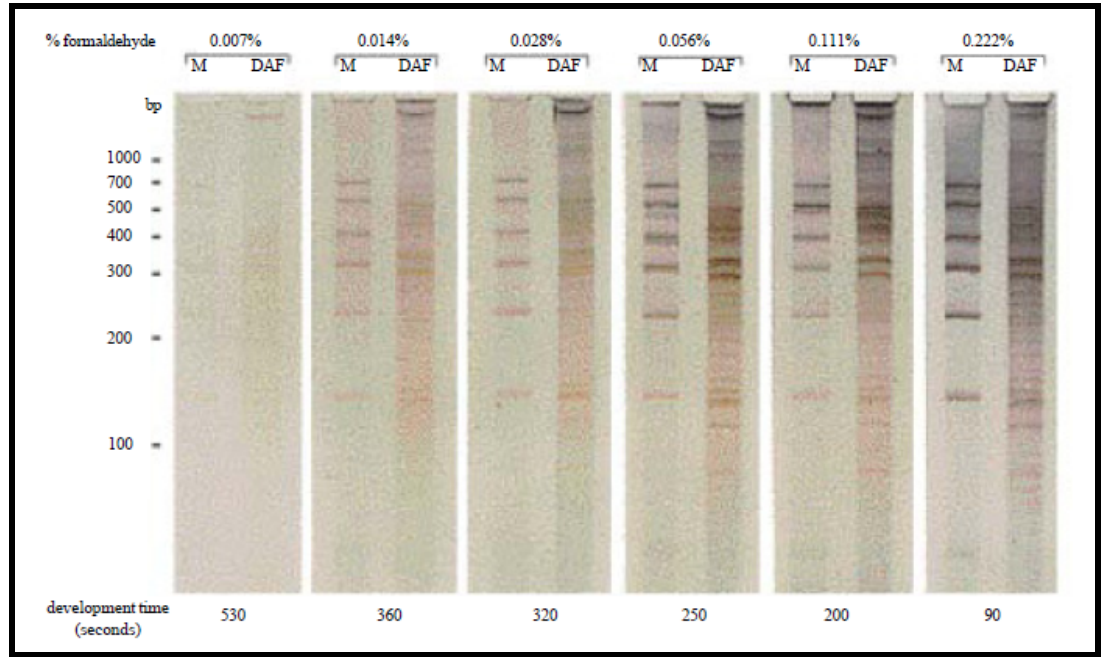


Şekil 2.1. AFLP'nin aşamaları

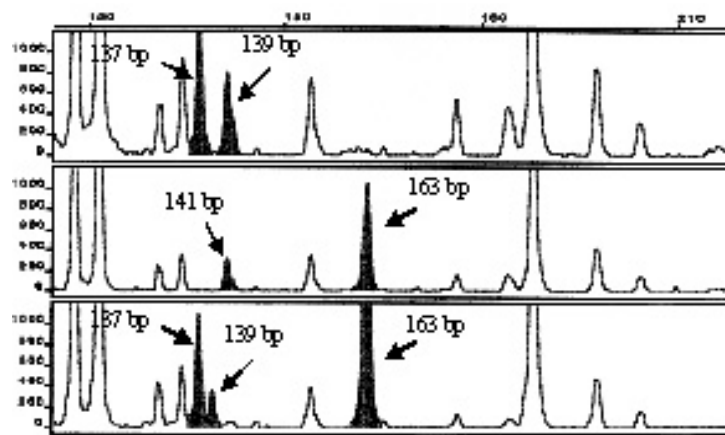
İlk aşama DNA'nın EcoRI (6 bp'lık tanıma bölgesi) ve MseI (4 bp'lık tanıma bölgesi) restriksiyon enzimleri ile kesilmesi ve oligonükleotid adaptörlerle birleştirilmesidir. EcoRI her 2-2.5 kb'de bir kesim yaparken MseI 300-400 bp'de bir kesim yapar ve çok sayıda fragment ortaya çıkar.

İkinci aşama, restriksiyon parçalarının seçici çoğaltımıdır. İlk ve seçici çoğaltmanın (PCR) yapılmasıyla birlikte, çok sayıda fragmentin spesifik amplifikasyonu sağlanır. Restriksiyon parçalarının PCR'la çoğaltımı adaptör ve restriksiyon bölgesi dizilerinin (sekanslarının) primerlerin bağlanması için hedef bölgeler olarak kullanılmasıyla sağlanır. Restriksiyon parçalarının üzerinde uzayan primerler kullanılarak sadece primerin uzantısında bulunan nükleotidlerle eşleşen nükleotidleri restriksiyon bölgesinde taşıyan restriksiyon parçalarının çoğaltılması ile seçici çoğaltım gerçekleştirilir.

Son aşama ise çoğaltılan parçaların jel analizidir. 50-100 restriksiyon fragmentin amplifikasyonu ve denatüre poliakrilamid jelde deteksiyonu sağlanabilmektedir (Vos *et al.*, 1995; Liscum and Oeller, 1995; Mohan *et al.*, 1997) Fragmentler % 4.5 ya da % 5'lik polyakrilamid jelde (Şekil 2.2) ayrılabilirdiği gibi kapillar elektroforezde de (şekil 2.3) ayrılabilir (Sorkheh *et al.*, 2007).



Şekil 2.2. Fragmentlerin poliakrilamid jelde ayrılması



Şekil 2.3. Fragmentlerin kapillar elektroforezde ayrılması

AFLP tekniđi, içinde birçok meyve ağaclarının da bulunduđu birçok bitki türünde genom analizlerinde kullanılmıřtır (**Bartolozzi et al.,1998; Nybom, 1990a, 1990b; King, 1994**).

Birçok SSR markörü ilgili gen lokusları için spesifik olmadıđı gibi SSR haritası geliřtirmek oldukça zaman alıcı ve pahalıdır. SSR lokuslarının haritalama teknikleri ile hızlı bir řekilde belirlenebilmesi için arařtırıcılar AFLP haritalaması yapmıřlar, AFLP markörleri ile belirledikleri bölgelerde hedef SSR dizileri belirlenmiřler ve geliřtirdikleri SSR markörlerinin diđer *Prunus* türlerinde kullanılabilirliđini test etmiřlerdir (**Wang et al., 2002**)

Kirazda radyoisotop etiketli AFLP primerleri kullanılarak yapılan arařtırmalarda yüksek derecede polimorfizm elde edilmiřtir (**Boritzki et al., 2000; Strus et al., 2001; Tavaud et al., 2001**). Bununla birlikte radyoisotop etiketli primer kullanımının x-ray filmde görüntülenmesinin zorlukları bildirilmiřtir (**Boritzki et al., 2000**). Radyoisotop etiketli primer kullanımı, uygun primer seřimini de sınırlandırması nedeniyle **Zhou et al. (2002)**, yeni kültür kiraz çeřitlerinin genetik ayrımını belirleyerek, ıřlah programı için seleksiyon yapabilmek amacıyla AFLP markörleri olarak florasan etiketli primer çiftlerinin kullanabilme olanađını arařtırmıřlardır. Altı primer çifti ile 67 kiraz çeřidi arasındaki genetik farklılıkların belirlenmesi amaçlanmış olup çalıřma sonunda 118 polimorfizm gösteren DNA fragmenti bulunmuřtur. Daha sonra 2 tane filogenetik ağaç çıkarılmış, bunlardan birinci filogenetik ağacı ıřlah programına dahil olan birbiriyle bađlantılı 55 kültür çeřidi, diđer filogenetik ağacı ise farklı orijinlerden olan 23 kendiyile uyumaz kiraz kültür çeřitleri oluřturmuřtur.

Boritzki et al. (2000), 128 kiraz aksesyonunu 10 çift AFLP primer kombinasyonu kullanarak tanımlamaya çalıřmıřlardır. 712 AFLP fragmentinden 124'ü aksesyonlar içinde polimorfik olmuş, bu polimorfik lokusların AFLP primer çiftleri tarafından 5 den 26 ya kadar olduđu belirlenmiřtir. 13 SSR primeri kullanılarak 188 kiraz aksesyonu analiz edilmiřtir. Komřu birleřtirme yöntemi ile hesaplanan SSR dendogramının ayırım gücü AFLP dendogramından daha yüksek bulunmuřtur.

Struss et al. (2001), farklı kiraz genotiplerinin genetik farklılığını AFLPs markörleriyle belirleyerek, bu markörlerin etkinliğini kanıtlamaya çalışmışlar, fenolojik ve pomolojik olarak karakterize edilen 38 kiraz çeşidinde radyoisotop etiketli, yüksek polimorfizm gösteren AFLP markörleri kullanmışlardır. 18 test edilen primer kombinasyonundan 10 tanesi oldukça bilgi verici olmuş ve her primer kombinasyonu 80 banta kadar polimorfizm göstermiş, bu bantların % 7-33'ü amplifiye olmuştur. Her primer kombinasyonunun analizinde 13 polimorfik lokus bulunmuş, kiraz çeşitleri arasındaki genetik uzaklık ise 0.32 ile 0.98 arasında yer almıştır. Araştırmacılar cluster analizinde UPGMA ile komşu birleştirme yöntemlerini kullanmışlar ve bunun sonucunda cluster analizleri 2 ana grubu açığa çıkarmış, bütün kültür çeşitleri ve seleksiyonları ayrıntılı olarak belirlenmiştir. AFLPs markörleri kiraz kültür çeşitlerinin belirlenmesinde ve genom analizlerinde oldukça etkili bir sistem olmuş ve seleksiyona olanak tanımıştır. Ayrıca bu çalışma morfolojik ve AFLP markörlerine dayalı gruplar arasındaki farklılıkları ortaya koyabilmiştir. Araştırmacılar morfolojik ve pomolojik özelliklere dayalı tahmin edilen genetik uzaklıklar ile genetik tanımlamaların, çevre faktörlerinden etkilenebilmesinden ve AFLP markörleriyle tanımlama yapmanın kolay olmasından dolayı, AFLP markörlerinin kiraz genom analizlerinde kullanılabilirlik etkili bir markör olabileceğini ortaya koymuşlardır.

Hagen et al. (2002) Avrupa, Kuzey Amerika, Kuzey Afrika, Türkiye, İran ve Çin'i kapsayan farklı coğrafi bölgelerden 47 farklı kayısı (*Prunus armeniaca*, $2n=16$) çeşidinde genetik ayrımı belirlemek amacıyla AFLP markörleriyle çalışmışlardır. 5 EcoRI-MseI AFLP primer kombinasyonu ile 379'u polimorfik olmak üzere 416 bant ortaya çıkararak, eski S.S.C.B.'den Güney Avrupa'ya kadar olan bölgelerde bulunan varyeteler arasındaki azalan genetik ayrımın derecesini UPGMA dendogramı ile belirlemişlerdir. Bu da kayısının gen merkezinin Asya olduğunu kanıtlamış ve Amerikan kültür çeşitleri, Avrupa ve Akdeniz kültür çeşitlerinden farklı genetik yapıda bulunmuştur. Bu çalışmanın sonuçları coğrafi olarak ve agronomik karakterler olarak kültür çeşitlerinin değerlendirilmesine olanak sağlamıştır.

Kiraz çeşitlerinden ekstrakte edilen DNA örneklerinde, Valerji Tschkalov kültür çeşidinin genomik DNA'sından geliştirilen 15 spesifik SSR primeri ve

AFLP markörleri kullanılarak genetik değerlendirmeleri yapılmıştır. Toplamda 48 allel 15 SSR primeri ile belirlenmiş, her primer kombinasyonundaki ortalama varsayılan allel sayısı 3.2 olmuştur. Kiraz kültür çeşitlerinde 15 SSR primeri ile 40 polimorfik fragment skorlanmış ve varsayılan alleller 1 ile 5 arası sıralanmıştır. Araştırmacılar çalışmanın devamında 4 EcoRI-MseI AFLP primer kombinasyonu ile 15 kiraz kültür çeşidinde toplam 63 (% 21) polimorfik fragment kaydetmişlerdir. SSR ve AFLP polimorfik fragmentleri benzer matriks yönetimine göre hesaplanmış ve UPGMA cluster analizi uygulanmış, bütün kiraz kültür çeşitleri SSR ve AFLP markörleri kullanılarak gruplanmış ve tanımlanmıştır. Pomolojik incelemelerde bu gruplamaları tamamlayıcı olmuştur. Bu çalışmada kiraz için geliştirilen SSR markörlerinin diğer *Prunus* türlerinin haritalamasında, değerlendirilmesinde ve taksonomik çalışmalarda kullanılabileceği bildirilmektedir (Struss *et al.*, 2003).

AFLP markörleri kullanarak tüm dünyadaki kayısı genotiplerini temsil eden kayısı genetik kaynaklarının tanımlamasına ve genetik ayrımını belirlemeye çalışan araştırmacılar 118 çeşit kayısı kültür çeşitleri ve ilgili kayısı türlerinde, 5 AFLP primer kombinasyonu kullanarak, 165 polimorfik bant elde etmişlerdir. Primer kombinasyonunun polimorfik indeks içeriği, çoklu orana göre derecelendirilmiş ve en iyi kombinasyon belirlenmiştir. AFLP markörlerinin UPGMA (aritmetik ortalamayı kullanarak ağırlıklı olmayan çift grup yöntemi), komşu birleştirme yöntemi, parsimony metodu ile birlikte cluster analizlerinde kullanımı gerçekleştirilmiştir. Bu analizlerin sonucunda Akdeniz, Çin, Avrupa ve Avrupa-Kuzey Amerika karışımı dört temel grup belirlenmiş, ana bileşenler analizinde ilk 3 bileşen var olan total varyetenin % 17'sinden sorumlu olmuştur. Bunun sebebi ise bu analizlerde kullanılan kayısı varyetelerinin, dünyada yetiştirilen kayısı varyetelerini temsil etmesinden kaynaklanmaktadır. Elde edilen verilerin tartışılması orijinlerini ve türlerin evriminin filogenetik hipotezine açıklık getirebilmektedir (Geuna *et al.*, 2003).

Aradhya *et al.* (2004) *Prunus* türüne ait 7 kültür ve 7 yabani çeşit arasındaki genetik çeşitliliği ve farklılığı ortaya çıkarmak amacıyla AFLP analizleri yapmışlar ve *Amygdalus*, *Armeniaca*, *Cerasus*, *Prunophora* ismiyle tanımlanan 4 şube açığa çıkarmışlardır. *Armeniaca* *Prunus*un alt cinsi olan

Prunophora türünden önemli derecede farklılık göstermiş, türler arasındaki moleküler varyasyon kayısında 0.0529 olurken kayısıyı, hekzaploid erik (0.0359), badem (0.0330), kiraz (0.0310), diploid erik (0.0303), şeftali (0.0263) takip etmiştir.

Süs şeftalisi (*Prunus persica* (L.) Batsch) peyzajda ve bahçe düzenlemelerinde sık kullanılan oldukça popüler bir bitki olmasına rağmen şeftali kültür çeşitleri içerisindeki genetik ilişki hala bilinmemektedir. Bu nedenle *P. persica* ve *P. davidiana* (Carr.) çeşitlerinden oluşan 51 süs şeftalisinde AFLP markörleri kullanılarak genetik ilişkiler belirlenmeye çalışılmış; Çin, Japonya ve Amerika'dan alınan süs şeftalisi örneklerinde 6 EcoRI/MseI AFLP primer çifti kullanılmış toplamda 275 markör 75 ile 500 bp arasında yer almıştır. Aralarında 265 bant polimorfik olmuş, her sınıf için total markörler 90'dan 140'a doğru sıralanmış, ortalaması 120 olarak saptanmıştır. PAUP-UPGMA ağacında kökenleri aynı olan 2 grup belirlenmiş, *P. davidiana* türü *P. persica*'nın grubunun dışında bulunmuştur. Bu da *P. davidiana*'nın süs bitkileri gen havuzundaki payının daha az olduğunu göstermiştir. *P. persica* grubunda, 20 süs şeftalisinden 18'i aynı grupta yer almış ve aynı gelişmeye sahip olan bu ağaçlar aynı genetik ilişkiye sahip olmuşlar, 5 bodur kültür çeşidi aynı kökene sahip grupta yer alarak ön verilerle % 81 genel gen havuzundaki çeşitlerden ayrılmışlardır. Bu sonuçlar AFLP markörlerinin süs şeftalilerindeki genetik ilişkisini belirleyebilmek için çok güçlü markörler olduğunu göstermiştir (Hu, 2005).

Şeftalilerde yapılan bir diğer çalışmada Xu et al. (2006) 23 Japon şeftali çeşidi arasındaki genetik ayrımı ve genetik bağlantıyı belirleyebilmek amacıyla 16 AFLP primer kombinasyonu kullanmışlar toplamda 837 fragment, 146 polimorfik bant elde ederek polimorfizm oranını % 17.5 bulmuşlardır.

Ayanoğlu et al. (2007) Türkiye'de Akdeniz bölgesinde ekonomik olarak önemli olan yeşil erik (*Prunus cerasifera*) türündeki genetik ayrımı AFLP markörleriyle belirlemeye çalışmışlar, analizlerde toplam olarak 20 erik aksesyonu kullanmışlardır. Çalışmada kullanılan erikler, Akdeniz kıyı bölgesinden toplanan ve morfolojik olarak birbirinden ayırt edilen 17 erik çeşidi ile ülkede yaygın olarak kültürü yapılan 3 erik kültür çeşidini (Can, papaz ve

havran) içermektedir. Erik genotiplerinin meyve özelliklerine göre karakterizasyonu yapılmış, 10 primer kombinasyonundan seçilen 6 primer kombinasyonu 20 erik genotipinde 580'i belirli olan polimorfik fragment saptamıştır. Her primer kombinasyonunda ortalama olarak 12 polimorfik lokus bulunmuş, saptanan polimorfizm % 6 (EcoRI+AC ve Msel+CAC) ile % 18 (EcoRI+AC ve Msel+CTG) aralığında olmuştur. Bütün erik genotipleri AFLP verilerine göre ayrılabilmiştir. **Jaccard (1908)**, temel alınarak genetik benzerlik katsayısı hesaplanmış ve 0.829 ile 0.985 aralığında bulunmuştur. AFLP verilerine dayanan UPGMA yöntemi ile yapılan cluster analizlerinin sonuçlarında erik genotipleri 2 ana grupta yer almış, Akdeniz'den toplanan 17 erik genotipinden 2 tanesi bir ana grupta yer alırken, diğer erik genotipleride diğer ana grupta yer almıştır.

Tunus'da kayısı yetiştiriciliği yapılan 4 farklı kültür bölgesinden alınan ve bu bölgeleri temsil eden 31 kültür çeşidiyle yapılan çalışmada aralarındaki farklılıklar AFLP markörleriyle belirlenmeye çalışılmıştır. Beş farklı EcoRI-Msel AFLP primer kombinasyonu denenmiş, 295 taranan fragmentten 203 polimorfik markör açığa çıkmış, 167 polimorfik markör üzerinden değerlendirmeler yapılmıştır. Oluşturulan dendogramda 9 kayısı kültür çeşidi bir ana grupta, 22 kayısı kültür çeşidi diğer ana grupta olmak üzere 2 ana grup saptanmış, her ana grupta 3 alt grup meydana gelmiştir. Ana gruplar ve alt gruplar kültür çeşitlerinin coğrafi orijinlerine yakın bulunmuştur (**Krichen et al., 2008**).

3. MATERYAL VE YÖNTEM

3.1. Materyal

Araştırmada materyal olarak Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölümüne ait meyve koleksiyon bahçesinde idris (*Prunus mahaleb* L.) seleksiyon parselinde bulunan Afyon (Af), Kemalpaşa (Kp), Tokat (T), Turgutlu (Tur), Manisa (Man) yörelerinden, 60 idris genotipi kullanılmıştır (Çizelge 3.1).

Çizelge 3.1. Meyve renklerine göre idris genotipleri

Genotipler	Renk	Genotipler	Renk	Genotipler	Renk
Afyon 3	Kara	K.paşa 1(4)	Kara	Tokat 9	Kara
Afyon 4	Kara	K.paşa 3(1)	Kara	Tokat 10(1)	Sarı
Afyon 5(2)	Kara	K.paşa 3(2)	Kara	Tokat 10(2)	Sarı
Afyon 6(2)	Kara	K.paşa 4	Kara	Tokat 14	Kara
Afyon 6(3)	Kara	K.paşa 6	Kara	Tokat 22(1)	Sarı
Afyon 10(1)	Kara	K.paşa 9	Kara	Tokat 22(2)	Sarı
Afyon 10(4)	Kara	K.paşa 18(1)	Kara	Tokat 28	Sarı
Afyon 10(5)	Kara	K.paşa 18(3)	Kara	Tokat 29	Sarı
Afyon 11(2)	Kara	K.paşa 20(1)	Kara	Tokat 30	Kara
Afyon 11(4)	Kara	K.paşa 20(2)	Kara	Tokat 31	Kara
Afyon 18(1)	Kara	K.paşa 29(1)	Sarı	Tokat 32(2)	Sarı
Afyon 18(2)	Kara	K.paşa 29(2)	Sarı	Tokat 33(1)	Sarı
Afyon 66(1)	Kara	K.paşa 27(3)	Kara	Tokat 33(3)	Sarı
Afyon 66(2)	Kara	Manisa 2(2)	Kara	Tokat 34(3)	Sarı
Afyon 111(4)	Kara	Manisa 2(3)	Kara	Tokat 36(2)	Sarı
Afyon 111(5)	Kara	Manisa 5(1)	Kara	Tokat 37(3)	Sarı
Afyon 111(6)	Kara	Manisa 5(2)	Kara	Tokat 43	Sarı
K. paşa 1(1)	Kara	Manisa 5(3)	Kara	Tokat 47	Sarı
K.paşa 1(2)	Kara	Manisa 9(1)	Kara	Turgutlu 3	Kara
K.paşa 1(3)	Kara	Manisa 9(3)	Kara	Turgutlu 7	Kara

3.2. Yöntem

3.2.1. Fenolojik ve pomolojik gözlemler

İdris genotiplerine ait özellikleri belirlemek amacıyla 60 farklı genotipde 2006-2008 yılları arasında fenotipik gözlemler 2005-2007 yılları arasında pomolojik gözlemler ile ölçümler yapılmıştır.

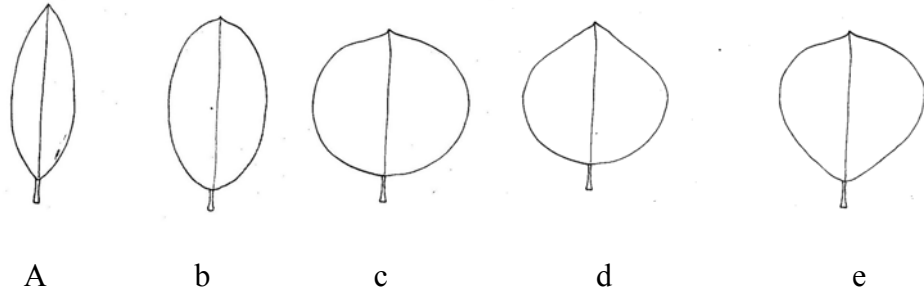
İdris genotiplerinde fenolojik gözlemler olarak ağaçlarda tomurcuk kabarması, yapraklanma başlangıcı, çiçeklenme başlangıcı, tam çiçeklenme zamanı, çiçeklenme sonu zamanları belirlenmiştir.

Meyve, çekirdek ve yaprak özelliklerini kapsayan pomolojik incelemeler yapılmış; bu özellikleri belirleyen ölçümler, ağaçların dört bir yanından Mayıs ve Haziran ayları süresince alınmıştır. Ölçümler üç tekerrürlü ve her tekerrürde 25 adet örnekte yapılmıştır.

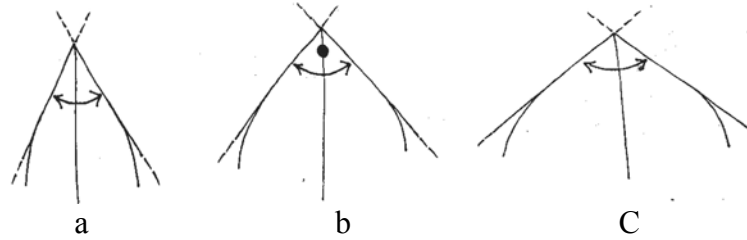
Meyvelerin olgunlaşma döneminde kabuk rengi için gözlem yapılarak koyu ve açık renkli meyvelere (sarı, koyu sarı, kırmızı, koyu kırmızı) sahip her genotipten, ağacın tamamını temsil edecek renge sahip olanlar seçilmiştir. Meyve renkleri gözle saptandıktan sonra, Konica Minolta Chroma Meter CR-400 kullanılarak ölçülmüştür. Meyve ağırlığı için, ağacın tümünü temsil edecek irilikte meyveler seçilmiş ve bu meyvelerin ağırlıkları tartılarak g/25 adet cinsinden belirlenmiştir. Meyve eninin en geniş yerinden olacak şekilde, meyve boyunun ise boynun başlangıç yeri dikkate alınarak dijital kumpas yardımı ile ölçümleri (mm) yapılmıştır. Aynı meyvelerin meyve etleri ayrılarak çekirdekleri elde edilmiştir. Çekirdek eni ve çekirdek boyu dijital kumpas yardımı ile (mm) ölçülerek, çekirdek ağırlıkları g/25 adet olarak belirlenmiştir.

Yapraklar tam büyüklüğüne ulaştığında her tipin dört bir yanından alınan yaprak örneğinde ölçümler yapılmıştır. Yaprak eni (cm), yaprak boyu (cm), yaprak sapı uzunluğu (cm), yaprak kalınlığı (mm), yaprak alanı (cm²), yaprak rengi (yaprak üst ve alt yüzey rengi) belirlenmiştir. Yaprak eni, yaprak boyu ve yaprak sapının ölçümünde cetvel, yaprak kalınlığının ölçümünde mutituyo mikrometresi (0.001 mm hassasiyette), yaprak renginin ölçümünde de yine Konica Minolta Chroma Meter CR-400 kullanılmıştır. Yaprak alanları Hewlett Packard Scanjet 3200 C tarayıcında taranmış ve FLAECHE bilgisayar programı ile cm² cinsinden hesaplanmıştır (Salman, 2000). Ayrıca *Prunus* anaçları tanımlama UPOV (The International Union for the Protection of New Varieties of Plants) kitapçığı (Anonim, 2002) kullanılarak tiplere ait yaprak özellikleri şekil 3.1, 3.2, 3.3, 3.4, 3.5, 3.6'da gösterildiği gibi belirlenmiştir.

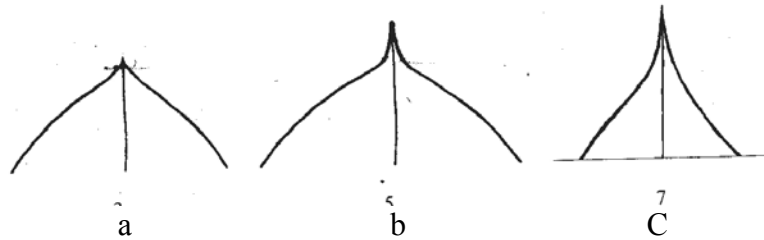
Meyve, yaprak özelliklerinden elde edilen sonuçlar ile her yıla ait Duncan testleri yapılmış ve ortalamalar arasında farklılıkların önem derecesi belirlenmiştir. Ayrıca genotip*özellikler şeklinde oluşturulan veri setinde 19 agronomik özellik kullanılarak ‘*Principal Component*’ (PC) analizi yapılmıştır (Sneath and Sokal, 1973). Elde edilen PC ekseninde yer alan özelliklerin faktör katsayıları da Walton (1971)’e göre hesaplanmıştır. Tüm istatistik analizler ve grafik çizimleri SPSS (16.0 versiyonu) paket programında yapılmıştır.



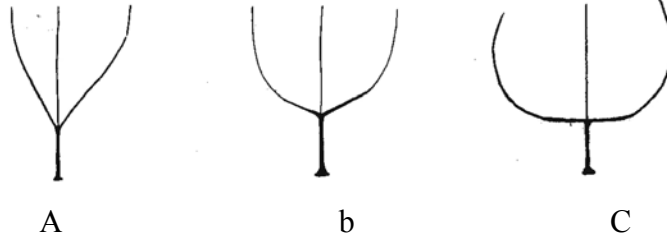
Şekil 3.1. Yaprak ayası şekli: dar eliptik (a), eliptik (b), yuvarlak (c), ovat (d), ters ovat (e)



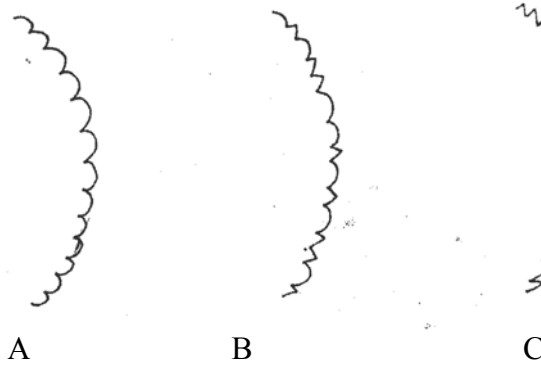
Şekil 3.2. Yaprak ayası apex şekli: dar açılı (a), dik açılı (b), geniş açılı (c)



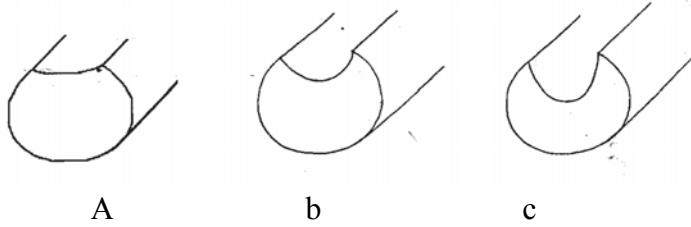
Şekil 3.3. Yaprak uç uzunluğu: kısa (a), orta (b), uzun (c)



Şekil 3.4. Yaprığın bazal kısmı: dar (a), geniş (b), küt (c)



Şekil 3.5. Yaprak kenarları kertikli (a), kertikli-testere dişli (b), testere dişli (c)



Şekil 3.6. Yaprak sapı yivi derinliği: derin olmayan (a), orta derinlikte (b), derin (c)

3.2.2. Moleküler tanımlama çalışmaları

DNA izolasyonu ve SSR analizleri E.Ü.Z.F Bahçe Bitkileri Bölümü Bitki Biyoteknolojisi laboratuvarında, AFLP analizleri ise İzmir Yüksek Teknoloji Enstitüsü Moleküler Biyoloji ve Genetik laboratuvarında gerçekleştirilmiştir

3.2.2.1. DNA izolasyonu

DNA parmak izlerini belirlemek amacıyla DNA ekstraksiyonu yapılacak genotiplerin sürgün uçlarındaki yarı açılmış genç yaprakları, Nisan ve Mayıs ayları süresince alınarak kullanılmıştır.

DNA ekstraksiyon yöntemleri olarak **Delloporta et al., (1983)**, **Lodhi et al., (1994)**, **Monte-Corvo et al., (2000)**, **Struss et al., (2001)**, **Hormoza et al., (2002)** denenmiştir. Bu denenen yöntemlerin sonucunda **Struss et al., (2001)**'in ortaya koydukları DNA ekstraksiyon yöntemi modifiye edilerek kullanılmıştır. Araştırmada kullanılan DNA izolasyon yönteminin aşamaları aşağıda verilmiştir.

♦Genç yapraklar havan içerisinde sıvı azot ile iyice öğütülür. Öğütülmüş olan yapraklardan 200 mg yaprak örneği 1.5 ml'lik eppendorf tüplere aktarılır.

♦Filtreden geçirilen 500 µl 2X CTAB ekstraksiyon bufferı (100 mM Tris-HCl pH 8.0, 20 mM EDTA pH 8.0, 1.4 M NaCl, %1 PVP Mr. 40.000, %2 CTAB, %1 β-mercapto-ethanol) eppendorf tüplere eklenerek vorteks yapılır.

♦Buz üzerinde tutulan 7 µl proteinase K eppendorflara ilave edildikten sonra eppendorflar ters düz edilir.

♦65 °C'de 30 dakika inkübe edilir.

♦500 µl kloroform-isoamil alkol (24:1) eppendorf tüplere eklenerekten vorteks yapılır.

♦+4 °C 13.000 rpm'de 10 dakika santrifüj yapılır.

♦Supernatant (üst faz) temiz bir eppendorfa aktarılır ve tekrar kloroform-isoamil alkol (24:1) eklenerek vortekslenir. +4 °C 13.000 rpm'de 10 dakika santrifüj yapılır. Bu aşama 2 kere tekrarlanır.

♦Santrifürüjden çıkarılan eppendorflardan alınan supernatanta 1 µl RNase eklenerek 37 °C'de 30 dakika inkübe edilir.

♦İnkübasyondan çıkarılan eppendorflardan alınan üst faza miktarının 1/10' u kadar 3 M NaAC eklenerekten eppendorflar ters düz edilir.

♦2.5 volüm % 100 ethanol konulur ve bir gece -20 °C'de bekletilir.

♦+4 °C 13.000 rpm'de 10 dakika santrifüj yapılır.

♦Eppendorf tüp içerisindeki çökelti (DNA=pellet) 2 kere % 70'lik 1 ml ethanolle yıkanır. Ethanol dökülerek uzaklaştırılır.

♦37 °C'de 5 dakika kurutulur.

♦Kurutulan DNA 150 µl TE (10 mM Tris-HCl pH 8.0 ve 1 mM EDTA pH 8.0) solüsyonunda çözündürülerek -20 °C'de saklanır.

İzole edilen DNA'ların kalitesini belirlemek amacı ile 4 µl'lik DNA örnekleri %1.5' lik agoroz jelde 75 V'da 45 dakika yürütülmüş ve etidyum bromid ile boyanan jel Kodak Gellogıc 200 görüntüleme sistemi ile görüntülenmiştir (Aldrich and Cullis, 1993; Boyacı, 2007). Safılıkları agoroz jelde belirlenen DNA'ların konsantrasyonları ise spektrofotometrede 260 ve 280' nm de okuma yaparak belirlenmiştir.

3.2.2.2. Mikrosatellit (SSR) markör analizleri

Bitkisel materyallerden izole edilen DNA'lar seyreltilerek sentetik olarak hazırlanmış SSR primerleri ve reaksiyon komponentleri eklenerek (Çizelge 3.2.) PTC-200 tipi 'termal cycler' (Şekil 3.7) içerisine yerleştirilmiştir.

Çizelge 3.2. PCR Çoğaltma öğeleri konsantrasyon ve miktarları

PCR Çoğaltma Öğeleri	Kullanılan Konsantrasyon	(µl)
DNA	10 ng	3
10X PCR Buffer	1x	2.5
MgCl ₂ (25 mM)	3 mM	3
dNTP (1 mM)	0.08 mM	2
Primer 1	10 pm	2
Primer 2	10 pm	2
Taq (5U/µl)	0.5 U	0.2
Su		10.3
Toplam		25



Şekil 3.7. Thermal cycler PTC-200

Daha önceki moleküler çalışmalardan (Sosinski *et al.*, 2000; Wang *et al.*, 2002; Dirlewanger *et al.*, 2002; Scheuler *et al.*, 2003, Vaughan *et al.*, 2004; Pedersen , 2006) seçilen 36 adet SSR primerleri kullanılmıştır. Bu primerlere ait bilgiler Çizelge 3.3, 3.4'de verilmiştir. PCR koşulları gerekli olması durumunda modifiye edilmiştir.

Çizelge 3.3. Mikrosatellit analiz aşamalarında kullanılan primerler ve baz dizilimleri

Primer kodu	Primer yönü	Baz dizilimleri (5' W 3')	Literatür
EMPasO1 ^A	F	CAAAATCAACAAATCTAAACC	Vaughan <i>et al.</i> 2004
	R	CAAGAATCTTCTAGCTCAAACC	
EMPasO2 ^B	F	CTACTTCCATGATTGCCTCAC	Vaughan <i>et al.</i> 2004
	R	AACATCCAGAACATCAACACAC	
EMPasO4	F	CATTGCTTAACCCTCTTGTTTC	Vaughan <i>et al.</i> 2004
	R	CATTACTCAAAAACGCCTCC	
EMPasO5	F	CATGTGCTTTCTCTGCCC	Vaughan <i>et al.</i> 2004
	R	TCTTCTCAAGCAATTCCCC	
EMPasO6B	F	AAGCGGAAAGCACAGGTAG	Vaughan <i>et al.</i> 2004
	R	TTGCTAGCATAGAAAAGAATTGTAG	
EMPasO7	F	ACCACATGATATCCGAACC	Vaughan <i>et al.</i> 2004
	R	CGTGGAAAAGTAAAAATAAACCC	
EMPas10 ^A	F	GCTAATATCAAATCCCAGCTCTC	Vaughan <i>et al.</i> 2004
	R	TGAAGAAGTATGGCTTCTGTGG	
EMPas11 ^A	F	ACCACTTTGAGGAACCTGGG	Vaughan <i>et al.</i> 2004
	R	CTGCCTGGAAGAGCAATAAC	
EMPas12 ^A	F	TGTGCTAATGCCAAAAATACC	Vaughan <i>et al.</i> 2004
	R	ACATGCATTTCAACCCACTC	
EMPas13	F	GAATTGAAGCAACCAAGCAC	Vaughan <i>et al.</i> 2004
	R	TGGCACACTCTACCTAACATT	
EMPas14 ^A	F	TCCGCCATATCACAATCAAC	Vaughan <i>et al.</i> 2004
	R	TTCCACACAAAAACCAATCC	
EMPas15	F	ACGTAAAAAGCCCTCAAACC	Vaughan <i>et al.</i> 2004
	R	TTGCTTACGCGTGACTAAC	
EMPas18	F	GGTGATTGATGAGGAATTTGG	Vaughan <i>et al.</i> 2004
	R	CCATCAACTGTCTTCTGTGTTG	
UDP96-001	F	AGTTTGATTTTCTGATGCATCC	Scheuler <i>et al.</i> 2003
	R	TGCCATAAGGACCGGTATGT	
UDP96-005	F	GTAACGCTCGCTACCACAAA	Scheuler <i>et al.</i> 2003
	R	CCTGCATATCACCACCCAG	
UDP97-403	F	CTGGCTTACAACCTCGAAGC	Scheuler <i>et al.</i> 2003
	R	CGTCGACCAACTGAGACTCA	
PceGA25	F	GCAATTTCGAGCTGTATTTCAGATG	Pedersen B.H., 2006
	R	CAGTTGGCGGCTATCATGCTTAC	
Pchpgms3	F	ACGCTATGTCCGTACACTCTCCATG	Pedersen B.H., 2006
	R	CAACCTGTGATTGCTCCTATTAAAC	
PMS3	F	TGGACTTCACTCATTTTCAGAGA	Pedersen B.H., 2006
	R	ACTGCAGAGAATTTACAACCA	
PMS49	F	TCACGAGCAAAAAGTGTCTCTG	Pedersen B.H., 2006
	R	CACTAACATCTCTCCCCTCCC	
PSO8EO8	F	CCCAATGAACAACATGCAT	Pedersen B.H., 2006
	R	CATATCAATCACTGGGATG	
pchgms12	F	CGACACTAGCTAGAAAGTTGCCTTA	Wang <i>et al.</i> 2002
	R	TCAAGCTCAAGGTACCAGCA	
pchgms14	F	GCAAAGAGTACAACAATATCTACCG	Wang <i>et al.</i> 2002
	R	GGATGGTGAAGACGATGAGG	
pchgms15	F	TGTCCCCTAGCCATGCTAAT	Wang <i>et al.</i> 2002
	R	CGGACAGTTATTTCAGGCAAT	
pchgms17	F	ATGCACTCAAGTGGCAAGC	Wang <i>et al.</i> 2002
	R	GGTTTTTGAGCAAAGATGCAC	
pchgms20	F1	AATTGCATCACAGCAAGAGC	Wang <i>et al.</i> 2002
	R1	GGGGGTTTGGTTAAGATCG	
	F2	CCCTTACCCCTTACCATT	
pchgms24	F	CAACGAGCTCCCATGACTTT	Wang <i>et al.</i> 2002
	R	ACCACCACAACCAAAACCATT	
pchgms25	F	GCCAGGAGGCTTTAACCTGT	Wang <i>et al.</i> 2002
	R	TCAGACCCCTTTTCATCATC	
PSO1HO3	F	TGAGGAGCATAATGACAGT	Sosinski <i>et al.</i> 2000
	R	TCACCATGTGTCATACT	
PSO5C03	F	AGATCTCAAAGAAGCTGA	Sosinski <i>et al.</i> 2000
	R	AGCTTATGCATATACCTG	
PS07AO2	F	CAGGGAAATAGATAAGATG	Sosinski <i>et al.</i> 2000
	R	TCTAATGGTGGTGTTCATT	
PS12AO2	F	GCCACCAATGGTTCTTCC	Sosinski <i>et al.</i> 2000
	R	AGCACCAGATGCACCTGA	
BPPCT 034	F	CTACCTGAAATAAGCAGAGCCAT	Dirlewanger <i>et al.</i> 2002
	R	CAATGGAGAATGGGGTGC	
BPPCT 038	F	TATATTGTTGGCTTCTTGCATG	Dirlewanger <i>et al.</i> 2002
	R	TGAAAGTGAAACAATGGAAGC	
BPPCT 039	F	ATTACGTACCCTAAAGCTTCTGC	Dirlewanger <i>et al.</i> 2002
	R	GATGTCATGAAGATTGGAGAGG	
BPPCT 040	F	ATGAGGACGTGTCTGAATGG	Dirlewanger <i>et al.</i> 2002
	R	AGCCAAACCCCTCTTATACG	

Çizelge 3.4. Primerlerin PCR'daki döngü koşulları

Ön denaturasyon	Denaturasyon Primer bağlanması (Touchdown) Yeni iplikçiğin yazılması	Denaturasyon Primer bağlanması Yeni iplikçiğin yazılması	Son yazılım
94 °C 15 dakika	94 °C 30 s 66-48 °C 90 s 72 °C 60 s	94 °C 30 s ¹ 48 °C 90 s 72 °C 60 s (35 döngü)	60 °C 30 dakika
94 °C 4 dakika	94 °C 1 dakika 60-50 °C 1 dakika 72 °C 1 dakika	94 °C 1 dakika 4 ² 50 °C 1 dakika 72 °C 1 dakika (30 döngü)	72 °C 5 dakika
94 °C 4 dakika	94 °C 1 dak 65-58 °C 1 dakika 72 °C 2 dakika	94 °C 1 dakika ³ 58 °C 1 dakika 72 °C 2 dakika (35 döngü)	72 °C 4 dakika
94 °C 4 dakika	94 °C 1 dakika 65-60 °C 1 dakika 72 °C 2 dakika	94 °C 1 dakika ⁴ 60 °C 1 dakika 72 °C 2 dakika (35 döngü)	72 °C 4 dakika
94 °C 4 dakika	94 °C 1 dakika 65-59 °C 1 dak 72 °C 2 dakika	94 °C 1 dakika ⁵ 59 °C 1 dakika 72 °C 2 dakika (35 döngü)	72 °C 4 dakika
94 °C 4 dakika	94 °C 45 s 60°C -50°C 30 s 72 °C 30 s	94 °C 45 s ⁶ 50°C 30 s 72 °C 30 s (32 döngü)	72 °C 5 dakika

¹EMPasO1^A, ¹EMPasO5, ¹EMPasO6B, ¹EMPas10^A, ¹EMPas12^A, ¹EMPas13, ¹EMPas14^A

¹EMPas15, ¹EMPas18

²PceGA25, ²PMS49, ²pchpgms3, ²PMS3, ²PSO8EO8

³PCHGM12, ³PCHGM15, ⁴PCHGM17, ⁴PCHGM24, ⁴PCHGM25 ⁵PCHGM20

⁶PSO5C03, ⁶PS07AO2, ⁶PS12AO2

Çizelge 3.5. Primerlerin PCR'daki döngü koşulları

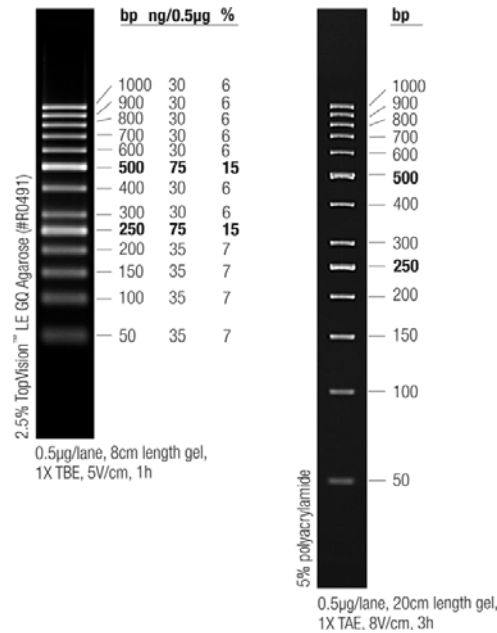
Ön denaturasyon	Denaturasyon	Primer bağlanması Yeni iplikçiğin yazılması	Yeni iplikçiğin yazılması	Son yazılım
94 °C 4 dakika	94 °C 45 s	¹ 50 °C 45 s	72 °C 30 s (35 döngü)	72 °C 5 dakika
94 °C 1 dakika	94 °C 45 s	² 57 °C 45 s	72 °C 2 dakika (35 döngü)	72 °C 4 dakika

¹UDP96-001, ¹UDP96-005, ¹UDP97-403

²BPPCT 034, ²BPPCT 038

Elde edilen PCR ürünleri % 2.25'lik metaphore/agoroz karışımı jelde 75 V'da 2.30-3 saat yürütülmüştür. Etidyum bromid ile boyanan jel Kodak Gellogıc 200 görüntüleme sistemi ile görüntülenerek jele yüklenen markör (Şekil 3.8) ile karşılaştırılmıştır. Mikrosatellit analizlerinde elde edilen bantlar, bant olma veya olmama durumlarına göre “1” veya “0” şeklinde, amplifikasyonun bulunup bulunmadığının belirlenemediği durumlarda ise “9” olarak değerlendirilerek benzerlik indeksleri oluşturulmuştur (Nei and Li, 1979).

Tipler arasındaki genetik benzerlikler ve bu benzerliklere dayalı dendogramların oluşturulması Rolf (1992) tarafından geliştirilen NTSYS (Numerical Taksonomy and Multivariarte Analysis System, Version 2.0) bilgisayar paket programı kullanılarak yapılmıştır.



Şekil 3.8. DNA markörünün (Fermantas #SM1133) agoroz ve polyakrilamid jeldeki görüntüsü

3.2.2.3. Çoğaltılmış parça uzunluğu polimorfizmi (AFLP) markör analizi

AFLP markör analizleri genotipler arasından seçilen 45 idris genotipinde yapılmış, bu genotipler Çizelge 3.6'da verilmiştir.

Çizelge 3.6. AFLP markör analizlerinde kullanılan idris genotipleri

Afyon 3	Kemalpaşa 1(2)	Tokat 9
Afyon 4	Kemalpaşa 1(3)	Tokat 10(1)
Afyon 6(2)	Kemalpaşa 1(4)	Tokat 22(1)
Afyon 6(3)	Kemalpaşa 3(1)	Tokat 22(2)
Afyon 10(1)	Kemalpaşa 3(2)	Tokat 28
Afyon 10(4)	Kemalpaşa 4	Tokat 29
Afyon 10(5)	Kemalpaşa 6	Tokat 30
Afyon 11(2)	Kemalpaşa 18(1)	Tokat 31
Afyon 11(4)	Kemalpaşa 18(3)	Tokat 32(2)
Afyon 18(2)	Kemalpaşa 20(1)	Tokat 33(1)
Afyon 66(2)	Kemalpaşa 27(3)	Tokat 34(3)
Afyon 111(4)	Kemalpaşa 29(2)	Tokat 37(3)
Afyon 111(5)	Manisa 2(3)	Tokat 43
Afyon 111(6)	Manisa 5(3)	Tokat 47
Kemalpaşa 1(1)	Manisa 9(1)	Turgutlu 3

AFLP analizlerinde kullanılacak olan DNA'ların konsantrasyonları ve saflıkları analizlerin öncesinde DNA'dan kaynaklanabilecek bir hatanın oluşmaması için tekrar spektrofotometre (nanodrop) 260 ve 280 nm'de okuma yapılarak belirlenmiştir (Şekil 3.9).

**Şekil 3.9.** DNA kalite ve kantitesinin belirlenmesinde kullanılan spektrofotometre (nanodrop)

♦Genomik DNA'nın restriksiyon enzimleriyle kesilmesi

DNA 6 nükleotidi tanımlayan *EcoRI* ve 4 nükleotidi tanımlayan *MseI* enzimleri ile kesilir. 250 ng DNA örneklerinin her biri Çizelge 3.7'de görülen bileşimlerle reaksiyona sokulmuştur.

Çizelge 3.7. Genomik DNA'nın kesilmesinde kullanılan komponentler

Bileşimin içeriği	Kullanılan miktar (1x)
5X reaksiyon buffer (core reagent kit)	5 µl
dH ₂ O	13 µl
<i>EcoRI/ MseI</i>	2 µl
DNA 50 ng/µl	5 µl

Yukarıda belirtilen şekilde reaksiyon tüpleri içerisine hazırlanan karışım 37 °C de 2 saat, 70 °C 15 dakika reaksiyona tabi tutulmuştur.

♦ Adaptörlerin ligasyonu

EcoRI ve *MseI* enzimleri ile kesilmiş DNA parçalarına, özel ve sentezlenmiş olan adaptörler bağlanır

Digest edilmiş genomik DNA	25 µl
Adaptörler	24 µl
T4 DNA ligase enzimi	1 µl
	50 µl

20 °C'de 2 saat inkübasyon yapılmıştır. Inkübasyon sonunda bu örneklerden 10 µl alınarak üzerlerine 90 µl TE tamponu ilave edilerek 1:10 oranında seyreltilmişlerdir

♦ Pre-amplifikasyon

İlk PCR reaksiyonu yapılır. İlk PCR reaksiyonunda adaptörleri ve kesim alanını tanımlayan primerler kullanılır. Kullanılan primerlere bir baz eklenerek belli DNA parçacıklarının çoğalması sağlanır.

Pre-amplifikasyon karışımı	40 µl
10XPCR reaksiyon tamponu	5 µl
Go <i>Tag</i> DNA polymerase (5 unit/µl)	1 µl
1:10 seyreltme	5 µl
	51 µl

Yukarıda belirtilen tüpler içine alınmış reaktanlar karıştırıldıktan sonra kısa santrifüj yapılmıştır. Elde edilen karışım aşağıda belirtilen şekilde programlanmış thermal cyclers cihazında (Şekil 3.10) reaksiyona tabi tutulmuştur.

94 °C 30 sn

56 °C 1 dk

72 °C 1 dk

4 °C ∞

20 döngü



Şekil 3.10. AFLP analizlerinde kullanılan Thermal cyclers cihazı (ep gradient S)

♦ Selektif AFLP amplifikasyonu

Selektif amplifikasyon aşamasında 1:50 oranında sulandırılmış pre-amplifiye DNA ile primerler reaksiyona girmişlerdir (Çizelge 3.8). AFLP analizlerinde seçilen primerler **Zhou *et al.* (2002)** tarafından kiraz genotiplerinin ayrılmasında kullanılan primerler olmuştur.

10XPCR reaksiyon tamponu	2 µl
Dilue edilmiş pre-amp DNA	5 µl
<i>Eco</i> RI primer	2.5 µl
<i>Mse</i> I primer	1.5 µl
Go <i>Tag</i> DNA polymerase (5 unit/µl)promega	0.1 µl
H ₂ O	8.9 µl
	20 µl

Çizelge 3.8. AFLP analizlerinde kullanılan primerler

FAM labeled	
<i>EcoRI</i> plus	<i>MseI</i> plus
ACT	CTA
ACT	CAA
ACG	CTA
ACC	CTC

PCR döngüsü (Touchdown)

Selektif amplifikasyon aşamasında PCR için thermal cycler cihazı aşağıdaki gibi programlanarak amplifikasyon yapılmıştır.

A.

1. 94 °C 30 sn
 2. 65 °C 30 sn
 3. 72 °C 1 dk
- 1döngü

B.

4. 94 °C 30 sn
 5. 65 °C 30 sn
 6. 72 °C 1 dk
- 12 döngü

65 °C lik primerlerin bağlanma sıcaklığı 56 °C ye düşene kadar her döngüde 0.7 °C düşülerek döngülere devam edilmiştir.

C.

1. 94 °C 30 sn
 2. 65 °C 30 sn
 3. 72 °C 1 dk
- 23 döngü

D. 4 °C ∞

Elde edilen PCR ürünü 1:2 oranında sulandırıldıktan sonra kısa bir santrifüjün ardından tekrar 1:10 oranında sulandırılmıştır (3 µl DNA+27 µl Sample loading solution+ 0.5 µl size standart kit 600). PCR ürünü tekrar karıştırılıp kısa santrifüj yapıldıktan sonra Beckman Coulter 8800 CEQ (Şekil 3.11) genetic analysis systemde genetik farklılıkları belirlenmiştir.



Şekil 3.11. Beckman Coulter 8800 CEQ

Beckman Coulter 8800 otomatik fragmant analiz sistemi ile elde edilen skorlamalar NTSYS (Numerical Taksonomy and Multivariarte Analysis System, Version 2.0) bilgisayar paket programına verilerekten bu tiplere ait dendogram elde edilmiştir.

AFLP yöntemi ile değerlendirilen bu 45 idris genotipine ait SSR yöntemi ile elde edilmiş skorlamalarıda kullanılarak SSR verilerine dayalı yeni bir dendogram elde edilmiş, her iki yöntemle elde edilen sonuçlar karşılaştırılmıştır.

AFLP ve SSR yöntemi ile elde edilen sonuçlar birlikte değerlendirilerek her iki yöneme ait olan dendogram elde edilmiş ve genotipler her iki yöntemin sonuçlarının birleştirilmesine göre de ayrılmıştır.

4. BULGULAR

4.1. Fenolojik Özellikler

Bu çalışmada incelenen 60 idris genotipine ait 2006-2008 yıllarında yapılan fenolojik gözlemler Çizelge 4.1, 4.2, 4.3’de verilmiştir.

Genotiplerin tomurcuk kabarma zamanları 2006 yılında (Çizelge 4.1) 19 Şubat tarihinde başlamış olup, en erkenci genotipler bu tarihlerde tomurcuk kabarması gözlenen T31, T30, Kp9 genotipleri olarak belirlenmiştir. Bu genotipleri Şubat sonunda tomurcuk kabarması görülen Kp1(1), T9, Man9(1), Man2(3) genotipleri takip etmişlerdir. Tomurcuk kabarmasının en son görüldüğü tarih 21 Mart olmuştur. Yapraklanma başlangıcı tüm idris genotiplerinde çiçeklenmeden önce başlamış olup, 25 Şubat ile 27 Mart tarihlerinde gerçekleşmiştir. Genotipler arasında en erken çiçeklenme başlangıcı T31, T30 ve Kp9 genotiplerinde, 1 Mart tarihinde gerçekleşmiştir. En geç çiçeklenme tarihi ise 3 Nisan olup; T33(3), T29, Kp29(1) genotiplerinde görülmüştür. Tam çiçeklenme zamanı arasında da genotipler arasında farklılıklar bulunmuş, 15 Mart ve 10 Nisan arasında gözlemlenmiştir. Çiçeklenme sonu ilk görülen genotipler T31, T30 ve Kp9 olmuş, çiçeklenme sonu zamanı 14 Nisan tarihi itibari ile en geç görülen genotipler T29, T14, T10(1), T10(2), Kp29(1) olarak belirlenmiştir.

2007 yılındaki (Çizelge 4.2) fenolojik gözlemlerde de T31, T30, T9, Kp9 genotiplerinde tomurcuk kabarması diğer genotiplere göre daha erken başlamış olup, 16 Şubat tarihinde gözlemlenmiştir. Tomurcuk kabarması en son 23 Mart tarihinde Af10(1) genotipinde gözlemlenmiştir. Yapraklanma başlangıcı 22 Şubat [T9, T31, T30, Kp9], en son yapraklanma başlangıcı tarihi ise 26 Mart [T33(3), Af10(1), Af10(4)] olarak belirlenmiştir. Çiçeklenme başlangıcı da yine aynı genotiplerde [T9, T31, T30, Kp9] en erken meydana gelmiş ve gözlemlendiği tarih 28 Şubat olmuştur. En son çiçeklenme başlangıcına sahip olan genotipler ise T33(1), Af10(1) genotipleri olup, en geç çiçeklenme başlangıcı tarihi 30 Mart olarak belirlenmiştir. Tam çiçeklenmenin görüldüğü tarihler ise genotipler arasında farklılık göstermiş ve 5 Mart bazı genotiplerde tam çiçeklenmenin görüldüğü ilk tarih olurken, 9 Nisan tam çiçeklenmenin görüldüğü son tarih olarak

belirlenmiştir. Çiçeklenme sonu zamanları ise 15 Mart ile 16 Nisan tarihleri arasında gözlemlenmiştir (Çizelge 4.2).

2008 yılında farklı yörelerden olan birçok idris genotipinin tomurcuk kabarma zamanları birbiriyle aynı zamanda başlamış olup tomurcuk kabarması dönemi 26 Şubat ile 14 Mart tarihleri arasında değişmiştir. Yapraklanma başlangıcı yine çiçeklenme başlangıcı döneminden önce gözlemlenmiş ve 1 Mart ile 19 Mart tarihleri arasında değişmiştir. Çiçeklenme başlangıcı ise popülasyondaki farklı yörelere ait birçok idris genotipinde en erken 7 Mart olarak gözlemlenmiş, 23 Mart ise en son çiçeklenme başlangıcının görüldüğü tarih olmuştur. Tam çiçeklenme zamanları 14 Mart ile 28 Mart arasında değişirken, çiçeklenme sonu zamanları 18 Mart ile 4 Nisan arasında değişmiştir (Çizelge 4.3).

Çizelge 4.1. 2006 yılına ait fenolojik gözlemler (Tomurcuk kabarması (T.K.), Yapraklanma başlangıcı (Y.B.), Çiçeklenme başlangıcı (Ç.B.), Tam çiçeklenme zamanı (T.Ç.), Çiçeklenme sonu zamanı (Ç.S.)

Genotip	T.K.	Y.B.	Ç.B.	T.Ç.	Ç.S.
Af3	10.03	21.03	24.03	03.04	05.04
Af4	01.03	07.03	15.03	24.03	31.03
Af5(2)	15.03	21.03	24.03	07.04	10.04
Af6(2)	15.03	21.03	24.03	05.04	10.04
Af6(3)	15.03	24.03	31.03	07.04	12.04
Af10(1)	15.03	21.03	29.03	07.04	12.04
Af10(4)	21.03	24.03	29.03	07.04	14.04
Af10(5)	21.03	24.03	27.03	03.04	10.04
Af11(2)	02.03	07.03	10.03	21.03	29.03
Af11(4)	07.03	15.03	21.03	27.03	03.04
Af18(1)	08.03	10.03	11.03	25.03	30.03
Af18(2)	10.03	15.03	21.03	31.03	05.04
Af66(1)	07.03	15.03	21.03	03.04	07.04
Af66(2)	07.03	18.03	21.03	31.03	05.04
Af111(4)	21.03	27.03	29.03	07.04	14.04
Af111(5)	21.03	24.03	29.03	05.04	10.04
Af111(6)	21.03	24.03	29.03	07.04	12.04
Kp1(1)	27.02	01.03	05.03	24.03	27.03
Kp1(2)	02.03	07.03	10.03	21.03	24.03
Kp1(3)	10.03	15.03	21.03	31.03	05.04
Kp1(4)	02.03	07.03	10.03	21.03	24.03
Kp3(1)	10.03	15.03	27.03	03.04	07.04
Kp3(2)	10.03	15.03	21.03	03.04	10.04
Kp4	10.03	15.03	21.03	31.03	05.04
Kp6	07.03	10.03	15.03	31.03	03.04
Kp9	19.02	25.02	01.03	21.03	24.03
Kp18(1)	07.03	15.03	15.03	29.03	05.04
Kp18(3)	10.03	15.03	21.03	31.03	07.04
Kp20(1)	07.03	15.03	21.03	31.03	05.04
Kp20(2)	07.03	15.03	21.03	31.03	05.04
Kp29(1)	15.03	24.03	03.04	10.04	14.04
Kp29(2)	15.03	24.03	29.03	07.04	12.04
Kp27(3)	04.03	07.03	10.03	27.03	31.03
Man2(2)	04.03	07.03	10.03	24.03	29.03
Man2(3)	27.02	01.03	04.03	24.03	27.03
Man5(1)	10.03	21.03	24.03	03.04	10.04
Man5(2)	15.03	24.03	24.03	05.04	10.04
Man5(3)	21.03	24.03	24.03	05.04	10.04
Man9(1)	27.02	01.03	05.03	31.03	03.04
Man9(3)	07.03	10.03	15.03	31.03	05.04
T9	28.02	02.03	07.03	15.03	21.03
T10(1)	18.03	21.03	29.03	10.04	14.04
T10(2)	15.03	21.03	24.03	07.04	14.04
T14	15.03	21.03	29.03	07.04	14.04
T22(1)	10.03	21.03	29.03	03.04	10.04
T22(2)	10.03	15.03	24.03	31.03	05.04
T28	10.03	15.03	27.03	03.04	07.04
T29	21.03	24.03	03.04	10.04	14.04
T30	19.02	25.02	01.03	15.03	22.03
T31	19.02	25.02	01.03	15.03	21.03
T32(2)	10.03	21.03	31.03	05.04	10.04
T33(1)	15.03	21.03	27.03	05.04	07.04
T33(3)	15.03	27.03	03.04	10.04	17.04
T34(3)	10.03	21.03	29.03	07.04	10.04
T36(2)	10.03	21.03	27.03	05.04	07.04
T37(3)	21.03	24.03	27.03	07.04	12.04
T43	07.03	15.03	24.03	03.04	05.04
T47	10.03	15.03	27.03	05.04	10.04
Tur3	07.03	10.03	15.03	27.03	31.03
Tur7	21.03	27.03	27.03	03.04	07.04

Çizelge 4.2. 2007 yılına ait fenolojik gözlemler (Tomurcuk kabarması (T.K.),
Yapraklanma başlangıcı (Y.B.), Çiçeklenme başlangıcı (Ç.B.),
Tam çiçeklenme zamanı (T.Ç.), Çiçeklenme sonu zamanı (Ç.S.)

Genotip	T.K.	Y.B.	Ç.B.	T.Ç.	Ç.S.
Af3	11.03	13.03	23.03	28.03	02.04
Af4	27.02	01.03	05.03	16.03	23.03
Af5(2)	16.03	23.03	26.03	04.04	09.04
Af6(2)	16.03	23.03	26.03	04.04	09.04
Af6(3)	19.03	21.03	23.03	04.04	09.04
Af10(1)	23.03	26.03	30.03	09.04	14.04
Af10(4)	19.03	26.03	28.03	07.04	16.04
Af10(5)	16.03	19.03	23.03	04.04	09.04
Af11(2)	26.02	01.03	05.03	11.03	19.03
Af11(4)	05.03	09.03	07.03	19.03	28.03
Af18(1)	05.03	09.03	11.03	15.03	23.03
Af18(2)	05.03	09.03	11.03	16.03	30.03
Af66(1)	11.03	14.03	22.03	26.03	02.04
Af66(2)	11.03	14.03	22.03	26.03	02.04
Af111(4)	21.03	23.03	30.03	09.04	16.04
Af111(5)	19.03	23.03	26.03	06.04	04.04
Af111(6)	19.03	23.03	28.03	07.04	09.04
Kp1(1)	27.02	01.03	05.03	11.03	23.03
Kp1(2)	01.03	04.03	07.03	11.03	23.03
Kp1(3)	11.03	15.03	20.03	27.03	30.03
Kp1(4)	26.02	01.03	05.03	11.03	19.03
Kp3(1)	09.03	11.03	17.03	26.03	02.04
Kp3(2)	09.03	16.03	23.03	28.03	02.04
Kp4	11.03	15.03	20.03	27.03	30.03
Kp6	05.03	09.03	11.03	19.03	30.03
Kp9	16.02	22.02	28.02	05.03	16.03
Kp18(1)	11.03	14.03	19.03	28.03	02.04
Kp18(3)	11.03	14.03	19.03	28.03	02.04
Kp20(1)	07.03	11.03	19.03	28.03	02.04
Kp20(2)	11.03	13.03	21.03	30.03	02.04
Kp29(1)	16.03	19.03	26.03	04.04	09.04
Kp29(2)	13.03	16.03	23.03	02.04	06.04
Kp27(3)	05.03	07.03	10.03	16.03	23.03
Man2(2)	01.03	03.03	07.03	11.03	23.03
Man2(3)	27.02	01.03	04.03	09.03	23.03
Man5(1)	11.03	14.03	17.03	23.03	28.03
Man5(2)	16.03	19.03	24.03	28.03	06.04
Man5(3)	16.03	19.03	21.03	26.03	02.04
Man9(1)	05.03	09.03	11.03	21.03	30.03
Man9(3)	05.03	09.03	09.03	21.03	30.03
T9	16.02	22.02	28.02	05.03	16.03
T10(1)	11.03	16.03	23.03	04.04	09.04
T10(2)	11.03	16.03	26.03	04.04	12.04
T14	11.03	16.03	23.03	04.04	09.04
T22(1)	11.03	16.03	23.03	30.03	02.04
T22(2)	11.03	16.03	23.03	02.04	04.04
T28	11.03	16.03	23.03	02.04	04.04
T29	11.03	19.03	30.03	08.03	16.03
T30	16.02	22.02	28.02	05.03	16.03
T31	16.02	22.02	28.02	05.03	15.03
T32(2)	11.03	15.03	23.03	04.04	14.04
T33(1)	19.03	26.03	30.03	06.04	14.04
T33(3)	11.03	15.03	23.03	02.04	06.04
T34(3)	11.03	15.03	23.03	02.04	09.04
T36(2)	11.03	16.03	23.03	02.04	09.04
T37(3)	11.03	16.03	28.03	04.04	13.04
T43	05.03	11.03	23.03	28.03	04.04
T47	11.03	16.03	23.03	28.03	02.04
Tur3	05.03	19.03	23.03	04.04	09.04
Tur7	11.03	21.03	26.03	04.04	12.04

Çizelge 4.3. 2008 yılına ait fenolojik gözlemler (Tomurcuk kabarması (T.K.),
Yapraklanma başlangıcı (Y.B.), Çiçeklenme başlangıcı (Ç.B.),
Tam çiçeklenme zamanı (T.Ç.), Çiçeklenme sonu zamanı (Ç.S.)

Genotip	T.K.	Y.B.	Ç.B.	T.Ç.	Ç.S.
Af3	02.03	07.03	14.03	21.03	27.03
Af4	26.02	01.03	07.03	14.03	18.03
Af5(2)	14.03	17.03	21.03	26.03	29.03
Af6(2)	14.03	17.03	21.03	26.03	31.03
Af6(3)	12.03	15.03	21.03	28.03	31.03
Af10(1)	14.03	17.03	21.03	28.03	31.03
Af10(4)	14.03	17.03	21.03	28.03	31.03
Af10(5)	10.03	14.03	17.03	23.03	29.03
Af11(2)	26.02	01.03	07.03	14.03	18.03
Af11(4)	28.02	03.03	09.03	16.03	27.03
Af18(1)	26.02	01.03	07.03	14.03	20.03
Af18(2)	02.03	07.03	14.03	17.03	20.03
Af66(1)	01.03	05.03	10.03	21.03	27.03
Af66(2)	01.03	05.03	10.03	21.03	27.03
Af111(4)	11.03	15.03	21.03	28.03	02.04
Af111(5)	14.03	17.03	21.03	28.03	04.04
Af111(6)	14.03	17.03	21.03	28.03	04.04
Kp1(1)	26.02	01.03	07.03	14.03	18.03
Kp1(2)	26.02	01.03	07.03	14.03	18.03
Kp1(3)	04.03	09.03	16.03	20.03	28.03
Kp1(4)	26.02	01.03	07.03	14.03	18.03
Kp3(1)	04.03	09.03	16.03	20.03	28.03
Kp3(2)	02.03	07.03	14.03	20.03	27.03
Kp4	02.03	07.03	14.03	20.03	27.03
Kp6	02.03	07.03	14.03	18.03	26.03
Kp9	26.02	01.03	07.03	14.03	18.03
Kp18(1)	26.02	01.03	07.03	14.03	18.03
Kp18(3)	28.02	03.03	09.03	16.03	20.03
Kp20(1)	28.02	03.03	09.03	16.03	20.03
Kp20(2)	02.03	07.03	14.03	20.03	22.03
Kp29(1)	26.02	01.03	07.03	14.03	18.03
Kp29(2)	14.03	19.03	23.03	31.03	04.04
Kp27(3)	26.02	01.03	07.03	14.03	18.03
Man2(2)	14.03	17.03	20.03	03.04	10.04
Man2(3)	26.02	01.03	07.03	14.03	18.03
Man5(1)	26.02	01.03	07.03	14.03	18.03
Man5(2)	01.03	05.03	10.03	17.03	24.03
Man5(3)	01.03	05.03	10.03	17.03	24.03
Man9(1)	01.03	05.03	10.03	17.03	24.03
Man9(3)	01.03	05.03	10.03	17.03	22.03
T9	01.03	05.03	10.03	17.03	22.03
T10(1)	26.02	01.03	07.03	14.03	18.03
T10(2)	08.03	12.03	21.03	26.03	02.04
T14	08.03	12.03	21.03	26.03	02.04
T22(1)	06.03	10.03	15.03	23.03	29.03
T22(2)	06.03	10.03	17.03	21.03	27.03
T28	06.03	10.03	17.03	21.03	27.03
T29	06.03	10.03	17.03	19.03	27.03
T30	10.03	14.03	20.03	28.03	04.04
T31	26.02	01.03	07.03	14.03	18.03
T32(2)	26.02	01.03	07.03	14.03	18.03
T33(1)	06.03	10.03	19.03	26.03	31.03
T33(3)	06.03	10.03	19.03	26.03	31.03
T34(3)	08.03	12.03	20.03	28.03	02.04
T36(2)	06.03	10.03	18.03	25.03	30.03
T37(3)	06.03	10.03	16.03	21.03	26.03
T43	10.03	14.03	20.03	26.03	01.04
T47	06.03	10.03	15.03	19.03	27.03
Tur3	06.03	10.03	17.03	19.03	27.03
Tur7	26.02	01.03	07.03	14.03	18.03

4.2. Pomolojik Özellikler

4.2.1. Meyve ve tohum özellikleri

Tüm idris genotiplerinde meyve ağırlığı, meyve eni, meyve boyu, meyve kabuk rengi, tohum ağırlığı, tohum eni, tohum boyu özellikleri 3 yıl boyunca değerlendirilmiş ve istatistiki olarak önemli bulunmuştur ($p \leq 0.05$).

Genotiplere ait ortalama adet meyve ve tohum ağırlıkları (g/25 adet) Çizelge 4.4.'de verilmiştir.

2005 yılında 6.97 g ve 7.31 g arasında değişen ortalama meyve ağırlığı (g/25 adet) değerleri ile Kp18(1), Tur7, Af111(6), Kp4 popülasyondaki en düşük meyve ağırlığına sahip olan idris genotipleri olmuşlardır. T32(2) 17.16 g/25 adet meyve ağırlığı değeri ile genotipler arasındaki en yüksek meyve ağırlığını verirken, bunu T37(3), Kp29(1), Kp3(2) genotipleri takip etmiştir. Bu genotiplerin meyve ağırlık değerleri 16.37, 16.33, 14.57 g/25 adet olarak bulunmuştur. Tohum ağırlığı değerleri ise 3.37-1.39 g/25 adet [T32(2)-T22(2)] arasında değişirken, meyve ağırlığı yüksek bulunan T32(2) genotipinin tohum ağırlığı da yüksek bulunmuştur.

2006 yılında Af111(4), T22(2), Kp20(2) genotiplerinin, 8.08-8.43 g/25 adet arasında değişen değerleri ile en düşük ortalama meyve ağırlığına sahip genotipler oldukları belirlenmiştir. T32(2) 24.39 g/25 adet ile en yüksek ortalama meyve ağırlığına sahip olurken, bu genotipi sırasıyla Tur3, T33(1), Af18(1) (19.11, 18.92, 18.24 g/25 adet) takip etmiştir. Diğer genotiplerin meyve ağırlıkları ise 8.08-18.24 g/25 adet arasında değişmiştir. İlk yıl olduğu gibi ikinci yıl da meyve ağırlığı yüksek bulunan T32(2) genotipinin tohum ağırlığı yüksek bulunurken, T33(3) genotipinin tohum ağırlığı ise düşük bulunmuştur.

2007 yılında T47, (6.41 g/25 adet), Af10(1) (6.41 g/25 adet), Af10(5) (6.92 g/25 adet), Kp18(1) (6.92 g/25 adet) genotiplerinin meyve ağırlıkları düşük olurken, T34(3) (22.80 g/25 adet) T32(2) (22.03 g/25 adet) genotipleri yüksek meyve ağırlığını vermişlerdir. Diğer genotiplerin ortalama meyve ağırlığı değerleri 7.94-18.24 g/25 adet arasında değişmiştir. İdris genotiplerinin tohum ağırlıklarına bakıldığında 4.31-1.03 g/25 adet arasında değiştiği görülmektedir. Ayrıca meyve ağırlıkları düşük bulunan T47, Af10(1), Af10(5) genotiplerinin tohum ağırlıkları da düşük bulunmuştur.

Çizelge 4.4. 2005-2007 yılları idris genotiplerine ait meyve ve tohum ağırlıkları
(g/25 adet)

Genotip	Meyve Ağırlıkları (g/25 adet)			Tohum Ağırlıkları (g/25 adet)		
	2005	2006	2007	2005	2006	2007
Af3	9.28 u-z	13.08 mn	14.35 g	2.93 bc	2.65 m-o	2.56 f
Af4	11.08 n-s	10.15 yz	14.60 g	2.32 l-p	2.82 jk	2.31 h
Af5(2)	12.82 e-j	14.25 h-k	8.71 x	2.25 p	3.04 i	1.54 l
Af6(2)	10.67 o-t	13.18 lm	13.18 ij	2.09 s	3.07 hı	3.07 c
Af6(3)	13.18 e-i	12.71 m-o	10.50 r-t	2.40 l-n	3.01 i	1.54 l
Afl0(1)	9.57 t-y	12.09 p-t	6.41 q	1.68 zx	2.44 s-u	1.03 n
Afl0(4)	9.31 t-z	11.68 r-t	10.25 s-u	2.38 l-o	2.78 j-l	1.79 k
Afl0(5)	10.93 o-s	12.06 p-t	6.92 q	1.96 t-v	2.73 k-m	1.03 n
Afl1(2)	10.02 s-v	12.86 mn	12.86 jk	2.31 n-p	2.63 m-o	2.63 f
Afl1(4)	10.28 r-u	14.38 hı	8.97 zx	2.95 bc	3.05 hı	1.54 l
Afl8(1)	12.01 j-o	18.24 c	18.24 c	2.38 l-n	3.16 g-i	3.16 c
Afl8(2)	13.18 e-i	15.25 g	15.25 ef	2.67 f-h	4.31 b	4.31 a
Af66(1)	12.86 e-j	14.38 hı	8.97 zx	2.45 j-l	2.32 u-y	1.54 l
Af66(2)	12.72 f-k	11.92 r-t	8.20 w	2.53 i-k	2.82 jk	1.28 m
Afl11(4)	10.45 p-t	8.08 q	8.97 zx	1.93 uv	2.73 k-m	1.54 l
Afl11(5)	9.10 v-z	10.87 v	8.46 xw	2.11 rs	2.58 n-r	1.28 m
Afl11(6)	7.23 w	9.84 zx	9.84 uv	1.74 y-x	2.21 yz	2.21 i
Kp1(1)	12.78 e-k	17.92 c	13.84 h	2.48 j-l	3.92 c	2.82 d
Kp1(2)	11.85 j-o	15.63 g	15.63 e	2.78 d-f	3.58 e	3.58 b
Kp1(3)	14.41 cd	16.86 e	16.86 d	2.91 bc	3.16 gh	3.17 c
Kp1(4)	9.29 u-z	8.97 w	8.97 zx	2.85 cd	1.79 w	1.79 k
Kp3(1)	8.68 y-x	11.53 tu	11.53 no	2.38 l-o	2.05 x	2.05 j
Kp3(2)	14.57 c	16.31 f	13.58 hı	2.79 de	3.48 ef	2.89 d
Kp4	7.31 w	10.99 uv	11.27 pr	2.43 k-n	2.44 s-u	2.44 g
Kp6	10.21 r-v	11.92 r-t	11.00 rs	2.09 s	2.44 st	1.79 k
Kp9	11.98 j-o	10.11 yz	14.60 g	2.64 g-i	3.58 e	2.82 d
Kp18(1)	6.97 w	11.01 uv	6.92 q	1.78 yz	2.77 j-m	1.28 m
Kp18(3)	7.54 xw	10.54 vy	10.54 r-t	2.18 p-s	2.72 k-m	2.72 e
Kp20(1)	12.66 g-k	11.62 st	9.22 y-x	2.40 l-n	2.49 p-s	1.79 k
Kp20(2)	11.46 l-p	8.43 q	10.50 r-t	2.39 l-n	2.13 zx	2.05 j
Kp29(1)	16.33 ab	12.92 mn	14.86 f-g	1.94 uv	2.21 yz	1.54 l
Kp29(2)	13.90 c-e	10.11 yz	12.30 lm	1.71 zx	2.11 zx	2.31 h
Kp27(3)	12.55 g-l	13.82 i-k	12.04 mn	2.44 k-m	3.15 g-i	2.56 f
Man2(2)	9.59 t-y	12.21 o-s	9.99 t-v	1.78 yz	2.42 s-v	1.54 l
Man2(3)	8.56 y-x	10.98 uv	11.53 op	1.82 v-z	2.26 vy	1.79 k
Man5(1)	11.45 l-p	10.19 yz	13.32 h-j	2.08 st	2.37 t-v	2.05 j
Man5(2)	12.21 h-n	12.09 p-t	10.25 s-u	2.07 st	2.61 m-p	1.79 k
Man5(3)	8.41 zx	10.54 vy	7.94 w	1.66 x	2.54 5o-s	1.28 m
Man9(1)	9.63 t-y	12.27 o-r	9.74 u-y	2.01 s-u	2.46 r-t	1.79 k
Man9(3)	11.34 m-r	12.54 n-p	11.53 no	2.49 j-l	3.22 g	2.05 j
T9	7.74 xw	13.75 j-k	13.84 h	1.55 w	3.54 e	3.58 b
T10(1)	11.65 k-o	9.37 xw	13.07 i-k	2.23 p	2.75 j-m	2.05 j
T10(2)	12.25 h-m	14.58 h	7.94 w	2.26 op	2.65 m-o	1.54 l
T14	11.00 o-s	11.69 r-t	10.25 s-u	1.85 vy	2.36 t-v	1.79 k
T22(1)	10.94 o-s	13.82 i-k	9.48 v-z	2.54 i-k	3.39 f	1.54 l
T22(2)	9.65 t-y	8.32 q	9.99 t-v	1.39 q	2.02 x	1.28 m
T28	13.42 d-g	10.21 yz	9.22 y-x	2.06 s-u	2.32 u-y	1.28 m
T29	10.04 s-v	14.29 h-j	12.81 j-l	1.56 xw	2.29 u-y	1.54 l
T30	12.08 i-o	17.82 cd	12.30 lm	2.49 j-l	3.12 g-i	2.56 f
T31	13.26 e-h	11.65 st	14.86 f-g	3.00 b	3.54 e	3.07 c
T32(2)	17.16 a	24.39 a	22.03 b	3.37 a	4.48 a	2.82 d
T33(1)	13.48 d-g	18.92 b	12.04 mn	2.57 h-j	3.79 d	1.54 l
T33(3)	11.49 l-p	10.25 yz	10.25 s-u	2.06 st	1.54 q	1.54 l
T34(3)	15.87 b	13.66 kl	22.80 a	2.87 cd	3.47 ef	2.82 d
T36(2)	13.85 c-f	13.14 lm	12.55 k-m	2.10 rs	2.48 p-t	1.79 k
T37(3)	16.37ab	17.36 de	17.17 d	2.22 pr	2.67 l-n	1.79 k
T43	14.49 cd	13.73 j-k	15.37 ef	2.32 n-p	2.87 j	2.31 h
T47	10.96 o-s	11.61 st	6.41 q	1.96 t-v	2.43 s-u	1.03 n
Tur3	12.37 g-m	19.11 b	12.04 mn	2.70 e-g	3.14 g-i	2.56 f
Tur7	7.19 w	9.37 xw	7.94 w	1.46 wq	2.13 zx	1.54 l
Ortalama	11.39	12.86	11.74	2.26	2.79	2.07

İdris genotipleri arasında yılların meyve ve tohum boyuna etkisi önemli bulunmuştur (Çizelge 4.5). 2005 yılı verilerine bakıldığında meyve boyu fazla olan genotipler 10.17 mm ile Kp1(3), bu genotipi sırasıyla 9.87 mm ile T31 ve 9.57 mm ile Kp27(3) izlemiştir. En az meyve boyuna sahip olan idris genotipi ise 6.50 mm ile Tur7 olmuştur. Tur7 genotipinden sonra en az meyve boyuna sahip olan genotipler 6.91 mm ile T14 ve 6.87 mm ile Man5(3) genotipleri olarak belirlenmiş, tohum boyu değerleri incelendiğinde ise ilk yıl Kp27(3) ve T31 idris genotiplerinin (8.86-8.89 mm) fazla bulunurken; Tur7 idris genotipinin tohum boyu değeri en az (5.48 mm) olarak belirlenmiştir. Bu genotiplerin meyve boyu değerleri de tohum boyu değerleri ile paralellik göstermiştir.

2006 yılı verilerine bakıldığında T31 genotipi (11.07 mm) ilk sırada yer almıştır. T28 genotipi ise 6.82 mm'lik meyve boyu değeri ile bu yıl içerisindeki en az değeri vermiştir. Kp3(1) (7.17 mm) ve Man5(1) (7.18 mm) genotipleride küçük meyve boylarına sahip olarak, T28 genotipini takip etmişlerdir. İdris genotiplerinin tohum boyu değerleri 9.74-5.41 mm arasında değişiklik göstermiş, Af18(2), T31, Kp27(3) genotiplerinin tohum boyları fazla olurken, T28 ve Tur7 genotiplerinin tohum boyları az bulunmuştur. Meyve boyu değerlerine bakıldığında ise T31 genotipinin meyve boyunun fazla, T28 genotipinin de meyve boyunun az olduğu belirlenmiştir.

2007 yılında Tur3 idris genotipi 10.71 mm meyve boyu ile genotipler arasındaki en fazla değeri verirken, bu genotipi Af18(1) ve Kp1(3) genotipleri takip etmiştir. En az meyve boyu değerine sahip genotip ise 5.91 mm ile Af10(1) olmuştur (Çizelge 4.5). Üçüncü yıl ikinci yılda olduğu gibi tohum boyu değeri Af18(2) idris genotipinin 9.74 mm ile en fazla olmuş, meyve boyu da az bulunan Af10(1) genotipi 5.31 mm ile en az tohum boyuna sahip idris genotipi olmuştur. Tohum boyu fazla bulunan genotiplerin meyve boylarının fazla olmadığı ama az bulunan genotiplerin meyve boylarının az bulunduğu belirlenmiştir.

Çizelge 4.5. İdris genotiplerine ait meyve ve tohum boyu değerleri (mm)

Genotip	Meyve Boyu (mm)			Tohum Boyu (mm)		
	2005	2006	2007	2005	2006	2007
Af3	7.79 p-u	8.41 m-p	8.34 j-u	7.34 j-m	6.93 n-t	6.75 e-n
Af4	9.18 c	9.96 b-d	9.72 a-f	7.76 ef	8.42 cd	7.87 b-g
Af5(2)	7.45 u-y	7.99 p-u	7.81 o-z	6.33 z	6.71 r-v	6.86 e-n
Af6(2)	8.36 h-k	8.21 n-s	8.21 j-v	6.48 yz	6.77 p-v	6.77 e-n
Af6(3)	8.32 h-l	8.30 m-r	8.17 k-v	7.12 mn	6.76 p-v	6.93 d-n
Afl0(1)	7.28 yz	7.29 xw	5.91 q	6.10 xw	6.13 yz	5.31 p
Afl0(4)	7.88 n-t	7.93 r-y	7.66 p-x	7.10 m-o	6.83 p-u	6.42 i-p
Afl0(5)	7.67 s-v	7.50 y-w	7.61 r-x	6.56 vy	6.82 p-u	6.78 e-n
Afl1(2)	8.31 h-m	9.09 f-h	9.09 d-l	7.67 f-h	7.38 j-n	7.38 b-k
Afl1(4)	8.84 c-g	9.30 e-g	9.14 d-l	7.90 de	7.54 i-l	7.78 b-h
Afl8(1)	9.00 c-f	10.54 b	10.54 ab	8.10b-d	8.19 c-f	8.19 b-d
Afl8(2)	8.92 c-g	9.71 cd	9.71 a-g	8.03cd	9.74 a	9.74 a
Af66(1)	8.89 c-g	9.20 e-g	8.02 m-y	8.03cd	8.11 c-f	7.17 c-m
Af66(2)	9.04 c-e	9.45 d-f	8.27 j-u	8.12b-d	8.01 d-h	7.68 b-j
Afl11(4)	7.89 n-t	7.54 v-w	7.57 s-x	6.81 r-u	6.78 p-v	6.50 h-p
Afl11(5)	7.72 s-v	7.70 t-x	7.09 y-w	6.70 t-y	6.50 t-y	6.37 j-p
Afl11(6)	7.61 s-y	7.58 u-w	7.59 s-x	6.86 p-u	6.55 s-y	6.55 g-p
Kp1(1)	9.17 c	10.09 bc	8.67 g-r	7.56 f-j	8.07 d-g	7.53 b-k
Kp1(2)	8.77 d-g	9.25 e-g	9.25 c-j	7.91 de	7.85 f-j	7.84 b-g
Kp1(3)	10.17 a	10.25 b	10.25 a-c	8.26 b	7.91 e-i	7.90 b-f
Kp1(4)	8.26 j-n	7.72 t-x	7.72 p-x	7.42 h-j	6.99 m-t	6.99 d-m
Kp3(1)	7.36 v-z	7.17 wq	7.17 v-w	6.67u-y	6.31 v-z	6.30 k-p
Kp3(2)	8.58 g-j	8.73 h-m	7.85 n-y	6.99m-r	6.81 p-u	6.44 i-p
Kp4	7.06 z-w	7.86 s-z	7.86 n-y	6.48 yz	6.76 p-v	6.76 e-n
Kp6	8.28 i-m	9.01 g-j	8.26 j-u	7.49 g-j	7.22 k-r	6.87 e-n
Kp9	8.08 k-r	9.68 de	8.94 f-n	7.45 h-j	7.64 g-k	7.38 b-k
Kp18(1)	7.92 m-t	8.63 i-n	7.10 y-w	6.92n-s	7.25 k-p	6.50 h-p
Kp18(3)	7.61 s-y	8.57 k-n	8.58 h-s	6.99m-r	7.14 l-r	7.14 c-m
Kp20(1)	8.91 c-g	8.48 l-o	7.61 r-x	7.50 g-j	7.17 k-r	6.85 e-n
Kp20(2)	7.83 o-u	9.59 de	8.41 i-t	7.69 fg	7.08 l-r	6.82 e-n
Kp29(1)	8.22 j-o	8.61 j-n	8.76 f-p	6.90 o-t	6.56 s-y	6.60 f-o
Kp29(2)	8.67 e-h	7.68 t-x	8.08 l-y	7.13 l-n	6.85 o-u	6.82 e-n
Kp27(3)	9.57 b	9.95 b-d	9.08 e-m	8.86 a	8.55 c	8.21 b-d
Man2(2)	8.20 k-o	9.05 f-i	8.70 f-p	7.18k-m	7.48 i-m	7.08 d-m
Man2(3)	8.82 c-g	8.91 g-l	8.91 f-n	7.38i-k	7.54 i-l	7.47 b-k
Man5(1)	7.81 p-u	7.18 wq	7.87 n-y	6.58vy	6.23 yz	6.61 f-o
Man5(2)	7.77 r-u	7.71 t-x	7.45 t-x	6.66u-y	6.42 u-z	6.26 k-p
Man5(3)	6.87 w	7.37 xw	6.70 x-q	6.06w	6.36 u-z	5.90 m-p
Man9(1)	7.77 p-u	8.91 g-l	7.87 n-y	7.36 j-m	7.43 i-n	6.80 e-n
Man9(3)	8.69 e-h	9.54 de	8.65 h-s	7.91 de	8.34 c-e	7.25 b-l
T9	7.27 y-x	9.18 e-g	9.18 d-k	6.72 s-v	8.23 c-f	8.23 b-d
T10(1)	8.07 l-s	7.44 z-w	8.29 j-u	7.35 j-m	7.04 m-s	7.08 d-m
T10(2)	8.16 k-p	8.48 l-o	8.07 l-y	7.44 h-j	7.03 m-s	7.16 c-m
T14	6.91 w	7.40 xw	7.19 v-w	6.01 w	6.18 yz	5.99 l-p
T22(1)	7.77 r-u	8.02 p-t	10.14 a-d	7.15 l-n	7.18 k-r	7.43 b-k
T22(2)	7.03 z-w	7.49 z-w	7.80 o-z	6.27 zx	6.85 o-u	6.67 f-n
T28	6.87 w	6.82 q	7.32 u-x	6.05 w	5.41 x	8.45 bc
T29	7.36 v-z	8.52 l-o	8.52 h-t	6.74 s-v	7.17 k-r	6.71 e-n
T30	8.69 e-h	10.12 b	8.82 f-o	7.60 f-i	8.34 c-e	7.50 b-k
T31	9.87 ab	11.07 a	10.06 a-e	8.89 a	9.18 b	8.52 b
T32(2)	8.83 c-g	10.00 bc	10.02 a-e	8.24 bc	8.02 d-h	8.02 b-e
T33(1)	8.16 k-p	9.24 e-g	8.39 i-u	7.49 g-j	7.44 i-m	7.27 b-l
T33(3)	7.74 r-u	7.72 t-x	7.73 p-x	6.93 n-s	6.73 r-v	6.73 e-n
T34(3)	8.65 f-i	8.41 m-p	9.55 b-h	7.64 f-h	7.33 k-o	7.72 b-i
T36(2)	7.93 l-t	8.22 n-s	8.41 i-t	7.40 i-k	7.14 l-r	7.16 c-m
T37(3)	8.60 g-j	8.97 g-kl	9.44 c-i	7.94 de	7.56 h-l	7.49 b-k
T43	7.84 o-u	8.11 o-t	8.86 f-o	7.05 m-p	7.24 k-p	7.02 d-m
T47	7.25 y-x	7.95 r-v	6.31 wq	6.31 z	6.16 yz	5.38 op
Tur3	9.09 cd	10.25 b	10.71 a	8.31b	8.41 cd	7.68 b-j
Tur7	6.50 q	7.53 v-w	6.77 z-q	5.48 q	5.99 z	5.65 n-p
Ortalama	8.15	8.59	8.36	7.22	7.25	7.09

2005 yılı meyve eni verilerine bakıldığında, Kp1(3) ile Kp3(2) genotiplerinin meyve enleri geniş bulunmuş ve istatistiki olarak aynı grupta yer almışlardır. Bu genotipleri, T32(2) ve Af5(2) genotipleri takip etmiştir. Kp1(2), T9, Tur7 (6.20-6.38 mm) en dar meyve enine sahip olan idris genotipleri olmuşlardır (Çizelge 4.6). Tohum eni değerleri 5.46-4.11 mm [(Kp3(2)- Kp18(1))] arasında değişmiştir. Meyve eni geniş bulunan Kp3(2) ve T32(2) genotiplerinin tohum enleri de geniş bulunmuştur. T34(3) ve Kp1(1) genotiplerinin de meyve eni ve tohum enleri geniş bulunmuştur. Bununla birlikte meyve eni geniş olan Kp1(3) ve Af5(2) genotiplerinin tohum enlerinin dar olduğu belirlenmiştir. Meyve enleri dar, tohum enleri geniş bulunan genotipler popülasyonda mevcut olup, T22(1) ve Af11(4) genotipleri bu yönde eğilim göstermişlerdir. Meyve enleri dar bulunan Kp1(2) ve T9 genotiplerinin tohum enleri de buna paralel olarak dar bulunmuştur.

2006 yılında ise T33(1) 10 mm ile en geniş meyve eni değerini verirken, bu genotipi sırasıyla Kp1(3), T32(2), Kp1(1) (9.71, 9.69, 9.68 mm) genotipleri takip etmiştir. Kp1(4) genotipi 6.67 mm değeri ile en dar meyve enine sahip olmuştur (Çizelge 4.6). İdris genotiplerinin tohum eni değerleri 7.29-4.50 mm [Kp1(1)- Kp6(1)] arasında değişirken, meyve eni ve tohum eni değerleri birlikte incelendiğinde Kp1(1) genotipinin meyve eni ve tohum eninin geniş olduğu saptanmıştır. T33(1), T32(2) genotiplerinin meyve enlerinin geniş bulunmasına rağmen tohum enlerinin dar olduğu görülmüştür. Meyve eni dar bulunan genotiplerin ise [Kp1(4), T22(2)], tohum enleri ortalama bir değere sahip olmuştur.

T32(2) 10.69 mm'lik değeri ile 2007 yılında en fazla meyve eni değerine sahip olmuş, T34(3) ise bu genotipi takip etmiştir. Kp18(1) 5.90 mm'lik değeri ile en az meyve eni değerini verirken, bu genotipi 6.38-6.67 mm arasında değişen değerleri ile Af10(1), T47, Kp1(4), Af66(1) genotipleri takip etmiştir (Çizelge 4.6). Tohum eni değerleri ise 6.26-3.92 mm [Af18(2)-Af66(1)] arasında değişmiştir. T32(2) ve T34 (3) genotiplerinin meyve eni ve tohum eni değerleri fazla bulunmuştur. Kp18(1), Af10(1), Af66(1), T47 genotiplerinin meyve enleri ve tohum enlerinin dar olduğu belirlenmiştir.

Çizelge 4.6. İdris genotiplerine ait meyve eni ve tohum eni değerleri (mm)

Genotip	Meyve Eni (mm)			Tohum Eni (mm)		
	2005	2006	2007	2005	2006	2007
Af3	7.17 k-s	9.15 c-g	9.00 d-f	5.38 ab	5.86 c-k	5.52 e-k
Af4	7.98 b-e	8.81 f-j	7.99 h-n	4.58 st	5.98 b-h	5.69 d-g
Af5(2)	8.17 bc	8.89 e-i	8.05 h-n	4.84 h-m	6.1 b-h	5.03 m-t
Af6(2)	8.03 b-d	8.80 f-j	8.80 d-g	4.71 n-r	5.78 c-m	5.79 b-f
Af6(3)	7.87 c-f	7.99 m-s	7.51 m-t	4.95 e-h	4.94 uv	4.83 p-u
Afl0(1)	7.41 i-n	8.05 l-s	6.38 yz	4.66 n-t	5.67 e-p	4.69 t-v
Afl0(4)	6.97 p-u	7.76 o-v	7.54 l-t	4.83 h-n	4.93 uv	5.28 i-n
Afl0(5)	7.55 f-k	8.18 l-o	7.21 o-v	4.62 p-t	5.86 c-k	5.53 e-j
Afl1(2)	6.97 p-u	8.46 j-l	8.46 f-i	4.79 i-n	5.67 f-p	5.67 d-h
Afl1(4)	7.52 f-l	8.74 g-j	8.01 h-n	5.24 c	5.95 b-j	4.84 o-u
Afl8(1)	7.38 i-o	9.27 c-e	9.27 c-e	4.38 vy	5.98 b-h	5.99 a-d
Afl8(2)	7.94 c-e	8.78 g-j	8.78 d-g	4.89 f-j	6.26 b-d	6.26 a
Af66(1)	7.51 f-l	7.13 z-w	6.67 vy	4.60 r-t	5.22 o-u	3.92 w
Af66(2)	7.70 d-i	7.41 v-x	6.83 t-y	4.68 n-s	5.37 k-u	4.03 xw
Afl11(4)	7.48 g-l	7.08 xw	7.14 p-v	4.55 s-u	5.71 e-o	4.79 r-u
Afl11(5)	7.31 j-p	7.94 m-t	6.75 u-y	4.77 j-o	5.96 b-i	5.21 j-n
Afl11(6)	6.83 s-u	7.22 z-w	7.22 o-v	4.60 r-t	4.50 v	4.50 u-z
Kp1(1)	8.09 bc	9.68 ab	7.73 i-r	5.08 d	7.29 a	5.87 b-e
Kp1(2)	6.20 x	8.64 i-k	8.64 e-h	4.87 g-k	6.05 b-f	6.05 a-c
Kp1(3)	8.54 a	9.71 ab	9.71 bc	5.01 de	5.89 c-l	5.83 b-e
Kp1(4)	7.02 o-t	6.67 q	6.67 vy	4.77 i-n	5.32 l-u	5.32 h-m
Kp3(1)	7.26 j-r	7.47 u-x	7.47 n-u	5.31 bc	5.62 f-r	5.62 e-i
Kp3(2)	8.53 a	9.37 bc	8.70 d-h	5.46 a	6.38 b	6.04 a-c
Kp4	6.99 p-t	8.06 l-r	8.06 h-n	4.85 g-l	5.65 f-p	5.65 d-h
Kp6	6.92 r-u	7.25 y-w	7.43 n-u	4.35 v-z	5.17 p-u	4.95 n-t
Kp9	7.19 k-s	9.20 c-f	7.68 j-r	4.84 h-n	6.24 b-d	4.57 u-y
Kp18(1)	6.44 v-x	7.17 z-w	5.90 z	4.11 q	5.44 i-u	4.43 v-z
Kp18(3)	6.75 t-v	7.19 z-w	7.19 o-v	4.36 vy	5.24 n-u	5.25 j-n
Kp20(1)	8.00 b-d	7.92 m-t	6.77 u-y	4.57 st	5.59 f-s	5.06 m-r
Kp20(2)	7.22 k-r	7.52 t-z	7.74 i-r	4.57 s-u	5.53 f-s	5.05 m-r
Kp29(1)	7.86 c-f	8.19 l-n	8.04 h-n	4.54 tu	5.42 j-u	4.30 y-x
Kp29(2)	8.06 b-d	7.51 t-z	7.82 i-r	4.22 x-q	5.27 m-u	5.19 j-o
Kp27(3)	7.42 i-n	7.92 m-t	7.38 n-v	4.56 s-u	5.59 fs	5.32 h-m
Man2(2)	7.27 j-r	7.65 r-y	7.44 n-u	4.43 uv	5.16 p-u	4.84 o-u
Man2(3)	6.89 r-u	7.63 s-y	7.22 o-v	4.39 vy	5.16 p-u	5.21 j-n
Man5(1)	8.10 bc	7.80 n-v	8.23 g-m	4.89 f-j	5.61 f-s	5.75 c-f
Man5(2)	7.85 c-g	8.29 k-m	7.82 i-r	4.82 i-n	5.76 d-n	5.35 g-m
Man5(3)	6.96 p-u	7.86 n-u	6.87 s-y	4.30 y-x	5.66 f-p	4.70 s-v
Man9(1)	6.75 t-v	7.26 y-w	6.83 t-y	4.37 vy	5.21 o-u	4.70 s-v
Man9(3)	6.60 u-z	8.01 m-s	7.59 k-s	4.81 i-n	5.83 c-l	5.16 k-p
T9	6.29 zx	7.83 n-u	7.81 i-r	4.24 z-w	5.86 b-k	5.86 b-e
T10(1)	6.91 r-u	7.12 z-w	8.33 f-k	4.61 p-t	5.52 g-s	5.39 g-m
T10(2)	7.48 h-l	9.10 c-h	7.10 r-y	4.73 m-p	5.49 h-t	4.54 u-y
T14	7.62 e-j	8.62 i-k	7.87 i-p	4.74 l-p	5.61 f-s	5.39 g-m
T22(1)	7.05 n-t	8.43 j-l	8.28 g-l	5.22 c	6.28 bc	5.07 m-r
T22(2)	6.69 t-y	6.90 wq	6.93 s-y	4.14 wq	4.99 tu	4.58 u-y
T28	7.85 c-h	8.05 l-s	8.26 g-l	4.97 d-g	5.49 h-t	4.57 u-y
T29	6.45 v-x	8.35 j-m	8.35 f-j	4.21 x-q	5.08 s-u	5.25 j-n
T30	7.27 j-r	8.88 e-i	7.75 i-r	4.76 k-o	5.89 b-k	5.66 d-h
T31	7.07 m-t	9.01 c-i	7.90 i-o	4.90 e-i	6.04 b-g	5.98 a-d
T32(2)	8.33 ab	9.69 ab	10.69 a	5.44 a	5.54 f-s	6.10 a-c
T33(1)	7.46 i-m	10.00 a	8.03 h-n	5.00 d-f	5.33 l-u	5.25 j-n
T33(3)	7.38 i-o	7.70 p-v	7.70 j-r	4.47 t-v	5.09 r-u	5.10 l-r
T34(3)	8.13 bc	8.68 h-k	10.26 ab	5.30 bc	6.19 b-e	6.13 ab
T36(2)	7.15 l-s	8.61 i-k	8.29 f-k	4.45 uv	5.28 m-u	5.18 j-p
T37(3)	7.63 e-j	9.33 b-d	9.37 cd	4.98 d-g	6.31 bc	5.24 j-n
T43	7.16 l-s	8.31 k-m	9.24 c-e	4.84 h-m	5.67 e-p	5.45 f-l
T47	6.77 t-v	8.93 d-i	6.66 vy	4.65 o-t	4.49 v	4.18 z-w
Tur3	6.97 p-u	8.97 c-i	7.89 i-p	4.80 i-n	5.99 b-h	4.41 v-z
Tur7	6.38 y-x	8.11 l-p	6.89 s-y	4.16 wq	5.53 f-s	5.04 m-s
Ortalama	7.35	8.24	7.84	4.72	5.62	5.20

İdris meyvelerinin meyve kabuk renkleri kırmızı, sarı, turuncu ve bu renklerin karışımları olabilir. Çalışmada incelenen idris genotiplerinin meyve renkleri de bu renk aralığında değişmiş; kırmızı ve tonları kara, sarı ve tonları sarı olarak adlandırılmıştır (Şekil 4.1). İdris genotiplerine ait meyve kroma (C^*), hue açısı (hue°) ve L^* renk değerleri istatistiksel olarak ($p \leq 0.05$) farklılıklar göstermiştir (Çizelge 4.7).

İdris genotiplerinin meyve renginin canlılık ve matlılığını gösteren (C^*) değeri her 3 yılda da sarı idris genotiplerinde yüksek, kara idris genotiplerinde düşük bulunmuştur. 2005 yılında kabuk renginin C^* değerleri sarı idris genotiplerinde 38.85-27.98, kara idris genotiplerinde ise 16.98-6.43 aralığında değişmiştir.

2006 yılında sarı idrislerden T22(1) genotipi en yüksek kroma değerini (50.66) verirken, bu genotipi T34(3) genotipi (46.95) izlemiştir. Kara idris olan Af10(5) ise (4.92) ile en düşük değere sahip olmuştur.

2007 yılında ise C^* değeri sarı idris olan T33(3) genotipinde en yüksek (42.48) iken, kara idris Af11(2) (6.96) genotipi en düşük olmuştur. Diğer genotiplerin C^* değerleri ise 41.98-7.10 arasında bir değişim göstermiştir.



Şekil 4.1. Sarı ve kara idris

İdris genotiplerinin meyve kabuk renginin hue° değerleri incelendiğinde; sarı idris genotiplerinin hue° değerleri kara idris genotiplerine göre belirgin şekilde daha yüksek olduğu belirlenmiştir.

Sarı idris genotiplerinin 2005 yılında meyve hue° değerleri 70.13 ile 38.38 arasında bir değişim gösterirken, kara idris genotipleri ise 28.07-4.63 arasında bir değişim göstermiştir.

2006 yılında sarı idris genotiplerinin hue° değeri 87.68 ile 50.36 arasında değişirken, kara idrislerin 29.94 değerinin altında olup ortalama 14.73 olarak bulunmuştur.

2007 yılında sarı idris genotiplerinin hue° değerleri 2006 yılına benzer olup 86.76 ile 56.36 arasında değişirken, kara idris genotiplerinin hue° değeri 31.16 ile 8.42 arasında değişmiştir.

Sarı idris genotiplerinin hue° değerinin genel olarak 45 değerinden yüksek olması (ortalama 65.03) meyve renginde sarı renk tonunun baskın olduğunu, kara idris genotiplerinde hue° değerinin genellikle 10 ile 20 arasında değişmiş olması kırmızı renk tonunun baskın olduğunu göstermektedir. Kara idris genotiplerinde C* ve L* renk değerlerinin daha düşük (>15-20) olması koyu, mat bir görünümün olduğunu göstermektedir. Sarı idris genotiplerinde C* ve L* değerinin yüksek olması hue° değeri ile uyumludur.

2005 yılında hue değerleri 76.20 ile 4.63 [T34(3)-Kp20(2)] arasında değişmiştir.

2006 yılında T22(1) ve T33(3) genotiplerinin hue değerleri (87.68-86.76) yüksek olurken, Man5(3) genotipinin (7.47) genotipinin hue değeri en düşük bulunmuştur.

2007 yılında T33(1) (86.36) ve T33(3) (86.76) genotiplerinin meyve hue değerleri yüksek olurken, Man5(3) (8.42) en düşük olmuştur.

Açıklık-koyuluğu ifade eden L* değeri idris genotiplerine göre farklılık göstermiştir. Sarı idris genotiplerinin L* değerinin kara idrise göre tüm yıllarda daha yüksek bulunması bu idris genotiplerinin meyvelerinin daha açık bir renge sahip olduğunu göstermiştir (Çizelge 4.7). Birinci yıl T34(3) genotipi en açık rengi (40.71) verirken, bunu Kp29(1) genotipi takip etmiştir. Diğer genotipler, meyvenin açıklık-koyuluğunu ifade eden L* değeri bakımından oldukça farklılık göstermiş olup, 11.16-32.04 arasında bir değişim göstermiştir. 2006 yılında T22(1) (52.71) ve T34(3) (50.84) en açık renk değerlerini vermişlerdir. Tur3 genotipi ise (12.78) en koyu rengi vermiştir. 2007 yılı meyve L* değerleri incelendiğinde T33(3) genotipi (49.99) en yüksek L* değeri ile en açık renge sahip olmuş, bu genotipi T33(1) (44.85) izlemiştir. Kp1(2) (13.67) değeri ile en koyu rengi vermiştir. (Çizelge 4.7)

Çizelge 4.7. 2005-2007 yılları idris genotiplerine ait meyve kroma, hue, L değerleri

Genotip	2005			2006			2007		
	Chr	Hue	L	Chr	Hue	L	Chr	Hue	L
Af3	12.41 h-o	12.49 n-u	15.28 hi	7.89 y-x	18.32 j	15.17 y-x	15.52 n	20.77 o	17.44 rs
Af4	8.55 l-s	11.43 o-u	12.81 i	8.82 vy	14.33 n	14.99 zx	14.35 o	18.78 p	16.79 s-u
Af5(2)	12.03 h-p	11.95 n-u	14.26 i	10.60 r-t	13.24 r	13.72 wq	18.70 l	25.69 n	19.14 op
Af6(2)	12.75 g-n	10.27 o-v	14.18 i	12.21 op	13.52 p	15.99 t-z	12.21 st	13.52 v	16.00 t-z
Af6(3)	15.14 g-i	17.12 k-o	15.58 hi	12.62 o	15.64 m	13.13 q	21.80 j	26.95 m	20.33 mn
Af10(1)	10.36 j-s	13.98 k-t	14.01 i	11.12 r	13.05 r	14.85 z-w	7.96 xw	16.38 s	24.14 l
Af10(4)	13.10 gm	28.07 j	20.23 gh	13.96 n	18.32 j	17.36 rs	11.83 tu	16.41 s	15.96 u-z
Af10(5)	9.76 j-s	8.03 s-v	12.85 i	4.92 q	11.54 t	14.85 z-w	13.29 pr	17.41 r	18.17 pr
Af11(2)	6.75 rs	12.64 m-u	14.98i	6.96 xw	9.92 y	15.16 y-x	6.96 q	9.92 w	15.16 zx
Af11(4)	13.09 g-l	12.16 n-u	15.24 hi	10.68 rs	10.95 v	18.75 o-r	15.06 no	22.99 n	16.01 t-z
Af18(1)	10.66 i-s	6.77 uv	11.36i	13.01 o	12.28 s	19.04 op	13.01 p-s	12.28 y	19.04 op
Af18(2)	8.58 l-s	7.27 t-v	12.21i	9.22 u-y	11.73 t	15.34 v-z	9.22 yz	11.73 z	15.34 yz
Af66(1)	6.58 rs	7.06 t-v	11.61 i	9.92 s-u	15.46 m	15.28 v-z	14.97 no	17.94 r	16.70 s-u
Af66(2)	9.57 j-s	11.00 o-v	13.19 i	6.80 xw	8.31 w	12.94 q	10.98 uv	14.49 u	16.65 s-v
Af111(4)	12.86 g-m	13.31 k-u	12.13 i	20.29 j	22.58 i	19.03 o-r	12.15 st	15.45 t	16.69 s-u
Af111(5)	12.08 h-p	16.00 k-r	12.85 i	13.98 n	15.17 m	14.01 x-q	7.10 wq	14.88 u	19.10 op
Af111(6)	15.87 gh	19.25 k-m	15.03 i	9.75 s-v	13.00 r	15.85 t-z	9.75 y	13.00 v	15.85 u-z
Kp1(1)	13.33 g-k	12.91 l-u	11.94 i	17.98 k	16.52 l	18.80 o-r	16.62 m	16.08 s	20.85 m
Kp1(2)	9.17 j-s	6.52 uv	12.81 i	14.38 mn	14.44 n	16.82 st	15.21 no	19.57 o	13.92 wq
Kp1(3)	16.34 gh	16.70 k-p	12.00 i	12.55 o	15.39 m	13.67 wq	12.55 r-t	15.39 t	13.67 q
Kp1(4)	8.71 k-s	11.81 n-u	12.19 i	14.40 mn	18.46 j	19.48 op	14.40 o	18.46 p	19.48 no
Kp3(1)	9.46 j-s	13.18 k-u	13.66 i	11.13 r	14.66 n	15.56 u-z	11.13 uv	14.66 u	15.56 u-z
Kp3(2)	9.66 j-s	9.29 r-v	13.36 i	11.08 r	13.92 o	15.55 u-z	11.08 uv	13.92 v	15.55 u-z
Kp4	9.29 j-s	10.21 p-v	13.44 i	10.19 r-u	11.25 u	18.68 pr	10.19 vy	11.25 z	18.68 op
Kp6	8.19 m-s	8.53 s-v	11.92 i	8.63 v-z	10.67 v	19.92 n-o	12.22 st	16.96 r	15.47 v-z
Kp9	8.78 k-s	7.83 s-v	11.58 i	7.73 zx	16.49 l	14.76 z-w	19.87 k	31.16 l	19.51 no
Kp18(1)	8.80 k-s	11.88 n-u	12.64 i	7.22 xw	9.40 z	18.46 pr	13.79 op	19.00 p	15.29 y-x
Kp18(3)	7.78 o-s	10.77 o-v	13.58 i	9.63 t-v	23.32 i	18.87 o-r	9.63 y	23.32 n	18.88 op
Kp20(1)	9.53 j-s	9.74 r-v	11.77 i	8.46 yz	14.02 o	16.41 s-y	7.75 x-q	12.36 y	16.97 s-u
Kp20(2)	9.03 j-s	4.63 v	11.49 i	11.52 pr	20.31 i	18.63 pr	13.22 pr	17.13 r	14.92 z-w
Kp29(1)	34.73 bc	51.94 ef	33.45 b	44.10 c	84.87 b	49.73 c	31.08 i	66.98 e	35.83 h
Kp29(2)	33.36 b-d	51.53 e-g	31.22 b-d	42.19 de	80.45 d	43.81 f	36.91 d	80.77 b	40.93 e
Kp27(3)	7.94 o-s	7.44 t-v	13.37 i	7.75 zx	8.98 x	15.82 t-z	16.97 m	20.10 o	15.49 v-z
Man2(2)	13.23 g-l	12.91 l-u	12.35 i	11.14 r	13.95 o	15.63 t-z	16.54 m	24.25 n	18.16 pr
Man2(3)	13.68 g-j	11.98 n-u	16.43 hi	10.55 r-t	14.63 n	20.88 n	10.34 vy	13.35 v	19.04 op
Man5(1)	8.05 n-s	19.48 kl	15.71 hi	15.66 l	18.78 j	15.65 t-z	12.56 r-t	18.60 p	15.22 zx
Man5(2)	9.14 j-s	18.43 k-n	14.54 i	17.11 k	17.53 k	18.99 o-r	10.26 vy	16.35 s	14.21 x-q
Man5(3)	8.31 m-s	14.45 k-s	13.92 i	15.20 lm	18.43 j	16.49 s-v	7.60 x-q	14.52 u	16.66 s-v
Man9(1)	11.18 i-r	9.70 r-v	13.86 i	6.63 w	7.47 q	15.31 v-z	7.28 wq	8.42 q	17.18 r-t
Man9(3)	6.43 s	7.71 s-v	11.16 i	7.55 z-w	12.15 s	16.86 st	11.47 tu	10.71 x	19.06 op
T9	8.21 m-s	12.48 n-u	11.87 i	17.99 k	29.94 h	25.98 m	13.37 pr	25.31 n	20.60 m
T10(1)	37.41 ab	47.96 e-h	30.24 b-e	40.64 f	76.21 e	42.51 g	34.43 ef	56.36 i	32.05 ij
T10(2)	31.79 c-e	45.36 gh	27.98 c-f	43.54 c	52.51 g	40.97 h	33.99 fg	64.08 f	35.67 h
T14	16.98 f	19.70 k	14.28 i	15.08 lm	18.14 j	16.74 s-u	15.08 no	18.14 r	16.73 s-u
T22(1)	34.45 bc	70.13 b	31.89 bc	50.66 a	87.68 a	52.71 a	38.76 c	79.80 b	42.07 cd
T22(2)	33.14 b-d	39.11 i	25.42 ef	41.30 ef	82.83 c	45.42 e	34.39 ef	43.59 k	31.11 j
T28	31.24 c-e	42.79 hi	26.03 ef	40.56 f	74.57 e	47.01 d	32.71 h	62.92 g	38.34 g
T29	33.20 b-d	45.80 f-h	25.23 ef	37.23 g	73.76 e	39.32 i	32.87 h	47.83 j	28.88 k
T30	11.77 h-p	13.89 k-t	12.36 i	11.48 pr	15.47 m	18.15 r	16.80 m	21.96 n	16.31 s-z
T31	14.97 g-i	13.91 k-t	13.34 i	9.57 t-v	10.61 v	18.45 pr	8.52 zx	11.86 z	16.45 s-y
T32(2)	29.51 de	62.66 c	27.52 c-f	30.10 i	69.33 f	34.44 k	37.49 d	70.19 e	41.09 de
T33(1)	29.85 de	53.53 de	26.57 d-f	31.78 h	68.97 f	36.25 j	41.98 ab	86.36 a	44.86 b
T33(3)	31.18 c-e	48.22 e-h	27.44 c-f	42.48 d	86.76 a	49.99 bc	42.48 a	86.76 a	50.00 a
T34(3)	38.85 a	76.20 a	40.71 a	46.95 b	85.78 b	50.84 b	34.03 fg	77.21 c	36.43 h
T36(2)	29.04 de	38.38 i	23.30 fg	36.39 g	75.75 e	40.23 hi	33.22 gh	59.14 h	32.71 i
T37(3)	32.11 c-e	57.94 cd	32.04 bc	40.68 f	80.50 d	43.23 fg	35.20 e	64.18 f	39.73 f
T43	27.98 e	51.32 e-g	25.12 ef	36.62 g	71.99 e	35.77 j	41.52 b	76.07 d	42.70 c
T47	32.87 cd	43.92 hi	25.35 ef	31.33 h	50.36 g	31.93 l	36.17 d	69.90 e	38.60 g
Tur3	7.36 p-s	9.62 r-v	15.85 hi	9.19 u-y	12.36 s	12.78 q	13.92 op	24.02 n	15.22 zx
Tur7	11.22 i-r	12.62 m-u	11.84 i	11.45 pr	13.56 p	15.12 zx	13.27 pr	15.68 t	16.52 s-v
Ortalama	16.50	23.26	17.51	18.84	23.29	23.63	18.90	30.89	22.75

4.2.2. Yaprak özellikleri

Çalışmada *prunus* anaçlarını tanımlama (UPOV) kitapçığı temel alınarak materyal ve yöntem bölümünde bahsedilen idris yaprak özellikleri belirlenmiştir (Çizelge 4.8). Tanımlama kitapçığındaki şekiller (Bkz. Şekil 3.1-3.6) baz alınarak genotiplere ait yaprak ayası şekli, yaprak ayası apex şekli, yaprak uç uzunluğu, yaprağın bazal kısmı, yaprak kenarları, yaprak sapı yivi belirlenmiştir. Yaprak ayası şekli eliptik, ovat, yuvarlak olarak görülürken, hiçbir idris genotipi dar eliptik ve ters ovat yaprak ayası şeklini göstermemiştir. Yaprak ayası apex şekli dar ve geniş açı olarak değişmiş, dik açığa sahip idris genotipi belirlenmemiştir. Yaprak uç uzunluğu kısa, orta olarak değişmiş, uzun yaprak uç uzunluğuna sahip genotip saptanmamıştır. Yaprağın bazal kısmı ise idris genotiplerinde geniş, küt ve dar olarak değişmiştir. İdris genotiplerinin yaprak kenarları kertikli, kertikli aynı zamanda testere dişli olarak 2 ayrı şekil göstermiştir. Yaprak kenarlarının şekli sadece testere dişli olan genotipe rastlanmamıştır. Yaprak sapı yivi ise derin olmayan, orta derinlikte ve derin olarak 3 farklı şekilde görülmüştür.

Afyon genotiplerinin yaprak ayası şekli ovat ve yuvarlak olarak değişmiştir. On Afyon genotipinin [Af3, Af4, Af10(4), Af11(2), Af18(1), Af8(2), Af66(1), Af111(4), Af111(5), Af111(6)] yaprak ayası şekli ovat olurken, 7 tanesinin [Af5(2), Af6(2), Af6(3), Af10(1), Af10(5), Af11(4), Af66(2)] ise yuvarlak olarak bulunmuştur. Ovat yaprak ayası şekline sahip genotiplerin yaprak ayası apex şeklinin dar ve geniş açılı olduğu, yuvarlak olanların yaprak ayası apex şekillerinin ise geniş açılı olduğu belirlenmiştir. Genelde yaprak uç uzunlukları kısa, yaprak bazal kısımları küt olarak belirlenmiştir. Genotiplerin yarısı kertikli testere, derin olmayan yaprak sapı yivine sahip olurken, diğer yarısı da kertikli, orta derin yaprak sapı yivine sahip olmuşlardır (Çizelge 4.8).

Kemalpaşa genotiplerinin yaprak ayası şekli ovat, yuvarlak ve eliptik olarak değişmiş; ağırlıklı olarak ovat yaprak ayasına sahip genotipler popülasyonda yer almıştır. Ovat yaprak ayasına sahip genotiplerin çoğunlukla yaprak ayası apex şekilleri dar açılı olurken, yuvarlak yaprak ayası şekline sahip genotiplerin geniş açılı, eliptik yaprak ayası apex şekline sahip genotiplerin dar açılı oldukları belirlenmiştir. Çoğunlukla Kemalpaşa genotiplerinin yaprak uç uzunlukları orta, yaprağın bazal kısmı küt, yaprak kenarları kertikli testere, yaprak sapı yivi derinlikleri ise derin olmayan bir yapı göstermişlerdir (Çizelge 4.8).

Manisa genotiplerinden 5'i [Man2(2), Man5(2), Man5(3), Man9(1), Man9(3)] ovat yaprak ayasına sahip olurken, 2'si yuvarlak [Man2(3), Man5(1)] yaprak ayasına sahip olmuşlardır. Manisa genotiplerinden sadece Man5(3) dar açılı yaprak ayası apex şeklinde olup, diğer Manisa genotipleri geniş açılı yaprak ayası apex şekli göstermişlerdir. Yaprak uç uzunlukları orta ve kısa olarak değişirken, genotiplerin tamamının yaprak bazal kısımları küt olmuştur. Yaprak kenarları ise kertikli testere ve testere dişli olarak değişirken, yaprak sapı yivi derinlikleri orta ve derin olmayan olarak değişmiştir (Çizelge 4.8).

Tokat genotiplerinin yaprak ayası şekli genel olarak ovat olmuş, yaprak ayası apex şekli ise ovat yaprak ayasına sahip genotiplerde geniş ve dar açılı olarak değişirken; eliptik yaprak ayası şekline sahip genotiplerde yalnızca dar açılı olarak belirlenmiştir. Yaprak uç uzunluğu ise eliptik yaprak ayası şekli gösteren genotiplerde kısa, ovat yaprak ayasına sahip genotiplerde genelde orta olarak saptanmıştır. Tokat genotiplerinin birçoğunun yaprağın bazal kısmının küt, yaprak kenarlarının kertikli ve yaprak sapı yivlerinin derin olmadığı belirlenmiştir (Çizelge 4.8).

Turgutlu yöresine ait olan her iki idris genotipide, ovat yaprak ayasına, orta yaprak uç uzunluğuna, derin olmayan yaprak sapı yivine sahip olurken; yaprak ayası apex şekli, yaprağın bazal kısmı, yaprak kenarları birbirinden farklılık göstermiştir (Çizelge 4.8).

İdris genotiplerine ait yaprakların yaprak alanları incelendiğinde genotipler arasında farklılıklar görüldüğü gibi, her genotipin sahip olduğu yaprakların alanları da homojenlik göstermemiş, bütün tiplerin ağaç üzerindeki yapraklarının farklı farklı büyüklükte oldukları belirlenmiştir (Çizelge 4.9).

Maksimum yaprak alanı verilerine bakıldığında 2005 yılında Af10(4) genotipi 44.26 cm^2 'lik değeri ile ilk sırada yer almış olup bu genotipi 42.24 cm^2 'lik değeri ile Af10(5) takip etmiştir. Kp18(1) genotipi 11.96 cm^2 ile en düşük maksimum yaprak alanına sahip olmuştur. Man2(2) genotipi 12.44 cm^2 alan değeri ile Kp18(1) genotipini takip etmiştir. Diğer genotiplerin alan değerleri 12.82 - 38.53 cm^2 arasında değişmiştir. 2006 yılında ise T22(1) genotipi 42.41 cm^2 'lik değeri ile ilk sırada yer alırken, bu genotipi T28 (40.78 cm^2) takip etmiştir. Af18(2) 14.31 cm^2 ile en düşük maksimum yaprak alanına sahip olmuştur. Diğer genotipler arasındaki maksimum yaprak alanı değerleri 15.59 - 38.75 cm^2 arasında değişmiştir. 2007 yılında Af5(2) idris genotipi 47.45 cm^2 'lik

değeri ile en yüksek maksimum yaprak alanı değerini vermiş olup, Kp18(1) idris genotipi 4.63 cm^2 'lik değeri ile en düşük maksimum yaprak alanına sahip olmuştur. Diğer genotipler arasındaki değerler $6.42\text{-}29.93 \text{ cm}^2$ arasında değişmiştir (Çizelge 4.9).

İdris genotiplerine ait minum yaprak alanı değerlerine bakıldığında (Çizelge 4.9), 2005 yılında Af10(4) genotipi 23.53 cm^2 ile en yüksek alan değerini verirken bu genotipe en yakın idris genotipi 14.82 cm^2 ile T32(2) olmuştur. Man2(3) idris genotipi 4.98 cm^2 'lik yaprak alanı değeri ile en düşük gelirirken, Af18(1) idris genotipi 5.11 cm^2 ile bu genotipi takip etmiştir. Diğer genotiplerin yaprak alan değerleri 5.38 ile 14.66 cm^2 arasında değişmiştir. 2006 yılı sonuçlarına bakıldığında Af10(5) (17.61 cm^2) ve T22(1) (17.30 cm^2) büyük yaprak alanına sahip olan idris genotipleri olmuştur. Af 18(2) genotipi 4.72 cm^2 lik değeri ile düşük yaprak değerine sahip olurken, bu genotipi $5.94\text{-}5.97 \text{ cm}^2$ arasında değişen değerlerle Man9(3), Af18(1), Kp18(3), Kp27(3) idris genotipleri izlemiştir. 2007 yılında Af5(2) 10.36 cm^2 ile genotipler arasında yüksek alan değerini vermiş, T22(1) 10.20 cm^2 ile bu genotipi takip etmiştir. Kp18(1) (2.61 cm^2) ve Kp18(3) (2.43 cm^2) ise düşük alan değerlerini vermiştir. Diğer genotipler arasındaki değerler $2.89\text{-}9.89 \text{ cm}^2$ arasında değişmiştir.

Ortalama olarak da tüm yaprakların alanları değerlendirilmiştir. (Çizelge 4.9). 2005 yılında yaprak alanı ölçümleri sonuçlarında Af10(4) genotipi 33.37 cm^2 ile ilk sırada yer alırken, bu genotipi 26.57 cm^2 ile Af10(5) idris genotipi izlemiştir. Man2(2), Kp18(3), Kp18(1), Man2(3), Af18(1), Kp1(4), Tur7, Kp9 genotipleri $8.91\text{-}9.84 \text{ cm}^2$ arasında değişen değerlerle küçük yaprak alanını vermişlerdir. 2006 yılında T22(1) idris genotipi 27.31 cm^2 ile ilk sırada gelirirken, Af10(5) 25.61 cm^2 ile ikinci sırada gelmiştir. Af18(2) idris genotipi ise 8.84 cm^2 ile en düşük yaprak alanı değerini vermiştir. Diğer idris genotiplerinin yaprak alan değerleri $10.02\text{-}24.92 \text{ cm}^2$ arasında değişmiştir. 2007 yılı ortalama yaprak alanı sonuçlarına bakıldığında Af 6(2) idris genotipi 20.15 cm^2 ile en büyük yaprak alanı değerini verirken, Kp 18(1) 3.41 cm^2 ile en düşük yaprak alanı değerini vermiştir. Diğer genotipler arasındaki alan değerleri $4.26\text{-}16.64 \text{ cm}^2$ arasında değişmiştir.

Çizelge 4.8. İdris genotiplerinin yaprak özelliklerinin upov'a göre belirlenmesi

Genotip	Yaprak ayası şekli	Yaprak ayası apex şekli	Yaprak uç uzunluğu	Yaprağın bazal kısmı	Yaprak kenarları	Yaprak sapı yivi
Af3	ovat	geniş açılı	kısa	Küt	Kertikli testere	derin olmayan
Af4	ovat	dar açılı	kısa	Geniş	Kertikli testere	orta derinlikte
Af5(2)			kısa	düz		Derin
	yuvarlak	geniş açılı			kertikli	olmayan
Af6(2)	yuvarlak	geniş açılı	kısa	küt	kertikli	derin olmayan
Af6(3)	yuvarlak	geniş açılı	kısa	düz	kertikli	derin olmayan
Af10(1)	yuvarlak	geniş açılı	kısa	küt	kertikli	orta derinlikte
Af10(4)	ovat	geniş açılı	orta	küt	kertikli	orta derinlikte
Af10(5)	yuvarlak	geniş açılı	orta	küt	kertikli	derin olmayan
Af11(2)	ovat	geniş açılı	orta	küt	Kertikli testere	orta derinlikte
Af11(4)	yuvarlak	geniş açılı	orta	küt	Kertikli testere	orta derinlikte
Af18(1)	ovat	geniş açılı	kısa	geniş	kertikli	orta derinlikte
Af18(2)	ovat	geniş açılı	kısa	küt	Kertikli testere	orta derinlikte
Af66(1)	ovat	dar açılı	kısa	küt	kertikli	orta derinlikte
Af66(2)	yuvarlak	geniş açılı	orta	geniş	Kertikli testere	derin olmayan
Af111(4)	ovat	dar açılı	kısa	geniş	Kertikli testere	derin olmayan
Af111(5)	ovat	dar açılı	kısa	geniş	Kertikli testere	derin olmayan
Af111(6)	ovat	geniş açılı	kısa	geniş	testere	derin olmayan
Kp1(1)	ovat	dar açılı	kısa	küt	kertikli	orta derinlikte
Kp1(2)	ovat	dar açılı	Kısa	geniş	Kertikli testere	derin olmayan
Kp1(3)	ovat	dar açılı	orta	küt	kertikli	derin olmayan
Kp1(4)	ovat	dar açılı	orta	geniş	Kertikli testere	Derin
Kp3(1)	ovat	geniş açılı	orta	küt	Kertikli testere	orta derinlikte
Kp3(2)	yuvarlak	geniş açılı	orta	küt	Kertikli testere	derin olmayan
Kp4	eliptik	dar açılı	kısa	Geniş	kertikli	derin olmayan
Kp6	yuvarlak	geniş açılı	orta	küt	Kertikli testere	Derin
Kp9	yuvarlak	geniş açılı	orta	küt	Kertikli testere	orta derinlikte
Kp18(1)	ovat	geniş açılı	orta	küt	kertikli	derin olmayan
Kp18(3)	eliptik	dar açılı	orta	geniş	kertikli	derin olmayan
Kp20(1)	yuvarlak	geniş açılı	kısa	geniş	Kertikli testere	orta derinlikte
Kp20(2)	yuvarlak	geniş açılı	orta	geniş	Kertikli testere	derin olmayan
Kp29(1)	ovat	dar açılı	orta	küt	Kertikli testere	Derin
Kp29(2)	ovat	dar açılı	kısa	küt	Kertikli testere	Derin
Kp27(3)	eliptik	dar açılı	orta	küt	Kertikli	orta derinlikte
Man2(2)	ovat	geniş açılı	orta	küt	Kertikli testere	derin olmayan
Man2(3)	yuvarlak	geniş açılı	orta	küt	kertikli	derin olmayan
Man5(1)	yuvarlak	geniş	orta	küt	kertikli	derin olmayan
Man5(2)	ovat	geniş açılı	Kısa	küt	kertikli	orta derinlikte
Man5(3)	ovat	dar açılı	orta	küt	Kertikli testere	derin olmayan
Man9(1)	ovat	geniş açılı	kısa	küt	Kertikli testere	orta derinlikte
Man9(3)	ovat	geniş açılı	kısa	küt	kertikli	orta derinlikte
T9	eliptik	dar açılı	kısa	dar	kertikli	derin olmayan
T10(1)	ovat	geniş açılı	orta	küt	kertikli	derin olmayan
T10(2)	ovat	geniş açılı	orta	küt	Kertikli testere	derin olmayan
T14	ovat	geniş açılı	orta	küt	kertikli	orta derinlikte
T22(1)	ovat	geniş açılı	orta	küt	kertikli	Derin
T22(2)	ovat	dar açılı	orta	küt	Kertikli testere	derin olmayan
T28	ovat	dar açılı	orta	küt	kertikli	orta derinlikte
T29	ovat	dar açılı	kısa	geniş	Kertikli testere	Derin
T30	eliptik	dar açılı	kısa	geniş	kertikli testere	derin olmayan
T31	ovat	dar açılı	orta	geniş	kertikli testere	orta derinlikte
T32(2)	eliptik	dar açılı	kısa	küt	kertikli	derin olmayan
T33(1)	ovat	geniş açılı	orta	küt	kertikli	Derin
T33(3)	ovat	Geniş açılı	orta	küt	kertikli	orta derinlikte
T34(3)	ovat	dar açılı	kısa	küt	kertikli	derin olmayan
T36(2)	eliptik	dar açılı	kısa	geniş	kertikli	derin olmayan
T37(3)	ovat	dar açılı	kısa	geniş	kertikli	derin olmayan
T43	ovat	geniş açılı	orta	küt	kertikli	derin olmayan
T47	ovat	dar açılı	orta	küt	kertikli	derin olmayan
Tur3	ovat	dar açılı	orta	küt	Kertikli testere	derin olmayan
Tur7	ovat	geniş açılı	orta	geniş	kertikli	derin olmayan

Çizelge 4.9. İdris genotiplerine ait ortalama, minimum, maksimum yaprak alanı değerleri (cm²)

Genotipler	Ortalama Yaprak Alanı			Minumum/maksimum yaprak alanı		
	2005	2006	2007	2005	2006	2007
Af3	16.85 h-n	16.80 h-o	11.43 e-l	11.15 d-l/23.71 i-o	9.57 g-r/26.72 g-o	6.08 g-o/24.84 b-d
Af4	11.22 u-z	17.57 f-m	11.76 e-i	6.35 p-z/15.36 v-q	11.75 c-l/29.95 e-k	5.70 g-p/19.07 b-j
Af5(2)	16.99 h-n	18.28 f-m	15.88 bc	10.57 e-m/25.05 g-m	10.66 c-o/25.66 h-r	10.36 a/47.45 a
Af6(2)	14.70 l-r	19.88 d-j	20.15 a	6.64 n-z/23.14 i-p	10.76 c-o/30.21 e-k	9.80 a-d/29.93 b
Af6(3)	18.17 g-k	17.55 f-m	11.02 g-n	9.99 f-n/25.52 g-l	10.28 e-p/24.66 k-t	6.73 e-l/14.94 c-k
Af10(1)	21.40 d-f	19.78 d-j	9.44 h-o	9.94 f-o/31.03 c-f	11.99 c-j/27.86 f-m	4.40 j-s/16.65 b-k
Af10(4)	33.37 a	20.46 d-g	15.29 b-d	15.55 a/44.26 a	10.64 c-o/34.71 c-e	9.89 a-c/23.42 b-f
Af10(5)	26.57 b	25.61 ab	7.90 n-r	8.90 i-v/42.24 ab	17.61 a/36.10 b-d	4.57 j-s/11.88 d-k
Af11(2)	12.66 r-y	16.20 k-s	11.16 f-n	9.12 h-t/17.38 s-w	8.14 l-s/26.43 g-p	5.40 g-p/21.20 b-h
Af11(4)	15.36 k-r	23.01 b-d	14.29 b-f	9.39 h-s/24.62 h-m	14.37 a-c/31.41 d-i	9.33 a-e/22.28 b-g
Af18(1)	9.26 z	13.10 r-u	9.26 h-o	5.11 yz/13.89 y-q	5.95 rs/20.87 o-y	5.11 g-s/13.89 c-k
Af18(2)	13.31 p-v	8.84 v	8.84 i-o	8.95 i-u/17.71 r-w	4.72 s/14.31 z	4.72 h-s/14.31 c-k
Af66(1)	11.45 t-z	17.00 g-n	7.33 o-t	5.38 v-z/17.65 r-w	9.90 f-p/25.71 h-r	4.65 i-s/10.02 f-k
Af66(2)	11.64 s-z	17.73 f-m	4.80 r-u	8.15 k-z/17.04 t-q	11.49 c-m/24.77 j-s	4.97 h-s/12.58 d-k
Af111(4)	14.31 n-t	19.42 e-k	9.95 h-o	8.96 i-u/22.43 j-s	13.48 b-f/28.19 f-m	6.38 f-n/14.93 c-k
Af111(5)	17.47 h-l	16.43 j-r	7.61 o-s	10.87 e-l/26.35 f-k	10.56 d-p/24.20 k-t	4.83 h-s/10.42 f-k
Af111(6)	21.85 de	16.57 j-p	12.54 d-h	11.74 b-j/33.01 cd	9.24 g-r/25.62 h-r	7.35 d-i/22.86 b-g
Kp1(1)	13.22 p-v	14.84 m-t	11.07 f-n	8.95 i-u/17.71 r-w	8.67 i-r/23.01 l-u	6.97 e-k/15.89 c-k
Kp1(2)	13.43 o-v	15.28 l-t	14.53 b-e	8.91 i-v/19.10 n-y	9.43 g-r/24.01 k-t	8.86 a-f/20.70 b-i
Kp1(3)	17.17 h-n	20.40 d-g	9.91 h-o	11.54 b-k/28.20 d-i	11.95 c-k/28.08 f-m	6.37 f-n/13.93 c-k
Kp1(4)	9.49 z	20.19 d-i	11.33 e-m	5.94 s-z/15.74 v-q	13.68 b-f/28.74 f-m	6.77 e-l/16.51 b-k
Kp3(1)	15.67 j-p	19.17 e-k	8.37 k-p	11.03 d-l/19.92 m-v	11.58 c-m/29.16 e-l	5.27 g-r/14.28 c-k
Kp3(2)	13.44 o-v	16.54 j-p	8.91 i-o	8.59 i-y/19.05 o-y	7.27 o-s/25.85 g-r	5.53 g-p/12.73 d-k
Kp4	11.11 u-z	13.46 o-t	8.08 m-p	7.06 m-z/15.98 u-q	7.56 n-s/20.39 p-y	5.30 g-r/10.66 e-k
Kp6	13.68 o-u	14.10 n-t	8.78 i-o	10.05 f-n/16.93 t-q	8.43 i-r/20.04 r-y	4.90 h-s/13.48 c-k
Kp9	9.84 z	16.61 j-p	8.39 k-p	6.89 n-z/14.68 v-q	11.95 c-k/21.60 n-v	5.35 g-p/12.16 d-k
Kp18(1)	9.02 z	13.23 p-t	3.41 u	5.90 s-z/11.96 q	10.06 e-p/16.17 v-z	2.61 rs/4.63 k
Kp18(3)	8.97 z	10.02 u-	4.62 s-u	5.39 v-z/12.95 x-q	5.95 rs/15.59 yz	2.43 s/6.92 i-k
Kp20(1)	18.47 g-j	17.00 g-n	7.59 o-s	11.08 d-l/30.14 c-g	7.84 m-s/24.31 k-t	5.11 g-s/11.64 d-k
Kp20(2)	22.04 de	17.97 f-m	8.41 j-p	13.24 b-g/33.01 cd	8.87 i-r/26.36 g-p	4.78 h-s/12.10 d-k
Kp29(1)	19.74 e-h	16.08 k-s	11.82 e-i	11.35 c-k/27.25 e-k	7.11 o-s/27.72 f-n	7.08 e-j/18.66 b-j
Kp29(2)	17.15 h-n	17.56 f-m	13.85 b-g	9.39 h-s/27.92 e-j	10.02 f-p/30.96 d-j	6.16 g-n/26.76 bc
Kp27(3)	18.24 g-j	15.15 m-t	11.00 g-n	9.71 h-p/27.41 e-j	5.97 rs/28.32 f-m	6.53 f-m/16.03 c-k
Man2(2)	8.91 z	12.02 t-u	6.81 o-t	6.19 p-z/12.44 w-q	6.83 p-s/17.36 u-z	4.27 k-s/9.60 f-k
Man2(3)	9.21 z	13.67 n-t	5.45 p-u	4.98 z/14.86 v-q	8.90 i-r/20.93 o-y	3.40 o-s/7.54 h-k
Man5(1)	17.26 h-m	18.90 e-k	11.61 e-k	7.58 l-z/24.24 h-n	12.91 b-g/27.48 f-n	7.74 b-g/15.59 c-k
Man5(2)	10.25 yz	19.12 e-k	7.19 o-t	6.39 o-z/15.01 v-q	12.52 b-h/25.12 j-s	3.73 n-s/10.00 f-k
Man5(3)	11.46 t-z	13.64 n-t	4.26 tu	5.73 t-z/15.35 v-q	8.07 l-s/19.09 t-z	2.98 p-s/6.42 jk
Man9(1)	12.93 p-y	13.96 n-t	8.18 l-p	8.17 j-z/18.28 p-z	8.19 k-s/21.21 o-y	5.32 g-r/10.99 d-k
Man9(3)	14.66 l-r	12.01 t-u	8.11 m-p	7.60 l-z/25.69 g-l	5.94 rs/19.51 s-z	3.94 m-s/13.07 c-k
T9	10.61 v-z	16.16 k-s	11.43 e-l	6.42 o-z/12.82 x-q	10.27 e-p/22.80 m-u	6.92 e-k/17.00 b-k
T10(1)	15.82 j-p	22.25 c-e	13.94 b-g	8.23 j-z/22.03 k-t	13.83 b-e/30.24 e-k	7.02 e-k/20.73 b-i
T10(2)	22.53 d	20.95 d-f	9.76 h-o	10.73 e-l/32.14 c-e	13.61 b-f/31.82 d-h	4.98 h-s/16.73 b-k
T14	18.54 g-j	24.27 bc	7.37 o-t	10.04 f-n/27.15 e-k	14.27 a-d/38.75 a-c	3.73 n-s/10.57 e-k
T22(1)	18.90 f-i	27.31 a	16.64 b	13.29 b-f/27.26 e-k	17.30 a/42.41 a	10.20 ab/24.45 b-e
T22(2)	18.21 g-k	18.82 e-k	8.85 i-o	12.56 b-h/23.17 i-p	11.74 c-l/26.40 g-p	5.21 g-r/13.20 c-k
T28	21.02 d-g	24.92 a-c	9.90 h-o	13.54 b-e/29.32 c-h	15.66 ab/40.78 ab	7.04 e-k/13.12 c-k
T29	13.79 o-u	12.94 s-u	7.09 o-t	9.76 g-p/19.66 m-v	8.50 i-r/17.95 u-z	5.46 g-p/9.09 g-k
T30	14.97 l-r	16.82 h-o	13.32 c-g	8.26 j-z/21.57 k-t	9.13 i-r/26.07 g-r	7.40 c-i/18.17 b-k
T31	13.86 o-u	19.10 e-k	11.07 f-n	8.29 j-z/21.02 l-u	11.07 c-n/27.80 f-m	6.49 f-n/17.84 b-k
T32(2)	20.86 d-g	18.67 f-l	9.41 h-o	14.82 b/28.29 d-i	12.55 b-h/25.44 i-r	5.68 g-p/13.36 c-k
T33(1)	18.97 f-i	19.35 e-k	7.45 o-s	12.09 b-i/38.53 b	11.11 c-n/33.44 c-f	4.30 k-s/12.15 d-k
T33(3)	23.42 cd	20.36 d-g	7.84 n-r	14.42 b-d/25.53 g-l	11.72 c-l/31.94 d-g	4.70 h-s/10.83 e-k
T34(3)	25.39 bc	18.25 f-m	12.03 e-i	13.59 b-e/34.07 c	8.23 j-s/29.80 e-k	7.46 c-h/18.77 b-j
T36(2)	18.99 f-i	17.88 f-m	8.14 l-p	12.51 b-h/28.34 d-	12.17 b-i/26.27 g-p	5.23 g-r/11.53 d-k
T37(3)	18.98 f-i	16.15 k-s	11.70 e-j	14.66 bc/26.77 f-k	7.92 m-s/26.34 g-p	6.34 f-n/18.51 b-k
T43	14.52 m-r	20.19 d-i	7.36 o-t	8.02 k-z/22.75 j-r	13.35 b-f/27.59 f-n	3.93 m-s/11.27 d-k
T47	16.26 i-o	21.01 d-f	6.93 o-t	6.10 r-z/26.42 f-k	14.23 a-d/26.80 g-o	4.08 l-s/9.86 f-k
Tur3	14.37 n-s	20.23 d-h	8.06 m-p	9.65 h-r/18.41 p-z	12.17 b-i/29.05 e-l	4.66 i-s/13.27 c-k
Tur7	9.60 z	16.72 i-o	9.48 h-o	5.48 u-z/13.68 z-q	11.76 c-l/21.62 n-v	3.19 p-s/7.05 i-k
Ortalama	15.86	17.63	9.80	8.51/23.05	10.52/26.36	5.76/15.31

İdris genotiplerinin yaprak eni ve yaprak boyu ölçümlerinde de genotipler arasında istatistiksel anlamda ($p \leq 0.05$) farklılıklar belirlenmiştir (Çizelge 4.10).

Çizelge 4.10'dan görüldüğü gibi 2005 yılı yaprak eni değerlerine bakıldığında Af10(4) genotipi 5.9 cm ile ilk sırada yer alırken, Kp9 genotipi 2.6 cm ile en son sırada yer almıştır. Diğer genotiplerin yaprak eni değerleri 2.7-5.4 cm arasında değişmiştir.

2006 yılında T28, Af10(4), T22(1) genotiplerinin yaprak eni değerlerinin sırasıyla 5.5, 5.3, 5.2 cm olduğu belirlenmiş ve bu genotiplerin en geniş yaprak enine sahip oldukları belirlenmiştir. 2007 yılında yaprak eni değerleri 4.6-2.2 cm [Af6(2)-Kp18(3)] arasında olmuştur.

2005 yılı ölçümlerinde Af10(4), T34(3), T33(3) genotiplerinin yaprak boyu değerleri yüksek bulunarak sırasıyla 7.1, 7.0, 6.9 cm olarak bulunmuştur. Af18(1) idris genotipinin ise 3.5 cm değeri ile en düşük yaprak boyu değerini verdiği belirlenmiştir.

T22(1) ve T28 6.5 cm ile idris genotipleri içerisinde 2006 yılı verilerinde en yüksek yaprak boyuna sahip olmuşlardır. Af5(2) genotipi ise en düşük yaprak boyunu vermiştir.

2007 yılında ise Af6(2) idris genotipi 5.3 cm ile en uzun yaprak boyunu verirken, bu genotipi 5.1 cm ile T22(1) genotipi izlemiştir. Kp18(1) genotipi ise 1.9 cm ile en kısa yaprak boyunu göstermiştir. Diğer genotipler arasındaki yaprak boyu değerleri 4.9-2.4 cm arasında değişmiştir (Çizelge 4.10).

İdris genotiplerinin yaprak saplarının uzunlukları genotiplere göre farklılık gösterirken, yıllara göre de farklılık göstermişlerdir (Çizelge 4.11). İlk yıl 2.6-1.2 cm [T30-T9], ikinci yıl 2.9-1.4 cm [Af10(1)-Af5(2)], üçüncü yıl ise 2.8-0.8 cm [T31-Tur7] arasında değişmiştir.

İdris genotiplerinin yaprak kalınlığı değerleri 2005 yılında istatistiki olarak ($p \leq 0.05$) önemli bulunurken, 2006 ve 2007 yıllarında önemsiz bulunmuştur. 2005 yılında Kp20(2) 0.298 mm ile en kalın olurken, Kp29(2) 0.165 mm ile yaprak kalınlığı en az olan genotip olmuştur. 2006 yılı verilerinde ise yaprak kalınlığı 0.157 mm ile 0.338 mm, 2007 yılında ise yaprak kalınlığı değerleri 0.128-0.281 mm arasında değişmiştir (Çizelge 4.11).

Çizelge 4.10. İdris genotiplerine ait yaprak eni (cm), yaprak boyu (cm)

Genotip	Yaprak eni (cm)			Yaprak boyu (cm)		
	2005	2006	2007	2005	2006	2007
Af3	4.3 e-h	3.8 h-t	3.4 e-j	4.8 i-m	5.4 i-p	4.0 g-p
Af4	3.1 v-q	4.2 c-n	3.3 f-m	4.5 l-s	5.1 m-v	4.4 c-i
Af5(2)	4.2 e-k	2.7 y	3.9b-d	5.1 g-l	3.6 x	4.9 a-c
Af6(2)	4.6 c-e	4.5 b-e	4.6 a	3.9 r-y	4.8 p-y	5.3 a
Af6(3)	4.9 c	4.4 b-h	3.7 c-f	4.6 l-o	5.2 l-u	3.7 i-t
Afl0(1)	4.8 cd	4.6 b-d	3.4 f-l	5.5 e-i	5.5 f-n	3.9 g-r
Afl0(4)	5.9 a	5.3 a	4.2 b	7.1 a	6.1 a-e	4.6 b-g
Afl0(5)	5.4 b	4.7 bc	3.1 i-s	6.1 c-e	5.3 k-s	3.2 t-v
Afl1(2)	3.5 p-z	4.7 bc	3.3 f-m	4.5 l-t	6.2 a-c	4.1 f-m
Afl1(4)	3.7 j-u	4.7 bc	3.4 e-i	5.1 g-l	5.2 l-t	3.6 k-t
Afl8(1)	4.5 c-f	3.5 p-u	3.1 i-s	3.5 y	4.5 v-z	3.7 h-t
Afl8(2)	3.4 u-x	4.6 b-d	3.1 i-s	5.8 c-f	5.2 l-u	3.6 k-t
Af66(1)	3.8 h-s	4.3 b-m	2.9 m-u	3.7 u-y	5.2 l-u	3.2 t-v
Af66(2)	3.2 v-w	4.5 b-f	3.1 k-t	4.6 k-o	5.3 l-s	3.4 r-u
Afl11(4)	3.8 h-t	3.8 i-u	3.7 c-f	4.6 k-o	5.3 j-r	4.8 a-d
Afl11(5)	3.9 g-o	3.8 h-s	2.7 p-v	5.5 e-i	5.3 j-s	3.4 m-u
Afl11(6)	4.4 d-g	4.4 b-j	3.3 h-o	6.2 cd	5.6 d-l	4.7 a-e
Kp1(1)	3.4 r-x	3.7 l-u	3.3 g-n	4.8 i-n	4.8 o-y	4.2 d-k
Kp1(2)	3.4 t-x	3.8 k-u	3.7 c-e	4.9 h-m	5.0 m-v	4.8 a-e
Kp1(3)	3.8 i-u	4.3 b-l	3.1 i-s	5.6 d-g	5.8 b-i	4.1 f-n
Kp1(4)	2.9 x-q	4.3 b-l	2.9 k-u	3.9 s-y	5.8 b-i	4.7 a-f
Kp3(1)	4.1 g-n	4.2 c-n	3.1 i-r	4.8 i-m	4.9 n-y	3.3 r-u
Kp3(2)	3.6 m-u	3.3 t-v	3.1 i-s	4.6 l-o	4.5 yz	3.6 k-t
Kp4	3.2 v-w	4.4 b-k	3.1 j-t	4.4 m-u	5.8 b-i	3.4 p-u
Kp6	3.7 i-u	3.7 l-u	3.3 g-n	4.6 l-r	4.7 t-y	3.4 p-u
Kp9	2.6 q	3.5 r-v	2.7 r-v	4.6 l-o	4.8 r-y	3.8 h-t
Kp18(1)	3.1 z-q	3.1 v-y	2.7 s-v	3.7 vy	4.1 z	1.9 z
Kp18(3)	3.1 y-q	3.9 f-s	2.2 z	4.2 n-y	5.5 e-m	2.6 vy
Kp20(1)	4.3 e-h	4.2 c-n	2.8 n-u	5.3 f-k	5.2 l-u	3.3 r-u
Kp20(2)	4.6 c-e	4.3 b-o	2.9 l-u	5.9 c-f	5.2 l-t	3.5 l-t
Kp29(1)	3.9 h-r	3.7 n-u	3.1 i-s	6.3 bc	5.3 j-r	4.8 a-c
Kp29(2)	3.7 l-u	3.7 n-u	3.4 e-i	5.7 c-f	5.7 b-k	4.8 a-c
Kp27(3)	4.2 e-l	3.7 l-u	3.4 f-l	5.4 e-i	4.8 o-y	4.1 f-n
Man2(2)	2.7 wq	3.7 o-u	2.6 u-y	4.1 o-y	4.7 s-y	3.3 s-u
Man2(3)	2.9 x-q	4.1 d-o	2.4 v-z	3.8 u-y	5.2 l-u	2.8 u-y
Man5(1)	4.2 e-j	4.5 b-e	3.6 d-h	5.1 g-l	5.3 k-s	4.1 f-o
Man5(2)	4.0 g-n	3.7 l-u	2.8 p-v	3.9 t-y	4.5 yz	3.2 t-v
Man5(3)	3.5 n-v	3.5 p-u	2.3 yz	4.0 o-y	4.6 u-y	2.4 yz
Man9(1)	3.5 o-y	3.4 s-v	3.1 i-r	4.6 l-p	5.1 m-u	3.3 r-u
Man9(3)	3.8 h-s	3.6 p-u	2.9 m-u	4.7 j-n	4.2 z	3.4 n-u
T9	3.1 v-q	3.7 m-u	3.3 g-m	4.2 n-v	5.4 h-o	4.3 c-j
T10(1)	3.7 k-u	4.6 b-d	3.6 d-g	5.3 f-j	6.1 a-d	4.7 a-e
T10(2)	4.1 f-m	4.3 b-m	3.2 i-p	6.9 ab	6.1 a-d	3.8 h-t
T14	3.9 g-o	4.7 b	2.7 s-v	5.7 c-f	6.3 a-b	3.4 n-u
T22(1)	4.3 e-i	5.2 a	4.1 bc	5.6 d-h	6.5 a	5.1 ab
T22(2)	4.2 e-k	4.4 b-i	3.2 i-p	5.4 e-i	5.3 j-r	3.5 m-u
T28	4.2 f-l	5.5 a	3.1 i-s	6.4 bc	6.5 a	4.1 f-o
T29	3.4 s-x	3.3 u-v	2.6 t-v	5.1 g-l	4.8 o-y	3.4 o-u
T30	4.8 c	3.9 h-s	3.8 c-e	3.8 u-y	5.3 j-r	4.4 b-i
T31	4.8 c	4.0 e-r	3.3 f-m	3.6 vy	5.9 b-h	4.2 e-l
T32(2)	4.2 f-l	3.9 f-s	3.2 i-p	6.3 bc	5.9 b-g	3.7 j-t
T33(1)	4.1 f-m	4.3 b-l	2.8 p-u	5.8 c-f	5.5 f-m	3.3 r-u
T33(3)	4.2 f-l	4.1 d-p	2.7 p-v	6.9 a	6.2 a-d	3.9 h-s
T34(3)	4.5 c-f	4.1 d-p	3.4 e-k	7.0 a	5.5 f-n	4.4 b-h
T36(2)	4.2 e-l	3.8 j-u	2.8 o-u	5.6 d-g	5.8 b-j	3.6 k-t
T37(3)	4.1 f-m	3.9 g-s	3.4 e-i	5.8 c-f	5.4 g-n	4.2 d-k
T43	3.9 g-p	4.4 b-g	2.7 r-v	4.6 l-p	5.6 c-l	3.4 p-u
T47	3.7 j-u	4.4 b-i	2.6 u-y	5.3 f-k	5.9 a-f	3.3 r-u
Tur3	3.4 u-x	4.2 c-n	2.7 r-v	5.4 e-j	6.1 a-d	3.7 k-t
Tur7	3.1 x-q	4.2 c-n	3.1 i-s	3.9 p-y	5.1 m-u	2.4 yz
Ortalama	3.89	4.10	3.14	5.05	5.32	3.80

Çizelge 4.11 İdris genotiplerine ait yaprak sapı uzunluğu (cm), yaprak kalınlığı değerleri (mm)

Genotip	Yaprak sapı uzunluğu (cm)			Yaprak kalınlığı (mm)		
	2005	2006	2007	2005	2006	2007
Af3	1.5 k-v	2.2 h-n	1.8 h-p	0.219 m-t	0.213	0.189
Af4	1.4 s-y	2.3 h-n	1.9 g-p	0.277 a-c	0.196	0.232
Af5(2)	2.3 bc	1.4 y	2.1 e-m	0.229 i-s	0.200	0.162
Af6(2)	1.5 e-m	2.7 bc	1.9 f-o	0.235 h-r	0.172	0.177
Af6(3)	1.8 d-h	2.2 h-n	2.5 a-e	0.237 f-r	0.172	0.174
Af10(1)	1.4 o-y	2.9 a	2.3 b-h	0.195 t-w	0.170	0.206
Af10(4)	1.8 d-i	2.3 g-m	2.6 a-d	0.189 u-q	0.175	0.206
Af10(5)	1.7 g-n	2.3 g-l	1.8 k-r	0.253 c-l	0.169	0.184
Af11(2)	1.4 n-v	2.7 b-c	1.9 f-o	0.252 c-l	0.191	0.242
Af11(4)	1.3 t-y	2.3 f-l	1.6 m-s	0.207 r-x	0.183	0.217
Af18(1)	2.4 ab	2.4 d-i	2.6 a-c	0.179 x-q	0.179	0.250
Af18(2)	1.5 j-t	2.7 a-c	1.9 g-p	0.209 r-x	0.169	0.197
Af66(1)	1.8 d-h	2.6 b-e	2.6 a-c	0.252 c-l	0.199	0.177
Af66(2)	1.9 d-h	2.2 j-r	2.3 b-j	0.295 ab	0.177	0.159
Af111(4)	1.7 e-k	2.2 i-p	2.2 c-k	0.205 r-x	0.171	0.192
Af111(5)	1.7 e-k	2.8 a-c	1.8 g-p	0.195 t-w	0.180	0.177
Af111(6)	1.7 g-o	2.6 b-d	1.8 g-p	0.255 c-l	0.184	0.187
Kp1(1)	1.5 n-v	1.8 r-u	1.8 k-r	0.217 m-u	0.239	0.199
Kp1(2)	1.8 e-j	2.2 i-p	2.1 f-n	0.251 c-l	0.202	0.248
Kp1(3)	1.7 g-o	2.2 i-o	2.6 ab	0.227 k-s	0.208	0.196
Kp1(4)	1.8 e-j	2.2 i-o	1.6 n-s	0.253 c-l	0.208	0.219
Kp3(1)	1.4 t-y	2.4 e-l	2.1 f-o	0.183 y-q	0.158	0.147
Kp3(2)	1.3 t-y	1.8 s-u	2.1 f-o	0.168 wq	0.213	0.190
Kp4	1.5 k-v	2.4 d-i	2.0 f-o	0.231 h-s	0.204	0.152
Kp6	1.7 e-k	1.9 n-t	2.1 f-m	0.202 s-x	0.228	0.224
Kp9	1.5 n-v	2.4 e-j	2.1 f-o	0.262 c-h	0.172	0.255
Kp18(1)	1.7 h-r	1.4 y	1.6 o-s	0.248 c-m	0.261	0.216
Kp18(3)	1.5 m-v	2.2 i-p	1.4 rs	0.277 a-c	0.234	0.195
Kp20(1)	2.5 ab	2.4 e-k	2.3 b-i	0.293 ab	0.214	0.200
Kp20(2)	2.1 cd	2.6 b-e	2.3 b-h	0.298 a	0.183	0.211
Kp29(1)	1.8 d-i	1.9 n-t	1.7 m-r	0.172 wq	0.201	0.185
Kp29(2)	1.5 l-v	1.7 t-v	1.8 j-r	0.165 q	0.191	0.184
Kp27(3)	1.7 g-r	2.4 e-k	2.2 c-k	0.180 z-q	0.250	0.191
Man2(2)	1.4 t-y	2.2 m-s	1.6 n-s	0.251 c-l	0.195	0.216
Man2(3)	1.7 f-m	2.6 b-f	1.9 f-o	0.233 h-s	0.174	0.168
Man5(1)	1.7 e-m	2.1 k-s	2.1 e-m	0.247 c-m	0.178	0.182
Man5(2)	1.7 g-n	1.5 vy	1.8 k-r	0.278 a-c	0.206	0.158
Man5(3)	1.9 d-g	1.8 p-u	1.3 s	0.212 o-y	0.338	0.175
Man9(1)	1.3 u-y	1.6 vy	1.8 g-p	0.185 v-q	0.236	0.199
Man9(3)	2.1 d-f	2.8 ab	2.2 d-l	0.202 s-x	0.201	0.203
T9	1.2 y	2.1 l-s	2.1 f-n	0.268 a-f	0.217	0.218
T10(1)	1.7 e-k	1.9 n-t	1.9 f-o	0.255 c-l	0.166	0.185
T10(2)	1.7 g-r	2.1 k-s	2.1 f-o	0.257 c-k	0.157	0.161
T14	1.5 l-v	1.9 o-u	1.9 f-p	0.241 e-p	0.175	0.144
T22(1)	1.5 i-t	2.1 k-s	2.4 a-f	0.229 i-s	0.161	0.166
T22(2)	1.4 p-y	1.9 n-t	1.9 f-p	0.236 g-r	0.164	0.140
T28	1.7 h-r	2.2 h-o	2.2 e-l	0.267 b-g	0.184	0.128
T29	1.3 t-y	1.7 uv	1.8 i-r	0.245 d-n	0.221	0.167
T30	2.6 a	2.6 b-e	2.6 a-d	0.214 n-v	0.215	0.214
T31	2.4 ab	2.2 i-o	2.8 a	0.225 l-t	0.232	0.217
T32(2)	1.5 j-t	2.2 i-o	1.7 l-r	0.273 a-d	0.220	0.177
T33(1)	1.4 r-y	1.9 n-t	1.5 p-s	0.227 j-s	0.170	0.172
T33(3)	1.6 h-s	2.4 e-l	1.9 g-p	0.244 d-n	0.191	0.169
T34(3)	1.6 h-s	2.5 c-g	2.3 b-g	0.259 c-i	0.173	0.147
T36(2)	1.5 j-u	1.9 n-t	2.2 e-l	0.241 d-p	0.236	0.185
T37(3)	1.7 g-p	2.2 h-n	1.9 g-p	0.259 c-j	0.181	0.145
T43	1.3 vy	1.8 r-u	1.8 g-p	0.211 p-z	0.180	0.178
T47	2.1 de	2.3 g-l	1.9 g-p	0.243 d-o	0.158	0.190
Tur3	1.7 e-l	2.4 d-h	2.3 b-i	0.271 a-e	0.258	0.201
Tur7	1.8 e-j	2.2 h-n	0.8 t	0.294 ab	0.204	0.281
Ortalama	1.69	2.20	2.00	0.235	0.198	0.190

İdris genotiplerinin yaprak ön ve arka yüzeyinin renk değerleri (L, C*, Hue) Çizelge 4.12, 4.13, 4.14’de verilmiştir. Her üç parametrede de genotiplerin yaprak renk değerleri kendi içerisinde istatistiksel olarak önemli bulunmuştur ($p \leq 0.05$).

Birinci yıl yaprak üst renginde Af11(2), ikinci yıl T9, üçüncü yıl Af4 numaralı genotipler en yüksek L değeri ile en açık yaprak rengine sahip genotipler olmuştur. Yıllara göre sırasıyla Af111(6), Man5(2), Tur7 genotiplerinin L değerleri istatistiksel olarak en son grupta yer almış ve en koyu yaprak rengini vermiştir. Yaprak alt renginin L değerleri incelendiğinde, birinci yıl yaprak üst renginde olduğu gibi Af11(2) ve bu genotip ile birlikte Kp3(2) genotipi, ikinci yıl T10(2), üçüncü yıl Kp29(1) genotiplerinin L değerleri yüksek olmuş ve en açık yaprak alt rengine sahip genotipler oldukları belirlenmiştir. En koyu yaprak alt rengine sahip genotiplerin ise birinci yıl Af18(2), ikinci yıl Af11(4), üçüncü yıl yine Af11(4) genotiplerinin olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.12).

Rengin doygunluğunu ifade eden kroma değerlerine bakıldığında yaprak üst rengi bakımından (Çizelge 4.13) en canlı renge sahip idris genotipleri ilk yıl Kp3(2), ikinci yıl T10(2), üçüncü yıl ise Kp29(1) genotipleri olurken; yaprak üst yüzeyinde en düşük kroma değerine sahip genotipler ilk yıl Man2(3), ikinci yıl Af10(1), üçüncü yıl yine Af10(1) olarak saptanmıştır. Yaprak alt rengi kroma değerlerine bakıldığında ise ilk yıl Kp3(2) ve Af11(2), ikinci yıl T10(1) ve T10(2) genotipleri, üçüncü yıl Af6(2) genotiplerinin kroma değerleri yüksek bulunurken; ilk yıl T30, ikinci yıl Kp27(3), üçüncü yıl yine Kp27(3) genotiplerinin kroma değerleri düşük bulunmuştur (Çizelge 4.13).

Hue° değeri arttıkça renk sarıdan yeşile doğru gitmektedir. Bu nedenle yeşil renk tonunun en baskın olduğu yapraklara sahip olan genotipler ilk yıl Kp18(3), ikinci yıl Kp1(4) genotipleri olurken, üçüncü yıl ise Kp3(1) genotipi dışındaki tüm genotiplerde olduğu saptanmıştır. En açık yeşil yaprak rengi ise ilk yıl Af10(4), ikinci yıl Af10(1), üçüncü yıl ise Kp3(1) genotipleri olmuştur. Alt yaprak rengi hue° değerlerinde ise, ilk yıl Af11(2), ikinci yıl T22(2), üçüncü yıl tekrar T22(2) genotiplerinin hue° değerleri yüksek bulunmuştur. En düşük alt yaprak rengi hue° değerine sahip genotipler ise ilk yıl Kp6, ikinci yıl Kp27(3), üçüncü yıl Af10(4) genotiplerinin olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.14).

Yaprak üst yüzey L, Kroma, Hue değerlerinin yaprak alt yüzey L, C, Hue değerlerine göre daha düşük olduğu belirlenmiştir.

Çizelge 4.12. Yaprak üst ve alt yüzey L değerleri

Genotip	Üst yüzey			Alt yüzey		
	2005	2006	2007	2005	2006	2007
Af3	37.99 n-y	37.72 p-u	37.32 d-f	48.18 e-l	46.01 m-v	46.72 f-o
Af4	41.85 e-i	41.76 a-e	44.73a	48.37d-j	46.11 l-u	46.25 g-r
Af5(2)	40.29 f-r	41.02 d-h	40.10 a-f	50.50 bc	50.82 a	49.41 a-c
Af6(2)	38.43 l-y	37.60 r-v	38.88 b-f	49.04 c-g	47.48 d-l	49.14 a-e
Af6(3)	37.38 s-y	38.11 o-u	37.00 ef	47.55 e-o	47.86 c-ı	47.02 d-n
Af10(1)	37.28 s-y	36.84 u-z	36.84 ef	47.45 e-o	44.99 t-z	44.99 m-s
Af10(4)	36.80 t-y	36.11 yz	35.60 f	47.41 e-o	45.10 s-z	44.75 n-s
Af10(5)	36.56 u-y	39.22 i-o	38.26 c-f	47.21 f-o	48.52 b-e	47.49 c-l
Af11(2)	47.17 a	39.61 h-n	40.06 a-f	53.31 a	44.55 y-x	44.99 m-s
Af11(4)	42.76 c-g	37.39 r-y	37.82 d-f	48.77 c-h	43.74 x	43.74 s
Af18(1)	39.94 g-s	39.94 f-k	40.70 a-f	46.19 j-t	46.20 k-t	47.38 c-l
Af18(2)	38.44 l-y	40.38 e-j	39.90 a-f	44.29 t	47.05 f-n	45.29 l-s
Af66(1)	37.85 o-y	40.26 f-j	40.00 a-f	45.59 o-t	46.28 j-t	45.91 j-s
Af66(2)	41.19 e-l	38.56 k-s	40.04 a-f	47.94 e-n	45.60 o-z	45.79 j-s
Af111(4)	37.40 r-y	36.31 v-z	37.25 ef	46.53 ı-s	46.26 j-t	45.95 ı-s
Af111(5)	36.39 vy	37.52 r-v	37.19 ef	47.70 e-o	47.24 d-m	46.67 f-o
Af111(6)	36.01 y	37.04 t-z	37.01 ef	46.16 k-t	47.09 e-n	46.56 f-p
Kp1(1)	45.37 ab	41.35 b-f	42.55 a-d	48.95 c-g	45.76 n-y	46.49 f-p
Kp1(2)	41.87 e-ı	41.02 d-h	40.68 a-f	46.68 h-s	45.17 r-z	45.24 l-s
Kp1(3)	41.69 e-j	40.29 f-j	40.61 a-f	48.36 d-j	46.07 l-u	45.83 j-s
Kp1(4)	40.03 g-s	39.21 i-o	41.05 a-e	46.73 h-s	44.45 y-x	46.73 f-o
Kp3(1)	41.50 e-k	36.13 yz	36.58 ef	50.35 b-d	46.65 h-p	46.35 g-r
Kp3(2)	45.00 a-c	39.04 j-p	40.34 a-f	52.93 a	47.61 d-k	48.32 a-ı
Kp4	41.15 e-m	41.13 c-f	41.82 a-e	45.76 o-t	48.31 b-g	48.00 a-j
Kp6	38.27 m-y	38.38 m-t	38.97 b-f	46.39 j-s	44.52 y-x	44.73 n-s
Kp9	40.78 e-n	40.21 f-j	40.35 a-f	49.09 c-g	47.76 c-ı	47.70 c-k
Kp18(1)	43.19 b-e	40.53 d-i	40.56 a-f	49.14 c-f	46.92 g-o	46.60 f-p
Kp18(3)	42.68 c-g	41.25 c-f	43.77 ab	48.32 d-k	47.92 c-h	50.00 ab
Kp20(1)	39.43 h-u	38.73 k-r	39.34 b-f	45.03 p-t	44.46 y-x	44.43 o-s
Kp20(2)	40.27 f-r	38.71 k-r	39.27 b-f	46.67 h-s	44.72 u-x	44.84 n-s
Kp29(1)	38.40 l-y	38.61 k-s	41.05 a-e	48.94 c-g	48.38 b-f	50.20 a
Kp29(2)	38.88 j-y	36.33 v-z	37.66 d-f	47.62 e-o	46.17 k-t	47.20 c-m
Kp27(3)	38.46 l-y	38.14 o-u	38.34 c-f	46.50 ı-s	44.23 z-x	44.15 rs
Man2(2)	37.78 p-y	39.24 i-o	39.02 b-f	44.99 r-t	45.73 n-y	44.66 n-s
Man2(3)	37.37 s-y	38.59 k-s	38.69 b-f	44.97 r-t	44.64 v-x	44.68n-s
Man5(1)	40.14 f-s	37.28 s-y	37.24 ef	49.42 c-e	46.88 g-o	46.90 e-n
Man5(2)	38.36 l-y	35.93 z	37.18 ef	47.51 e-o	46.93 g-o	47.00 d-n
Man5(3)	37.71 p-y	39.80 g-l	39.23 b-f	47.41 e-o	49.48 b	48.51 a-g
Man9(1)	39.23 ı-v	40.83 d-h	40.98 a-e	46.63 h-s	47.49 d-l	46.79 f-n
Man9(3)	39.26 ı-v	38.27 n-t	38.49 b-f	46.70 h-s	44.26 z-x	44.29 p-s
T9	44.57 b-d	42.97 a	43.14 a-c	51.77 ab	49.07 bc	48.01 a-j
T10(1)	39.18 ı-v	41.36 b-f	40.67 a-f	47.70 e-o	49.45 b	49.14 a-e
T10(2)	38.32 l-y	42.60 ab	40.96 a-e	47.01 f-r	50.83 a	49.25 a-d
T14	36.53 vy	41.26 c-f	41.86a-e	45.95 m-t	48.51 b-e	48.75 a-f
T22(1)	38.42 l-y	40.61 d-i	41.72 a-e	48.73 c-h	49.08 bc	49.45 a-c
T22(2)	40.85 e-n	37.96 o-u	39.55 a-f	50.35 b-d	45.52 o-z	46.59 f-p
T28	40.91 e-m	38.49 l-s	39.42 b-f	48.67 c-ı	47.37 d-m	47.50 c-l
T29	39.13 ı-v	38.63 k-s	39.35 b-f	47.13 f-p	46.57 h-r	46.73 f-o
T30	40.33 f-p	40.33 f-j	40.22 a-f	46.55 ı-s	46.63 h-p	46.15 g-r
T31	42.23 d-h	42.57 a-c	41.37 a-e	47.63 e-o	47.65 d-j	47.50 c-l
T32(2)	40.14 f-s	37.88 o-u	38.78 b-f	48.02 e-n	47.74 c-ı	47.77 b-k
T33(1)	36.38 vy	38.28 n-t	38.48 c-f	48.07 e-n	47.81 c-ı	48.17 a-j
T33(3)	39.74 h-s	39.78 g-m	40.17 a-f	46.11 l-t	46.72 h-o	46.47 f-r
T34(3)	38.27 m-y	38.03 o-u	39.73 a-f	46.92 g-r	46.85 h-o	47.47 c-l
T36(2)	39.67 h-t	40.61 d-i	41.01 a-e	48.13 e-m	48.62 b-d	48.33 a-h
T37(3)	38.80 k-y	38.60 k-s	39.13 b-f	48.06 e-n	47.31 d-m	47.45 c-l
T43	38.51 l-y	38.38 m-t	37.82 d-f	47.99 e-n	46.42 ı-s	46.00 h-s
T47	37.67 p-y	40.79 d-h	39.98 a-f	45.93 n-t	48.38 b-f	47.95 a-k
Tur3	40.71 e-o	40.48 d-i	41.38 a-e	47.73 e-o	46.73 h-o	46.82 e-n
Tur7	42.94 b-f	41.79 a-d	22.18 g	44.76 st	45.28 p-z	45.60 k-s
Ortalama	39.73	39.26	39.33	47.68	46.80	46.82

Çizelge 4.13. Yaprak üst ve alt yüzey kroma (C*) değerleri

Genotip	Yaprak üst yüzey C değeri			Yaprak alt yüzey C değeri		
	2005	2006	2007	2005	2006	2007
Af3	21.00 f-j	17.83 m-t	16.87 k-t	24.17 g-l	22.08 r-y	23.03 b-m
Af4	21.76 e-i	20.29 h-k	21.27 a-j	23.21 h-p	22.73 m-y	22.79 d-n
Af5(2)	26.12 cb	23.73 b-d	21.00 a-l	27.31 bc	26.34 ab	25.21 a-f
Af6(2)	22.39 d-g	21.24 d-j	23.57 a-d	26.59 c-e	25.07 b-e	26.28 a
Af6(3)	20.66 f-l	20.79 g-j	19.01 e-p	23.25 h-p	23.35 h-s	21.85 g-o
Af10(1)	21.36 f-i	13.13 z	13.13 t	25.87 c-g	20.60 z-q	20.60 l-o
Af10(4)	19.79 g-o	15.20 vy	14.58 st	24.64 f-j	21.31 y-w	20.71 k-o
Af10(5)	21.55 f-i	20.72 g-j	18.29 g-s	24.49 f-k	24.73 c-h	22.72 e-n
Af11(2)	31.77 a	19.16 j-n	18.34 f-s	31.79 a	23.67 e-p	22.88 c-n
Af11(4)	24.68 cd	16.27 r-v	15.68 n-t	26.79 cd	21.38 v-w	20.86 k-o
Af18(1)	20.71 f-k	20.71 g-j	19.61 c-o	24.32 g-k	24.32 c-l	23.10 b-m
Af18(2)	17.06 o-t	19.45 i-n	17.17 j-t	20.53 uv	22.90 k-u	21.55 j-o
Af66(1)	17.30 m-t	20.82 g-j	19.32 d-p	21.39 o-v	23.86 e-n	22.75 e-n
Af66(2)	21.37 f-i	19.49 i-n	19.26 e-p	23.95 g-m	22.59 n-y	22.46 f-o
Af111(4)	18.11 j-s	17.97 m-s	18.62 f-s	22.81 j-s	23.25 h-s	22.86 c-n
Af111(5)	20.40 f-l	18.71 k-p	18.02 h-s	23.67 h-m	22.30 o-y	21.68 h-o
Af111(6)	18.19 j-s	17.81 n-t	17.37 j-s	22.59 k-s	22.01 r-z	22.02 g-o
Kp1(1)	20.03 f-n	18.23 l-p	19.20 e-p	21.12 r-v	22.09 r-y	22.72 e-n
Kp1(2)	22.01 d-h	18.05 m-r	17.65 i-s	23.84 h-m	21.73 t-x	21.07 k-o
Kp1(3)	21.91 d-h	21.99 d-h	21.17 a-k	23.94 g-m	24.16 d-m	22.99 b-m
Kp1(4)	16.85 p-t	20.38 g-k	21.81 a-i	21.12 r-v	23.83 e-n	24.69 a-i
Kp3(1)	27.44 b	16.20 s-v	14.65 r-t	28.69 b	22.19 p-y	21.86 g-o
Kp3(2)	33.17 a	20.83 g-j	21.28 a-j	31.68 a	25.05 b-e	24.92 a-g
Kp4	20.92 f-k	23.78 b-d	22.60 a-f	22.19 l-u	27.10 a	26.05 ab
Kp6	18.07 k-s	18.10 m-p	17.92 h-s	21.50 n-v	21.34 y-w	21.47 j-o
Kp9	21.30 f-i	22.01 d-h	20.23 c-m	23.82 h-m	25.63 bc	24.29 a-j
Kp18(1)	22.82 d-f	20.06 i-l	18.21 h-s	24.40 g-k	23.12 j-t	21.98 g-o
Kp18(3)	22.26 d-h	19.53 i-n	22.53 a-g	23.89 g-m	22.74 m-y	24.87 a-g
Kp20(1)	16.04 st	14.15 yz	14.40 st	22.51 k-t	21.39 u-w	21.40 j-o
Kp20(2)	18.03 k-s	16.14 t-v	15.89 n-t	23.46 h-n	22.03 r-z	22.05 g-o
Kp29(1)	22.80 d-f	22.67 c-f	25.08 a	24.71 f-j	24.90 c-f	26.05 ab
Kp29(2)	22.03 d-h	16.90 p-v	17.77 h-s	23.93 g-m	21.54 u-w	22.77 d-n
Kp27(3)	17.15 o-t	15.32 vy	15.09 p-t	21.35 p-v	19.65 q	19.46 o
Man2(2)	16.17 r-t	18.81 k-o	15.49 o-t	20.97 s-v	23.17 i-t	21.05 k-o
Man2(3)	14.68 t	17.89 m-t	17.08 j-t	20.59 t-v	21.88 s-z	21.61 i-o
Man5(1)	26.81 cb	20.79 g-j	20.38 c-m	26.38 c-f	22.76 m-y	22.62 e-n
Man5(2)	20.17 f-m	20.11 h-l	19.66 c-o	23.37 h-o	23.49 f-r	23.16 b-m
Man5(3)	19.58 g-p	22.25 d-g	20.48 c-m	23.36 h-o	24.47 c-j	23.34 a-l
Man9(1)	20.56 f-l	22.97 c-e	21.25 a-j	23.15 h-p	24.32 c-k	23.64 a-l
Man9(3)	19.82 g-o	15.65 u-y	15.25 p-t	23.03 i-r	20.21 w-q	20.10 m-o
T9	28.06 b	20.75 g-j	19.09 e-p	28.62 b	24.18 d-m	22.80 d-n
T10(1)	20.16 f-m	25.06 ab	23.75 a-c	24.46 f-k	27.12 a	25.91 a-c
T10(2)	22.20 d-h	26.38 a	23.27 a-e	24.70 f-j	27.31 a	25.60 a-e
T14	18.97 i-r	22.00 d-h	22.02 a-h	23.74 h-m	24.85 c-g	24.77 a-h
T22(1)	19.50 g-p	24.19 bc	24.70 ab	23.81 h-m	25.36 b-d	25.85 a-d
T22(2)	24.56 c-e	19.32 i-n	20.57 b-m	26.80 cd	22.05 r-z	22.97 c-m
T28	20.82 f-k	18.78 k-o	19.27 e-p	23.97 g-m	23.39 g-s	23.77 a-k
T29	19.40 h-p	19.73 i-n	18.55 f-s	22.76 j-s	22.63 n-y	22.25 f-o
T30	17.79 l-s	18.23 l-p	16.80 l-t	20.24 v	20.38 x-q	19.84 no
T31	20.36 f-l	20.92 f-j	19.06 e-p	22.55 k-s	22.90 k-u	21.74 h-o
T32(2)	19.36 h-p	15.85 u-y	16.38 m-t	23.50 h-m	21.51 u-w	21.88 g-o
T33(1)	18.18 j-s	18.58 k-p	17.28 j-t	23.31 h-p	23.27 hs	23.66 a-l
T33(3)	19.55 g-p	19.26 j-n	19.90 c-n	23.53 h-m	22.81 l-y	22.08 g-o
T34(3)	17.19 n-t	18.63 k-p	19.38 d-p	22.10 m-v	23.32 h-s	24.36 a-j
T36(2)	22.79 d-f	19.79 i-m	19.92 c-n	25.01 d-i	23.14 i-t	22.63 e-n
T37(3)	21.95 d-h	20.13 h-l	20.36 c-m	24.91 e-i	23.07 j-t	23.23 b-m
T43	21.67 f-i	17.23 o-u	16.61 m-t	24.51 f-k	22.05 r-z	21.10 k-o
T47	19.49 g-p	21.03 f-j	18.86 f-r	23.46 h-n	24.64 c-i	23.37 a-l
Tur3	24.54 c-e	19.72 i-n	19.60 c-o	25.12 d-h	23.78 e-o	23.49 a-l
Tur7	21.80 e-i	20.41 g-k	19.68 c-o	21.97 m-v	22.87 k-v	22.33 f-o
Ortalama	21.05	19.54	19.02	23.99	23.20	22.85

Çizelge 4.14. Yaprak üst ve alt yüzey Hue° değerleri

Genotip	Yaprak üst yüzey Hue° değeri			Yaprak alt yüzey Hue° değeri		
	2005	2006	2007	2005	2006	2007
Af3	138.97 i-s	139.39 h-r	139.07 a	142.14 g-r	142.36 n-y	142.43 e-n
Af4	141.21 b-f	139.39 h-r	140.48 a	143.25 d-f	141.68 y-q	141.82 i-n
Af5(2)	140.23 e-k	140.37 c-h	139.71 a	143.28 d-f	145.31 bc	144.61 a-d
Af6(2)	139.91 f-n	137.56 y-w	137.48 a	145.12 b	142.80 j-v	142.91 c-m
Af6(3)	138.00 o-z	138.59 m-y	138.38 a	141.41 n-v	142.32 o-z	142.00 g-n
Af10(1)	137.32 t-z	136.54 w	136.54 a	142.12 g-r	141.88 t-w	141.88 g-n
Af10(4)	136.44 z	137.05 x-w	136.88 a	141.08 s-v	140.95 wq	140.80 n
Af10(5)	137.88 p-z	138.88 j-v	139.66 a	141.64 j-u	143.68 e-k	143.25 a-m
Af11(2)	143.72 a	138.95 i-u	138.73 a	146.32 a	142.38 n-y	141.72 j-n
Af11(4)	139.29 h-r	138.78 k-y	139.03 a	142.18 g-p	142.51 m-y	141.46 k-n
Af18(1)	140.98 b-g	140.98 b-d	139.13 a	145.23 b	145.23 bc	143.39 a-l
Af18(2)	139.78 f-n	139.63 f-o	137.79 a	141.70 i-u	143.13 h-p	143.96 a-h
Af66(1)	138.84 j-t	139.83 c-m	139.17 a	142.54 e-k	143.42 g-n	142.85 c-n
Af66(2)	140.72 c-h	139.52 h-p	139.32 a	143.79 cd	142.99 i-s	142.73 c-n
Af111(4)	138.04 o-y	138.86 j-v	139.02 a	141.61 k-u	144.01 d-i	143.36 a-l
Af111(5)	137.15 u-z	138.91 j-u	138.30 a	141.32 o-v	144.71 cd	143.97 a-h
Af111(6)	137.01 v-z	137.96 u-x	138.17 a	140.87 t-v	143.79 d-j	143.19 b-m
Kp1(1)	141.77 b-d	138.76 l-y	139.39 a	142.86 e-g	141.59 y-q	142.31 e-n
Kp1(2)	138.89 j-t	138.88 j-v	138.72 a	141.20 p-v	141.84 u-w	141.72 j-n
Kp1(3)	138.65 k-u	140.82 c-g	140.27 a	140.84 t-v	143.21 g-o	142.20 f-n
Kp1(4)	139.63 f-o	142.08 a	141.65 a	141.84 h-t	144.51 c-e	144.32 a-e
Kp3(1)	139.81 f-n	136.70 x-w	125.00 b	142.49 e-l	141.71 y-w	141.85 h-n
Kp3(2)	142.37 ab	139.00 i-u	139.66 a	144.51 bc	142.97 i-s	143.00 c-m
Kp4	138.44 l-v	139.70 e-o	139.87 a	141.23 p-v	144.14 d-h	143.46 a-k
Kp6	138.39 m-v	139.23 h-t	138.76 a	140.59 v	141.77 v-w	141.89 g-n
Kp9	140.60 d-i	139.91 c-l	140.18 a	143.82 cd	144.70 cd	144.42 a-e
Kp18(1)	142.17 bc	139.61 g-o	139.50 a	143.86 cd	143.48 f-m	143.87 a-i
Kp18(3)	143.59 a	141.00 bc	141.68 a	146.35 a	144.16 d-h	145.22 ab
Kp20(1)	139.48 g-p	137.64 v-w	137.61 a	142.45 e-m	141.95 s-w	141.96 g-n
Kp20(2)	138.05 o-y	138.55 n-y	138.78 a	141.18 p-v	142.45 m-y	142.57 d-n
Kp29(1)	139.31 h-r	139.15 h-u	138.69 a	142.64 e-j	142.95 i-t	143.18 b-m
Kp29(2)	140.00 f-m	138.62 m-y	138.73 a	142.20 g-p	142.61 k-y	142.18 f-n
Kp27(3)	137.66 r-z	138.78 k-y	138.79 a	140.77 uv	140.71 q	140.80 n
Man2(2)	139.48 g-p	138.70 l-y	139.05 a	144.24 c	142.99 i-s	142.72 c-n
Man2(3)	138.05 o-y	138.89 j-u	138.89 a	142.45 e-m	143.08 i-r	142.80 c-n
Man5(1)	140.15 e-k	138.14 r-x	137.81 a	142.07 g-s	142.16 o-x	141.86 h-n
Man5(2)	139.30 h-r	137.98 t-x	138.30 a	143.22 d-f	142.81 j-v	142.96 c-m
Man5(3)	138.62 k-v	140.02 c-k	139.14 a	143.31 de	144.48 c-f	144.16 a-f
Man9(1)	139.58 g-o	140.89 b-e	140.85 a	141.91 g-s	143.14 h-p	142.98 c-m
Man9(3)	139.31 h-r	138.48 o-z	138.43 a	142.30 f-o	141.97 s-w	141.49 k-n
T9	140.06 f-l	140.07 c-j	140.46 a	142.35 e-n	143.45 f-n	142.44 e-n
T10(1)	139.32 h-p	139.77 d-n	139.11 a	142.68 e-i	144.22 d-g	144.00 a-g
T10(2)	139.29 h-r	140.84 b-f	138.98 a	142.15 g-r	145.76 ab	144.72 a-c
T14	136.49 yz	140.35 c-h	139.89 a	140.87 t-v	143.47 f-m	143.15 c-m
T22(1)	137.60 s-z	139.92 c-l	139.77 a	142.17 g-p	143.98 d-i	143.63 a-j
T22(2)	139.25 h-r	142.00 ab	140.93 a	142.83 e-h	146.26 a	145.26 a
T28	139.24 h-r	137.31 z-w	137.51 a	142.54 e-k	142.08 p-x	142.83 c-n
T29	138.27 n-v	138.29 p-z	138.51 a	141.14 r-v	142.25 o-x	141.99 g-n
T30	139.56 g-o	139.28 h-s	139.70 a	141.64 j-u	141.92 s-w	141.22 mn
T31	138.66 k-u	139.04 i-u	138.14 a	141.45 m-v	141.30 z-q	141.86 h-n
T32(2)	138.06 o-y	138.12 s-x	138.18 a	141.45 m-v	143.15 h-p	143.52 a-k
T33(1)	137.15 u-z	137.01 x-w	136.76 a	141.40 n-v	142.79 j-v	143.06 c-m
T33(3)	138.95 j-t	140.16 c-i	140.08 a	141.56 k-v	141.24 x-q	141.34 l-n
T34(3)	138.33 n-v	138.56 n-y	139.96 a	141.10 s-v	142.88 j-u	142.71 c-n
T36(2)	138.78 j-t	140.81 c-g	140.44 a	141.50 l-v	143.59 e-l	143.56 a-k
T37(3)	137.87 p-z	138.81 k-v	138.43 a	142.31 f-o	143.19 g-o	142.91 c-m
T43	138.59 k-v	138.88 j-v	138.75 a	141.68 i-u	142.02 r-x	141.15 mn
T47	137.07 u-z	138.29 p-z	138.31 a	141.09 s-v	142.66 k-y	142.41 e-n
Tur3	140.36 d-j	138.78 k-y	139.34 a	142.12 g-r	142.52 l-y	142.93 c-m
Tur7	141.63 b-e	140.34 c-h	135.71 a	142.02 g-s	142.39 n-y	142.97 c-m
Ortalama	139.22	139.16	138.76	142.33	142.99	142.80

4.3. İncelenen Agronomik Özellikler Arasındaki Korelasyonlar

İdris genotiplerinde meyve ve yaprağın özellikleri yönünden yüksek korelasyonlar saptanırken, birçok özellik arasında herhangi bir ilişki belirlenememiş veya çok düşük bulunmuştur. Parametrelere ait korelasyon katsayıları Çizelge 4.15’de verilmiştir.

Yaprak eni ve yaprak boyu ölçüm değerlerine bakıldığında her iki parametre arasındaki ilişki pozitif bir korelasyon göstermiştir ($p \leq 0.01$).

Yaprak eni geniş olan genotiplerin yaprak sapı uzunlukları daha yüksek bulunurken ($p \leq 0.01$), yaprak boyu ile korelasyonu önemli bulunmamıştır.

Yaprak kalınlığı ile yaprak eni ($p \leq 0.01$) ve yaprak boyu ($p \leq 0.05$) arasında negatif bir ilişki belirlenmiştir.

Yaprak üst yüzeyi L değerinin yaprak kalınlığı arasındaki korelatif ilişkide pozitif yönde oldukça önemli bulunurken, yaprak eni ile etkileşiminin negatif yönde önemli olduğu saptanmıştır ($p \leq 0.01$).

Yaprak alt yüzeyi L değerine bakıldığında ise, yaprak üst yüzey L, kroma, hue özellikleri ile pozitif bir korelasyon ($p \leq 0.01$), yaprak sapı ile negatif bir korelasyon ($p \leq 0.05$), içerisinde olduğu görülmektedir

Yaprak üst yüzeyi kroma değerinin yaprak üst yüzeyi L değeri ile etkileşimi pozitif korelasyon göstermiştir ($p \leq 0.01$) Ayrıca yaprak sap uzunluğu ile de korelatif ilişkisi negatif yönde % 95 önemli bulunmuştur. ($p \leq 0.05$)

Yaprak alt yüzeyi kroma değerinin ise yaprak üst yüzeyi L, kroma, yaprak alt yüzeyi L değeri ile etkileşimi % 99 güvenle pozitif yönde önemli bulunurken; yaprak üst yüzeyi hue değeri ile pozitif yönde % 95 olduğu saptanmıştır.

Yaprak üst yüzeyi hue, L ve kroma değeri, yaprak kalınlığı ile pozitif yönde korelatif ilişki içerisinde olurken, yaprak eni ile negatif yönde korelatif ilişki içerisinde bulunmuştur ($p \leq 0.01$).

Yaprak alt yüzeyi hue değerleri incelendiğinde ise yaprak eni parametreleriyle negatif bir korelatif ilişki içinde olurken; yaprak üst yüzeyi L,

kroma ve hue deęerleri, yaprak alt yzeyi L ve kroma deęerleriyle pozitif bir korelasyon ierisinde olduęu saptanmıřtır ($p \leq 0.01$).

Meyve eni ve meyve boyunun korelasyonu pozitif ynde nemli bulunmuřtur ($p \leq 0.01$). Meyve eninin yaprak boyu ile iliřkisi de pozitif ynde olmuřtur. Meyve boyu parametresinin, yaprak sap uzunluęu, yaprak kalınlıęı, yaprak st yzey L ve hue deęeri ile korelasyonunun pozitif ynde olduęu belirlenmiřtir ($p \leq 0.01$).

Tohum eni ve tohum boyu parametreleri ile meyve eni ve meyve boyu parametrelerinin korelatif iliřkisi pozitif ynde olduka nemli bulunmuř, aynı zamanda tohum boyunun tohum eni korelasyonu da pozitif ynde olmuřtur ($p \leq 0.01$). Tohum boyunun yaprak sapı uzunluęu, yaprak kalınlıęı, yaprak st yzeyi L deęeri, yaprak st yzeyi hue deęeri ile de etkileřimi pozitif ynde saptanmıřtır.

Meyve aęırlıęı parametresinin meyve eni, meyve boyu, tohum eni, tohum boyu ve yaprak boyu parametreleri ile pozitif bir korelasyon ierisinde olduęu belirlenmiřtir. Yine aynı řekilde tohum aęırlıęı parametresi de meyve eni, meyve boyu, tohum eni, tohum boyu parametreleriyle pozitif ynde bir korelatif iliřki ierisinde olmuřtur ($p \leq 0.01$). Ayrıca tohum aęırlıęının meyve aęırlıęı ile korelatif etkileřimi % 95 gvenle pozitif ynde nemli bulunmuřtur. Bunun yanında tohum aęırlıęının yaprak sapı uzunluęu, yaprak kalınlıęı ve yaprak st yzeyi L deęeri ile korelasyonu pozitif olmuřtur.

Meyve kabuęu renginin L deęeri, meyve kabuęu kroma deęeri, meyve kabuęu hue deęerinin birbirleriyle korelatif etkileřimlerinin pozitif ynde oldukları saptanmıřtır ($p \leq 0.01$). Her  meyve kabuęu renk parametrelerinin yaprak boyu ile korelasyonu pozitif ynde olurken, yaprak kalınlıęı ile korelasyonu negatif olmuřtur ($p \leq 0.01$). Yine her  parametrenin de yaprak alt yzeyi rengi L deęeri, meyve aęırlıęı ile korelasyonu pozitif olurken, meyve kabuęu kroma deęeri ile meyve kabuęu hue deęerinin meyve eni ile korelatif etkileřimi pozitif ynde olmuřtur.

Çizelge 4.15. Agronomik özellikler arasındaki korelasyonlar

	K1	K2	K3	K4	K5	K6	K7	K8	K9	K10	K11	K12	K13	K14	K15	K16	K17	K18
K2	0.589**																	
K3	0.482**	0.168																
K4	-0.393**	-0.302*	0.050															
K5	-0.333**	-0.074	-0.060	0.526**														
K6	-0.104	0.039	-0.299*	-0.053	0.492**													
K7	-0.423**	-0.210	-0.202	0.472**	0.625**	0.471**												
K8	0.008	0.208	-0.277*	-0.097	0.408**	0.809**	0.254*											
K9	0.020	0.168	-0.245	-0.152	0.360**	0.877**	0.262*	0.813**										
K10	-0.334**	-0.224	-0.207	0.073	0.304*	0.548**	0.578**	0.511**	0.579**									
K11	0.199	0.358**	0.126	-0.088	0.163	0.171	0.013	0.268*	0.203	-0.088								
K12	-0.122	-0.053	0.332**	0.443**	0.480**	-0.014	0.288*	-0.097	-0.170	-0.094	0.434**							
K13	0.175	0.138	0.126	-0.009	0.290*	0.117	0.009	0.161	0.117	-0.109	0.717**	0.400**						
K14	-0.067	0.047	0.356**	0.386**	0.451**	-0.156	0.268*	-0.219	-0.300*	-0.134	0.355**	0.851**	0.395**					
K15	0.066	0.300*	0.175	0.057	0.232	0.041	0.062	0.153	0.005	-0.146	0.856**	0.559**	0.601**	0.580**				
K16	0.042	0.127	0.273*	0.283*	0.435**	0.036	0.199	0.072	-0.015	-0.072	0.645**	0.689**	0.759**	0.735**	0.710**			
K17	0.151	0.565**	-0.230	-0.372**	-0.065	0.116	-0.094	0.326*	0.180	-0.004	0.233	-0.143	-0.090	-0.098	0.299*	-0.161		
K18	0.174	0.581**	-0.233	-0.391**	-0.083	0.138	-0.094	0.333**	0.181	-0.015	0.261*	-0.145	-0.095	-0.118	0.308*	-0.159	0.977**	
K19	0.143	0.576**	-0.245	-0.340**	-0.082	0.111	-0.094	0.343**	0.167	-0.025	0.281*	-0.127	-0.071	-0.098	0.343**	-0.127	0.987**	0.982**

Korelasyon karakterlerinde kullanılan kısaltmalar

- K1: Yaprak eni
- K2: Yaprak boyu
- K3: Sap uzunluęı
- K4: Yaprak kalınlıęı
- K5: Yaprak üst rengi L değeri
- K6: Yaprak üst rengi kroma değeri
- K7: Yaprak üst rengi hue değeri
- K8: Yaprak alt yüzeyi L değeri
- K9: Yaprak alt yüzeyi kroma değeri
- K10: Yaprak alt yüzeyi hue değeri
- K11: Meyve eni
- K12: Meyve boyu
- K13: Tohum eni
- K14: Tohum boyu
- K15: Meyve aęırlıęı
- K16: Tohum aęırlıęı
- K17: Meyve üst rengi L değeri
- K18: Meyve üst rengi chroma değeri
- K19: Meyve üst rengi hue değeri

4.4. Faktör Analizi

İslah çalışmalarının bir çoęunda morfolojik özellikler değeriendirilirken hangi kriterlerin ön planda tutulacaęı seleksiyona yön vermek açısından önemlidir. Birden fazla özellięin bir arada değeriendirilmesinde faktör analizi kullanılır. Bu yöntemde bir çok özellik, karakter sayısı fazla olmasına rağmen, genotiplerin çok yönlü değeriendirilmesine olanak verir. Çizelge 4.16'da idris

genotiplerine ait faktör sonuçları yer almaktadır. Çizelgelerin ilk sütununda varyasyonu oluşturan faktör grupları ile her faktör grubuna giren özelliklere ait faktör katsayıları yer almakta, aynı faktör grubu içerisinde yer alan özelliklerin birbirleri ile ilişkilerini göstermektedir. Negatif korelasyon katsayıları ters ilişkiyi gösterirken değerin 1'e yaklaşması özellikler arasındaki ilişkinin güçlendiğini ifade eder. Çizelge 4.17'de yer alan değerler ait olduğu yılda varyabiliteyi ne kadar temsil ettiğini göstermektedir. Çizelgelerde yer alan faktör gruplarının sahip olduğu varyasyon değeri o özelliklere göre seçim yapıldığında toplam varyasyonun yüzde olarak ne kadarının seçildiğinin göstergesidir.

Genotip*özellikler şeklinde oluşturulan veri setine göre önce 'Principal Component' (PC) analizi yapılmıştır (**Sneath and Sokal, 1973**). 19 ayrı özellik arasında Pearson korelasyon katsayıları kullanılarak yapılan PC analizinde birbirinden bağımsız 5 adet PC eksenini elde edilmiştir. Ayrıca bu 5 PC ekseninde yer alan özelliklerin faktör katsayıları da **Walton (1971)**'e göre hesaplanmıştır. Elde edilen 5 PC eksenine ait skorlar kullanılarak '*gruplar arası benzerlik*' (Şekil 4.2) dendogramı oluşturulmuştur.

İlk 5 PC eksenini toplam varyasyonun % 83.70'ni temsil etmektedir. Bu gruplarda idris genotiplerine ait 19 özellik yer almıştır (Çizelge 4.16). Toplam varyasyonun % 20.56'sını kapsayan birinci PC ekseninde tohum eni, meyve eni, meyve ağırlığı, tohum ağırlığı yüksek faktör katsayıları taşıyan özellikler olarak belirlenmiştir. Toplam varyasyonun % 19.45'ni temsil eden ikinci PC ekseninde meyve kabuk rengi hue, L, kroma özellikleri ile yaprak boyu yer almaktadır. Üçüncü PC eksenini, varyasyonun % 19.15'ni kapsamaktadır. Bu PC ekseninde yaprak alt rengi kroma, yaprak üst rengi kroma, yaprak alt rengi L, yaprak alt rengi hue özellikleri önemlidir. Toplam varyasyonun % 14.96'sını kapsayan dördüncü PC ekseninde yaprak üst rengi hue, yaprak kalınlığı, tohum boyu, meyve boyu, yaprak üst rengi L değeri faktör katsayıları yüksek özelliklerdir. Beşinci ve son PC eksenini ise varyasyonun % 9.59'nu taşımakta ve yaprak sap uzunluğu ile yaprak eninden oluşmaktadır.

Çizelge 4.16. İdris genotiplerinin ait oldukları faktör grupları

Morfolojik özellikler	Faktör Katsayıları				
	1	2	3	4	5
Tohum en	0. 889	-0. 156	0. 125	-0. 100	0. 032
Meyve en	0. 881	0. 236	0. 138	-0. 071	0. 074
Meyve ağırlık	0. 853	0. 338	-0. 055	0. 180	0. 041
Tohum ağırlık	0. 852	-0. 137	0. 004	0. 331	0. 143
Meyve Hue	0. 053	0. 978	0. 072	-0. 098	-0. 049
Meyve L	0. 009	0. 974	0. 082	-0. 101	-0. 030
Meyve kroma	0. 018	0. 973	0. 093	-0. 121	-0. 020
Yaprak boy	0. 183	0. 620	0. 072	-0. 173	0. 545
Alt yaprak kroma	0. 045	0. 089	0. 937	-0. 118	0. 018
Üst yaprak kroma	0. 067	0. 056	0. 930	0. 088	-0. 074
Alt yaprak L	0. 133	0. 257	0. 864	-0. 069	-0. 044
Alt yaprak hue	-0. 209	-0. 057	0. 698	0. 268	-0. 156
Üst yaprak hue	-0. 024	-0. 047	0. 446	0. 737	-0. 189
Yaprak kalınlık	0. 021	-0. 291	-0. 075	0. 732	-0. 136
Tohum boy	0. 558	-0. 016	-0. 284	0. 660	0. 202
Meyve boy	0. 634	-0. 022	-0. 217	0. 643	0. 173
Üst yaprak L	0. 194	-0. 117	0. 450	0. 633	-0. 197
Yaprak sap uzunluk	0. 138	-0. 211	-0. 248	0. 123	0. 812
Yaprak en	0. 102	0. 134	-0. 026	-0. 423	0. 798

Çizelge 4.17. İdris genotiplerinde faktör gruplarının açıklandığı varyabilitenin değerlendirilmesi

Faktör	Özdeğerler	Açıkladığı varyasyon (%)	Kümülatif varyasyon (%)
1	3.91	20.56	20.56
2	3.70	19.45	40.05
3	3.64	19.15	59.16
4	2.84	14.96	74.11
5	1.82	9.59	83.70

Aynı eksenlerde yer alan özelliklerin birbirleri ile önemli korelasyon gösterdikleri de söylenebilir. Örneğin tohum eni, meyve eni, meyve ağırlığı, tohum ağırlığı arasındaki ilişki meyveleri ağır olan tiplerin, tohum ağırlıklarının fazla, meyve ve tohum enlerinin de geniş oldukları söylenebilir.

Tohum eni, meyve eni, meyve ağırlığı, tohum ağırlığı varyasyonun en büyük kısmının temsil edildiği birinci PC ekseninde yer almaları bu özelliklerin

aynı zamanda genotipleri, daha doğrusu grupları, birbirinden ayırt etmek için kullanılabildikleri anlamına da gelmektedir.

4.5. Cluster Analizi ve Genotiplerin Gruplanması

Ebeveyn seçiminde, genotiplerin seleksiyon kriterleri bakımından farklı özelliklere sahip olmaları ve değişik ekocoğrafik bölgelerden gelmeleri istenmektedir. Hierarchical Cluster analizinde genotipler benzerliklerine göre ‘hiyerarşik’ kümeler veya ‘gruplar’ altında toplanmakta ve bunlara ilişkin dendogramlar oluşturulmaktadır. 2005, 2006, 2007 yılı denemelerinden elde edilen veriler kullanılarak genotip*özellikler şeklinde oluşturulan veri setinde ‘Principal Component’ (PC) analizinden elde edilen sonuçlar ile Ward’s metoduna göre elde edilen dendogram Şekil 4.2’de verilmiştir. Gruplar arasındaki benzerlik yöntemine göre oluşturulan bu dendogramdaki benzerlik skalası, aynı veya farklı kümelerdeki genotiplerin birbirleri ile ne derece benzeştiklerini göstermektedir.

Cluster analizine göre yapılan gruplamada, 4 ana grup oluşmuştur. Bu gruplardan 3 grubu kara idris genotipleri oluştururken, bir grubu da sarı idris genotipleri oluşturmuştur.

Afyon, Kemalpaşa, Manisa, Tokat, Turgutlu genotiplerini içeren 1 numaralı grup, 3 alt grup olarak incelenmiş, bu 3 alt grubun birbirine yakın olduğu belirlenmiştir (Şekil 4.2).

1.1 numaralı alt grupta Kp6 ve Man2(3)’ün benzerlik seviyesi tüm popülasyondaki idris tipleri içerisinde en yüksek olmuştur. Bu tiplere, Kemalpaşa genotipi [Kp27(3)] ve Manisa genotipleri [Man9(3), Man2(2)] yakın bulunmuşlardır.

Yine aynı grupta meyveleri koyu kırmızı, tohum enleri oldukça düşük olan iki Afyon genotipinin [Af66(1), Af66(2)] benzerlik seviyeleri yüksek olmuştur. Bu iki genotipe; meyve eni, meyve boyu küçük olan Kp1(4) genotipi en yakın genotip olmuştur. Yaprakları kalın, yaprak renkleri yeşil, mat ve koyu olan Kp20(1) ve Kp20(2) genotipleri birbirine benzer olurken, popülasyonda yaprak sapı en uzun olan T30 genotipi bu iki Kemalpaşa genotiplerine yakın seviyede bulunmuştur.

1.2 numaralı alt grupta ise Afyon genotiplerinden meyve eni, meyve boyu, tohum eni, tohum boyu, tohum ağırlığı düşük, meyve renkleri koyu kırmızı, mat olan genotipler birbirine yakın bulunmuşlardır. Bu genotiplerden Af10(1) ise tüm popülasyondaki yaprak eni ve yaprak boyu en yüksek genotip olmuştur.

1.3 numaralı alt grupta yaprak eni, yaprak boyu, yaprak sapı uzunlukları kısa, meyve eni, meyve boyu, tohum eni küçük, meyve ağırlığı, tohum ağırlığı az olan Tur7, Man5(3), Man9(1), Kp18(1) genotipleri birbirine yakın olmuş, Tur7 ve Man5(3)'ün benzerlik seviyeleri daha yüksek bulunmuştur. Kp18(1) genotipinin ise tüm popülasyondaki en küçük meyve enine sahip olmasından dolayı bu 3 genotipe yakınlığı daha az olmuştur.

2 numaralı ana gruba bağlı 2.1 numaralı alt grupta yaprak eni düşük, sap uzunluğu kısa, yaprakları kalın olan T9, Kp9, Af4, Af11(2), Kp18(3) genotipleri bir araya gelmişlerdir. T9 ile Kp9 genotipinin birbirlerine yakınlığı yüksek olmuş, bu iki genotipe en yakın genotip Af4 genotipi olarak belirlenmiştir. Meyve kabuk kroma değeri (6.89) tüm popülasyonda en düşük olarak belirlenen Af11(2), bu genotiplere yakın seviyede bulunmuştur. Kp18(3) genotipi ise tüm genotipler içerisinde alt yaprak hue (145.24) ve üst yaprak hue değeri (142.09) en yüksek olarak belirlenerek bu Tokat ve Kemalpaşa genotiplerine yakın bulunmuştur.

Meyve eni, meyve boyları büyük olan Tur3, Af18(1), T31 genotipleri birbirine benzer bulunarak 2.2 numaralı alt grupta yer almışlardır. Tur3 genotipi popülasyondaki en kalın yapraklı, T31 genotipi ise en fazla meyve boyuna sahip olarak bu grupta yerini almıştır. Tohum ağırlıkları fazla, tohum enleri geniş bulunan Kp1(2), Af18(2), Kp1(3), Kp1(1) genotipleri birbirine benzer bulunmuşlardır. Kp1(2) ve Af18(2) genotiplerinin tohum ağırlıkları daha yüksek bulunarak birbirlerine yakın seviyede olmuşlardır. Kp1(1) genotipi ise popülasyondaki en geniş tohum enine (6.08) sahip olmuştur.

3 numaralı grupta yer alan, Afyon, Kemalpaşa, Manisa, Tokat genotiplerinin yaprak eni, yaprak boyu, yaprak kalınlığı, meyve eni, meyve boyu, tohum eni, tohum boyu, tohum ağırlıkları tüm idris popülasyonunda ortalama değerlere sahip olmuş, ayrıca buradaki genotiplerin yaprak sapı uzunlukları kısa olarak belirlenmiştir. 3.1 numaralı alt grupta yer alan Af11(4) ve Af3 genotipleri birbirine en yakın seviyede olurken, bu iki genotipe en yakın genotip Man5(2) olmuştur. 3.2 numaralı alt gruptaki Af10(5) ve Man5(1) genotipleri birbirine benzer seviyede bulunmuş; T14, Kp4, Af5(2), Af6(2) sırasıyla artan mesafelerle

yakın bulunarak bu iki genotiple aynı grupta yer almışlardır. Kemalpaşa genotipleri Kp3(1) ve Kp3(2) ise birbirine benzer bulunarak, 3.1 ve 3.2'deki genotiplere yakın olmuşlardır.

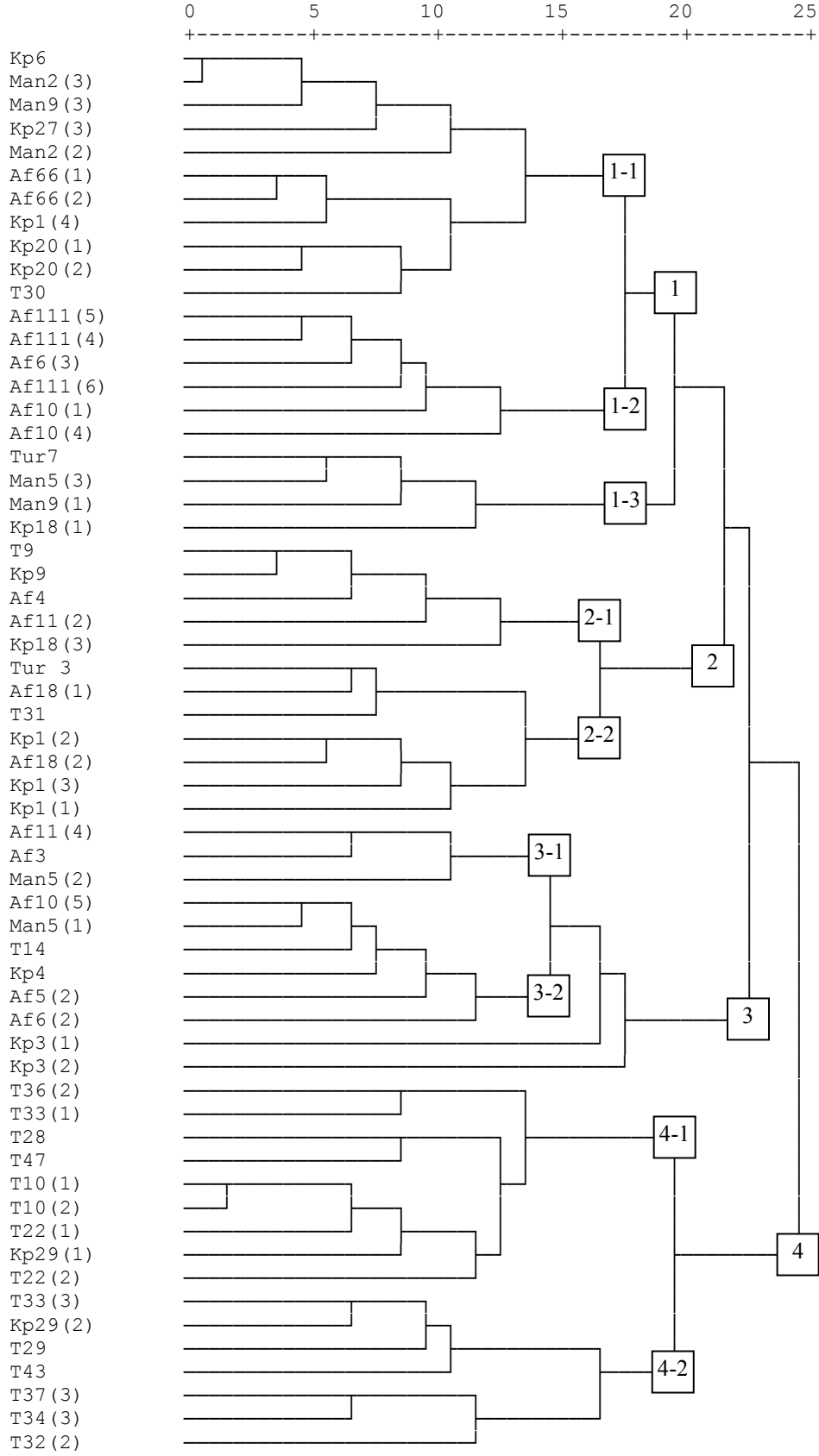
4 numaralı grubu, yaprak boyları uzun, ortalama bir yaprak kalınlığına sahip, meyve eni ile meyve boyları iri, meyve kabuk renk değerleri ise daha açık, canlı, sarı olan Tokat genotipleri oluşturmuştur.

4.1 numaralı alt grupta yaprakları kalın olan T36(2) ve T33(1) birbirine benzer bulunmuş, çok yakın idris genotipleri olarak ikili grup oluşturmuşlar. T33(1) genotipinin meyve hue değeri 84.54 ile tüm idris populasyonunda en yüksek olmuş ve en açık renkli sarı idris olarak burada yer almıştır.

Yaprak sapları kalın, meyve boyları, tohum boyları, tohum enleri küçük olan T28 ve T47 idris genotipleride birbirine benzer bulunarak, ikili grup oluşturmuşlardır.

T10(1) ve T10(2) genotiplerinin birbirine benzerlik seviyesi oldukça yüksek olmuş, yaprak renklerinin daha açık, canlı ve yeşil olduğu belirlenmiştir. Bu ikili genotipe, 4 numaralı gruptaki idris genotipleri içerisinde en yüksek yaprak eni, yaprak boyu, meyve kromasına sahip T22(1) yakın bulunmuştur. T10(1), T10(2), T22(1) genotiplerine yine bir sarı idris olan Kp29(1) yaprak renkleri ile benzer bulunmuştur. Bu genotiplere [T10(1), T10(2), T22(1), Kp29(1)], yaprak kalınlığı, meyve eni, meyve ağırlığı, tohum ağırlığı düşük olan T22(2) daha az seviyede benzer bulunarak aynı grupta yer almıştır.

4.2 numaralı alt grupta yaprak sapı uzunlukları kısa, yaprak renkleri daha koyu, donuk, yeşil olan olan T33(3), Kp29(2), T29, T43 genotipleri birbirine benzer bulunurken, yine Tokat yöresinden bir genotip [T33(3)] ile Kemalpaşa yöresinden genotipin [Kp29(2)] benzerlik seviyeleri daha yüksek bulunmuştur. Yaprak sapı uzunluğu, tohum eni ve meyve kabuk rengi 4 numaralı grupta yüksek olan T34(3) ile T37(3), 4.2 numaralı alt grupta birbirine yakın bulunarak ikili grup oluşturmuşlardır. Bu iki genotipe en yakın genotip ise meyve eni, meyve boyu, tohum eni, tohum boyu, meyve ağırlığı, tohum ağırlığı yüksek olan T32(2) genotipi olmuştur.



Şekil 4.2. İdris genotipleri arasındaki benzerlikleri ve farklılıkları gösteren gruplar arası benzerlik dendogramı

4.6. SSR Markör Analizi

İdris genotiplerindeki farklılıkları belirlemek üzere daha önceden kiraz ve şeftalide kullanılan 36 adet SSR primeri denenmiş ve bu SSR primerlerinden 28'i amplifike olmuş, fakat bir primerin (EMPaS15) bantları net olmadığı için değerlendirmeye alınamamıştır. Elde edilen bantlar değerlendirilmiş; bir allelin mevcudiyetinin 1, yokluğunun sıfır ve amplifikasyon olup olmadığının belli olmadığı durumların dokuz (9) olarak skorlandırıldığı 0, 1, 9 formuna dönüştürülmüş ve dönüştürülen bu değerler bilgisayarda NTSYS (Numerical Taksonomy and Multivariarte Analysis System) adlı bilgisayar paket programında analiz edilmiştir. Bazı primerlere ait jel görüntüleri (Şekil 4.4, 4.5, 4.6, 4.7, 4.8, 4.9, 4.10, 4.11, 4.12) verilmiştir.

Araştırmada amplifikasyon gerçekleşen toplam 27 primere ait allel verileri Çizelge 4.18'de verilmiş ve bu primerler aşağıda incelenmiştir.

Primer 3 software programı kullanılarak tasarlanan (**Rozen and Skaletsky, 1998**) EMPaSO1^A, EMPaSO5, EMPaSO6B, EMPaS10^A, EMPaS12^A, EMPaS13, EMPaS14^A, EMPaS15, EMPaS18 primerlerinin araştırmacılar tarafından kirazda kullanılarak karakterizasyonu yapılmıştır (**Vaughan and Russell, 2004**). İdris genotiplerinde kullanılan bu primerlerden EMPaSO2^B, EMPaSO4, EMPaSO7, EMPaS11^A primer çiftleri hiç bant vermemiş, EMPaS15 primer çifti ise idris genotiplerinin SSR analizlerinde çalışmış ama bantlar net olmadığı için değerlendirilememiştir. Bu primerlere referans çalışmasındaki (**Vaughan and Russell, 2004**) touch down PCR programı idris için modifiye edilerek uygulanmıştır.

EMPaSO1^A: (GA)₉(GA)₁₁ tekrarları içeren bu primerin oluşturması gereken bant büyüklüğü 4 allelde 222-238 bp olurken (**Vaughan and Russell, 2004**), idris genotiplerinde 4 allelde (50/150/200/350 bp) çıkmış ve polimorfik bulunmuştur. 350 bp'lik bant sadece Af3 genotipinde meydana gelmiş ve diğer idris genotiplerinden bu tip ayrılmıştır.

EMPaSO5: 161-171 bp olarak kirazda (Vaughan and Russell, 2004) 3 allel bant veren bu primer, idris genotiplerinde 8 bant vermiş (50/70/100/150/200/250/350/400 bp) ve özellikle 250 bp'de yüksek derecede polimorfik bulunmuştur. Bu bantlardan 70 bp yalnızca Kp1(4), 150 bp Af10(4), 400 bp Af10(5) genotiplerinde meydana gelerek, diğer idris genotiplerinden ayırmıştır.

EMPaSO6B: (CT)₁₂ tekrarları içeren, kiraz genotiplerinde 200-218 bp olarak 5 allelde ayırt edici özellik gösteren bu primer, idris genotiplerinde 50-200 bp arasında 4 allel belirlenmiş ve polimorfik bulunmuştur.

EMPaS10^A: Kirazda 151-183 bp arasında 6 allel oluşturmuş olan bu primer idrislerde 50-200 bp arasında 4 allel oluşturmuş ve polimorfizmi yüksek bulunmuştur (Şekil 4.4).

EMPaS12^A: Kirazda 122-148 bp arasında 5 allel oluşturan gösteren bu primer, idris genotiplerinde 50-150 bp arasında 3 bant vererek yüksek derecede polimorfizm göstermiştir (Şekil 4.5).

EMPaS13: (TC)₁₁(GT)₃at(GT)₅ tekrarları açısından zengin olan bu primer kirazda 213-215 bp'de olmak üzere 2 bant vermiştir. İdris genotiplerinde denenen bu primer 50-250 bp arasında 5 bant vermiş ve polimorfik bulunmuştur. 50 bp ve 250 bp'lik bantlar ise monomorfik özellik göstermiş ve bu primerin bu allellerde ayırt edici özelliği bulunmamıştır.

EMPaS14^A: 196-210 bp olarak kirazda 3 allelde ortaya çıkan bu primer, idris genotiplerinde 50 ile 210 bp arasında 6 allel oluşturmuştur. 100 bp'lik allel sadece T9 genotipini, 100 ile 150 bp'lik allel ise yalnızca Af3 genotipini diğer idrislerden ayırmıştır.

EMPaS18: Kiraz genotiplerinde hiç bant vermeyen bu primer idris genotiplerinde 50 ile 250 bp arasında 6 bant vermiş ve polimorfizmi yüksek bulunmuştur.

Wang et al. (2002) tarafından şeftalide geliştirilmiş olan pchgms12, pchgms15, pchgms17, pchgms20, pchgms24, pchgms25 primerlerinde PCR koşulları her biri için ayrı ayrı touch down yapılarak modifiye edilmiştir. Pchgms14 primer çifti ise çalışmamıştır.

Pchgms12: Şeftalide 433 bp büyüklüğünde bant verdiği belirlenen bu primer çifti idris genotiplerinde 4 allelde (50 /200/400/450 bp) görülmüştür. Bu allellerden 200 bp'lik olan allel yalnızca Kp3(1) idris genotipini ayırken, diğer alleller monomorfik bulunmuştur.

Pchgms15: Şeftalide 311 bp'lik bant verdiği belirlenen bu primer, idris genotiplerinde 50 ve 300 bp olmak üzere 2 bant vermiştir. 50 bp'lik olan bant monomorfik olurken, 300 bp'de Af111(6) ve Kp6'da hiç bant meydana gelmeyerek diğer genotiplerden ayrılmıştır.

Pchgms17: (AT)₈'ce zengin bu primer şeftalide 219 bp, idris genotiplerinde 50-400 bp arası 6 allelde oluşmuş ve polimorfizmi yüksek bulunmuştur. Yalnızca 50 bp'lik bant monomorfik olmuştur (Şekil 4.6).

Pchgms20: Şeftalide (TA)₅(TC)₁₁'ce zengin olduğu belirlenen 252 bp'lik bu primer çifti, idris genotiplerinde 250 bp'lik tek allel oluşturmuştur. Kp1(3) ve Man2(3) genotiplerinde 250 bp'lik bant bulunmadığı için diğer genotiplerden ayrılmıştır.

Pchgms24: Şeftalide 509 bp'lik bant oluşturan bu primer çifti, idriste 50 ile 400 bp arasında 6 allelde ortaya çıkmıştır. 5 allel oldukça polimorfik bulunurken, 200 bp yalnızca T10(2) genotipini ayırmıştır.

Pchgms25: (TG)₁₃(AG)₂₂'ce zengin olan ve şeftalide 369 bp büyüklüğünde bant meydana getiren bu primer çifti, idriste 50 bp ve 300 bp olmak üzere 2 bant meydana getirmiş ve her iki bantta monomorfik bulunmuştur.

Prunus persica L. Batsch'den (Cipriani et al. 1999; Testolin et al. 2000) alınıp *Prunus avium* için karakterize edilen (Scheuler et al., 2003) primerler UDP96-001, UDP96-005, UDP97-403 olan idris genotiplerinin ayrılmasında

kullanılmıştır. PCR koşulları idris için modifiye edilmiş, primerin bağlanması için gereken sıcaklık referans makalede 60 °C verilirken, idriste bağlanma sıcaklığı 50 °C olarak belirlenmiştir.

UDP96-001: (CA)'ca zengin olan ve kirazda 108-128 bp büyüklüğünde 4 allele sahip olan bu primer, idris genotiplerinde 7 allele (50/100/250/300/400/500/550) ortaya çıkmıştır. Bu allelelerden 300 bp yalnızca Kp1(4) genotipini, 400 bp yalnızca Af11 genotipini ayırabilmiştir. Diğer allellerin polimorfizm seviyesi oldukça yüksek bulunmuştur.

UDP96-005: (AC)&(CT)'ce zengin olan UDP96-005 kirazda 78-104 bp arasında 5 bant vermiş, idriste ise 100, 120, 150 bp olmak üzere toplam 3 farklı bant vermiştir. Yüksek düzeyde monomorfik özellik gösteren bu primerle oluşan bantlarda 100 bp'de Man9(3) genotipinde, 150 bp'de Af10(1) genotipinde hiç bant bulunmamış ve bu genotipler diğerlerinden ayrılmışlardır. 120 bp'lik bant ise sadece Kp1(3), Kp20(1), Man9(3) genotiplerinde meydana gelmiştir.

UDP97-403: (AG)'ce zengin olan bu primer kirazda 124-152 bp arasında 8 allele ortaya çıkmıştır. İdris genotiplerinde UDP97-403 primeri 5 allele (50/100/120/150/250-300 bp) meydana gelmiş ve bu primerin her allele polimorfizm seviyesi oldukça yüksek bulunmuştur.

Genel olarak (CT) tekrarlarınca zengin olan ve *Prunus persica* kütüphanesinden izole edilip 'BPPCT X' kodu verilen primerler **Dirlewanger et al. (2002)** tarafından şeftali ve kirazın SSR analizlerinde kullanılmıştır. Çalışmada kiraz için uyumlu bulunan primerlerin arasından BPPCT 034, BPPCT 038, BPPCT 039, BPPCT 040 primerleri bu çalışmada kullanılmıştır. Bu primerlerden BPPCT 039, BPPCT 040 primer çiftleri hiç bant vermemiştir. Kullanılan PCR koşulları ise referans gösterildiği makaledeki şekliyle uygulanmış, BPPCT 034 ve BPPCT 038 primerlerinde amplifikasyon gerçekleşmiştir.

BPPCT 034: (GA)₁₉ tekrarlarınca zengin olup referans gösterildiği çalışmada **Dirlewanger et al. (2002)**, 228 bp uzunluğunda bantlar veren bu primer, idriste 50-300 bp arasında 4 bant vermiştir. Bu bantlardan 50 bp ve 200

bp'lik bantların hiçbir ayırıcılığı olmamış, 250 bp ise Af5(2) ve Af11(2) genotiplerinde meydana gelmeyerek bu genotipleri diğerlerinden ayırmıştır. 300 bp'lik bant ise oldukça polimorfik bulunarak, ayırıcılığı yüksek bulunmuştur (Şekil 4.7).

BPPCT 038: Şeftalide 135 bp uzunluğunda bantlar veren bu primer çifti, idriste 3 allelde (50/150/200) meydana gelmiştir. 50 bp'lik allelin hiç ayırıcılığı olmazken, 150 bp ve 200 bp'lik allellerin ayırıcılığı yüksek bulunmuştur.

Cantini et al. (2001) tarafından kirazda tanımlanan Pchpgms3, PSO8EO8, PMS49, PMS3, PceGA25 primerleri vişne, kiraz ve kiraz anaçlarının SSR analizlerinde kullanılmıştır (**Pedersen, 2006**). Referans çalışmasındaki PCR koşullarında 55 °C'de amplifikasyon gerçekleşirken (**Pedersen, 2006**), idris genotiplerinde amplifikasyon 60-50 °C touch down yapılarak gerçekleştirilmiştir.

PceGA25: 145-198 bp uzunluğunda 14 allelde bant vermiş olan bu primer çifti idris genotiplerinde 50-200 bp arasında 3 farklı bant vermiş, 150 ve 200 bp'nin ayırıcılığı yüksek bulunmuştur (Şekil 4.8).

PMS3: Kirazda 152-200 bp arasında 16 allelde ortaya çıkan bu primer, idris genotiplerinde 500 bp'de bant vermiş ve monomorfik bulunmuştur (Şekil 4.9).

Pchpgms3: 174-189 bp'de kirazda bant veren bu primer idriste toplam 4 farklı (50/100/160/180) bant vermiş, 160 bp'lik bantın bir ayırıcılığı olmamıştır.

PSO8EO8: 172-185 bp uzunluğunda bantlara sahip olduğu belirlenmiş olan bu primer idriste 200 bp'de bant meydana getirmiş ve monomorfik olduğu belirlenmiştir (Şekil 4.10).

PMS49: Kirazda 79-185 bp uzunluğunda bant veren bu primer çifti, idris genotiplerinde (50/70/90/200) 4 farklı allel meydana getirmiş ve polimorfik bulunmuştur (Şekil 4.11).

Downey and Iezzoni (2000) tarafından kiraz genotiplerinin belirlenmesinde kullanılan PS01H03, PS05C03, PS07A02, PS12A02 primerleri şeftalinin

karakterizasyonunda da kullanılmıştır (**Sosinski et al. 2000**). Bu primerlere referans çalışmasındaki (**Sosinski et al. 2000**) touch down uygulanmıştır

PS05C03: Bu primer çifti idris genotiplerinde 50 bp ve 120 bp olmak üzere 2 allel meydana getirmiş ve 50 bp'lik allel polimorfik bulunurken, 120 bp'lik allel monomorfik bulunmuştur.

PS07A02: İdris genotiplerinde toplam 3 bant (50/120/150-200 arası) vermiş olan bu primer 50 bp'de oldukça polimorfik bulunurken, 120 bp'de yalnızca Kp1(2), Kp1(3), Man5(3), Kp18(1), Kp18(3) genotiplerinde, 150-200 bp arasında ise yine Kp1(3), Man5(3), Kp18(1), Kp18(3 ve Af 11(2) genotiplerinde bant oluşturmayarak bu genotipleri bu allellerde diğer idrislerden ayırmıştır (Şekil 4.12).

PS12A02: Downey and Iezzoni (2000)'e göre 150-178 bp arasında 12 bant veren bu primer idris genotiplerinde 3 bant (50/150/200/200-250 arası) oluşturmuştur. Bu primer çifti 50 bp, 150 bp, 200 bp'lik bantlarda monomorfik bulunurken, 200-250 bp arasında ise yüksek derecede polimorfik olmuştur.

60 idris genotipi kullanılarak 27 SSR markörü ile oluşturulan dendogramdan (Şekil 4.3) elde edilen ultrametrik uzaklık matrisi ile DICE metoduna göre elde edilen matris korelasyon katsayısı kabul edilebilir sınırlar içerisinde yer almaktadır (0.78).

Çizelge 4.18. Mikrosatellit analizi sonucu elde edilen bant büyüklükleri ve allel sayıları

Primer kodu	Fragment büyüklükleri (bp)	Allel sayısı
EMPaSO1^A	50-350	4
EMPaSO5	50-400	8
EMPaSO6B:	50-200	4
EMPaS10^A	50-200	4
EMPaS12^A	50-150	3
EMPaS13	50-250	5
EMPaS14^A	50-210	6
EMPaS18	50-250	6
Pchgms12	50-450	4
Pchgms15	50-300	2
Pchgms17	50-400	6
Pchgms20	250	1
Pchgms24	50-400	6
Pchgms25	50-300	2
UDP96-001	50-550	7
UDP96-005	100-150	3
UDP97-403	50-300	5
BPPCT 034	50-300	4
BPPCT 038	50-200	3
Pchpgms3	50-180	4
PceGA25	50-200	3
PSO8EO8	200	1
PMS3	500	1
PMS49	50-200	4
PS05C03	50-120	2
PS07A02	50-200	3
PS12A02	50-250	4

SSR primerleri ile oluşturulan dendogram incelendiğinde (Şekil 4.3) 0.78 benzerlik düzeyinde 2 ana gruba ayrıldığı birinci ana grupta 56 genotipin, ikinci ana grupta 4 genotipin yer aldığı belirlenmiştir. .

Dendogramın birinci ana grubu 2 alt gruba ayrılmış, bu gruplardan 1.1 nolu alt grup tekrar 2 gruba ayrılmış, 1.1.1 nolu alt grup büyük bir çoğunluğu sarı idris olan Tokat yöresine ait tüm idris genotiplerini, Afyon yöresinden 9 genotipi ve Turgutlu yöresine ait bir genotipi içermiştir.

1.1.2 no'lu alt grupta Afyon genotiplerinden Af6(3) ve Af11(2) genotipleri 0.85 seviyesinde benzerlik göstererek ikili grup oluşturmuşlardır.

Bu iki alt grup (1.1.1 ve 1.1.2) arasındaki benzerlik ise 0.83 olmuştur.

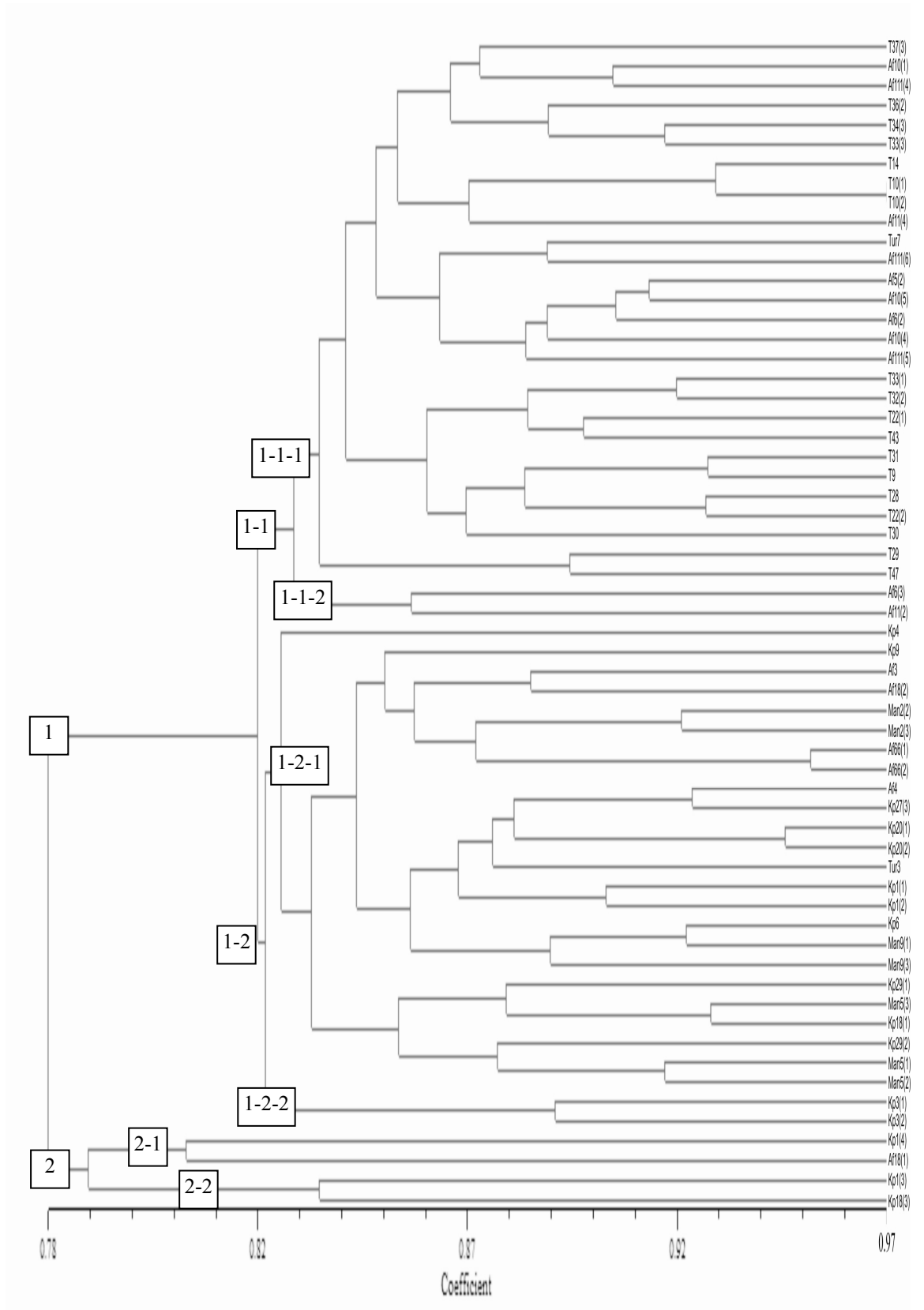
1.1.1 nolu alt grup içerisinde Tokat, Afyon genotiplerinin kendi içlerinde yakın gruplar oluşturduğu görülmektedir. Her ikisi de sarı idris olan Tokat yöresine ait T10(1) ve T10(2) genotipleri 0.97 oranında benzer bulunmuşlardır. Her iki genotipin morfolojik olarak değerlendirilmiş duncan sonuçlarına bakıldığında birbiriyle morfolojik olarak benzer olduğu görülmektedir. Bu iki genotipe en yakın genotip ise yine Tokat yöresinden T14 genotipi olarak saptanmıştır. Af11(4) genotipi ise her 3 Tokat genotipine 0.86 benzerlik seviyesinde bulunarak, gruptaki yerini almıştır.

Afyon yöresinden olan Af10(1) ve Af11(4) genotipleri arasındaki benzerlik 0.90 seviyesinde olarak saptanırken, Tokat yöresinden T37(3) genotipinin bu iki Afyon genotipiyle yakınlığı 0.87 olarak belirlenmiştir.

Tokat yöresine ait idris genotiplerinden T36(2), T34(3), T33(3) idris genotipleri arasındaki benzerlikde 0.90 olmuş, bu 3 genotipten T34(3) ve T33(3) arasındaki benzerlik ise daha yüksek olup 0.91 olarak belirlenmiştir.

Afyon genotiplerinden Af5(2), Af10(5), Af6(2), Af10(4), Af111(5) genotipleride dendogramda aynı yerde yer alıp aralarındaki benzerlik 0.88 olmuştur.

Bu alt grupta yer alan Tur7 genotipi ise Af111(6) genotipi ile 0.88 seviyesinde benzer bulunmuşlardır.



Şekil 4.3. SSR markörlerine dayalı ‘gruplar arası benzerlik’ dendrogramı (60 idris genotipine ait)

Tokat yöresine ait genotiplerden T33(1) ve T32(2), T22(1) ve T43, T31 ve T9, T28 ve T22(2) genotipleri ikiyeşerli gruplar halinde birbiriyle benzer olurken, bu benzer ikili gruplar ve T30 genotipleri arasındaki benzerlik 0.85 olarak belirlenmiştir. T29 ve T47 genotipleri de 0.89 seviyesinde benzer bulunmuşlardır

Dendogramdan görüldüğü gibi birinci ana gruba bağlı ikinci alt grup 1.2'de Kemalpaşa yöresinden 13, Afyon yöresinden 5, Manisa yöresinin tamamı olan 7 genotip ve Turgutlu yöresinden 1 genotip yer almaktadır. Kemalpaşa yöresine ait 2 sarı idrisde bu alt grupta yer almıştır.

Dendogram incelendiğinde Kp3(1) ve Kp3(2) 0.89 seviyesinde birbirleriyle benzerlik göstererek ikili grup oluşturmuşlar (1.2.2) ve diğer genotiplerle (1.2.1) 0.82 seviyesinde benzerlik göstererek ayrı bir grupta yer almışlardır. Dendogramın 1.2.1 no'lu bölümü incelendiğinde popülasyonda bulunan tüm Manisa genotiplerinin burada bulunduğu görülmektedir. Man5(1) ve Man5(2) genotipleri 0.91 seviyesinde birbirleriyle benzerlik göstererek, ikili gruplar oluşturmuşlardır. Bir sarı idris genotipi olan Kp29(2) genotipinin ise Manisa genotiplerine [Man5(1) Man5(2)] benzerliği 0.87 olarak bulunmuştur. Farklı yörelerden olan Man5(3) ve Kp18(1) genotiplerinin benzerliği 0.88 olarak belirlenmiştir. Bu iki genotipe, sarı idris olan Kp29(1) genotipinin benzerliği 0.88 seviyesinde olmuştur. Kp6 genotipi ile Man9(1) genotipi farklı yörelerden olmalarına rağmen benzerlikleri 0.92 seviyesinde olarak saptanmıştır. Bu ikili gruba Man9(3) genotipinin benzerliği ise 0.89 seviyesinde olmuştur. Birbirlerine yakın akraba olan aynı yörenin genotipleri Kp1(1) ve Kp1(2) genotipleri 0.90 seviyesinde birbirine benzer bulunmuşlardır.

Aynı yöreden olan Kp20(1) ve Kp20(2) genotipleri arasındaki benzerlik yüksek bulunarak, 0.94 seviyesinde olduğu belirlenmiştir. Farklı yörelerden olan Af4 ile Kp27(3) genotipi ikili grup oluşturmuş ve aralarındaki benzerlik 0.92 olarak saptanmıştır. Bu ikili gruplara Turgutlu yöresinden olan Tur3 genotipinin benzerliği ise 0.87 olmuştur.

Aynı yörelerden olan Af66(1) ve Af66(2) 0.95, Man 2(2) ve Man 2(3) 0.92, Af18(2) ve Af3 0.88 seviyesinde birbirleriyle benzer bulunarak ikili gruplar oluşturmuşlar ve bu genotiplere en yakın genotip % 85 ile Kp9 genotipi olmuştur.

Kp4 genotipi ise 1.2.1 no'lu grubunda yer alan diğer genotiplere 0.83 benzer bulunarak tek başına yerini almıştır.

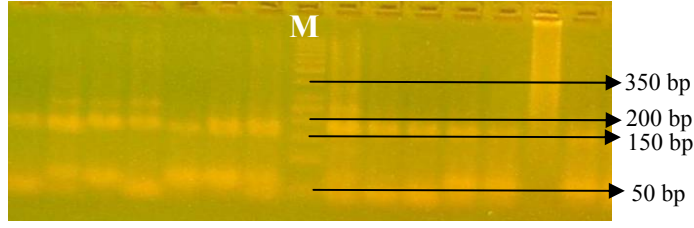
SSR primerleri kullanılarak oluşturulan bu dendogramda ikinci ana grup incelendiğinde Kemalpaşa yöresinden 3 genotip, Afyon yöresinden bir genotip olmak üzere sadece 4 genotipin yer aldığı görülmektedir. İki alt gruba sahip ikinci ana grupta 2.1 ve 2.2 no'lu alt grupların birbirlerine benzerlik seviyeleri 0.79 olarak saptanmıştır. 2.1 no'lu alt grup incelendiğinde Kp1(4) ile Af18(1) genotiplerinin % 79 benzerlik düzeyinde olduğu belirlenmiştir. 2.2. no'lu alt grupta ise birbirine yakın akraba olan Kp1(3) ve Kp18(3) idris genotiplerinin yaklaşık % 84 benzer olduğu görülmektedir. Bu grupta toplananların tümünün kara idris oldukları görülmektedir. Kp1(3) ile Kp18(3) genotiplerinin fenolojik gözlemleri değerlendirildiğinde ise tomurcuk kabarması, yapraklanma başlangıcı ve çiçeklenme başlangıcı tarihlerinin genellikle aynı olduğu saptanmıştır.

27 primer kombinasyonundan toplam 19'u monomorfik, 86'sı polimorfik olmak üzere 105 bant elde edilmiş ve bunların Principal Component (PC) esasına dayalı olarak yapılan faktör analizi sonucu Çizelge 4.19'da verilmiştir. Faktör analizi sonucuna göre öz değeri 1'in üzerinde olan 2 faktör grubu, toplam varyasyonun % 85'ini temsil etmektedir.

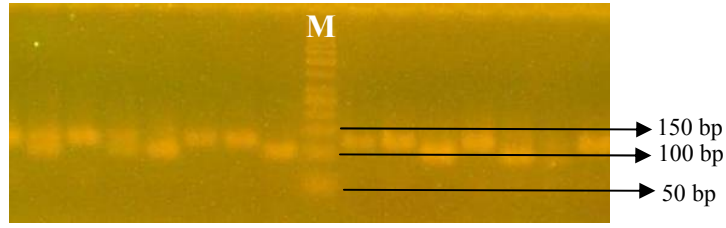
Çizelge 4.19. SSR markörlerine ait faktör analizi

Faktör	Özdeğerler	Varyasyon(%)	Toplam varyasyon(%)
1	49.88	83.14	83.14
2	1.19	1.98	85.12

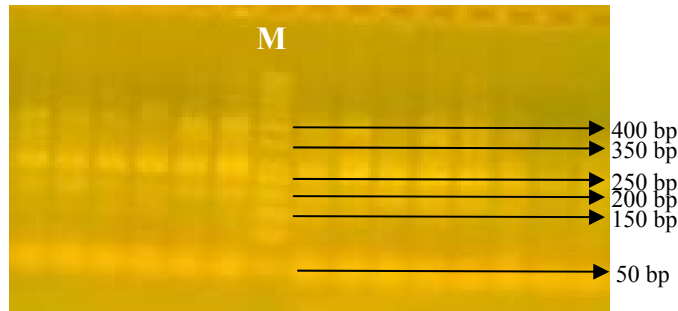
Genotipler arasındaki genetik uzaklık Çizelge 4.20'de verilmiş, birbirine en yakın genotipler T10(1) ve T10(2) (0.0388) olarak belirlenirken; en uzak genotipler 0.4119 değeri ile Kp1(3) ve T22(1) ile Kp1(3) ve Af10(5) genotipleri olarak belirlenmiştir.



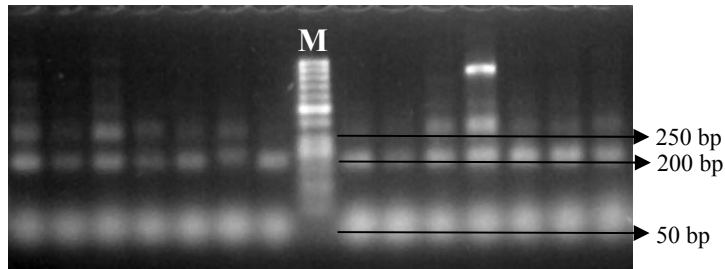
Şekil 4.4. EMPaS10^A primeri ile idris genotiplerinin amplifikasyonu sonucunda elde edilen bant profilleri



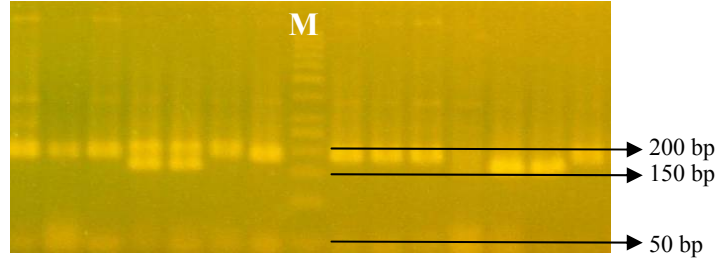
Şekil 4.5. EMPaS12^A primeri ile idris genotiplerinin amplifikasyonu sonucunda elde edilen bant profilleri



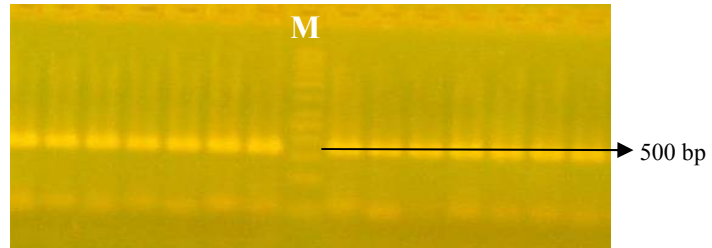
Şekil 4.6. Pchgms17 primeri ile idris genotiplerinin amplifikasyonu sonucunda elde edilen bant profilleri



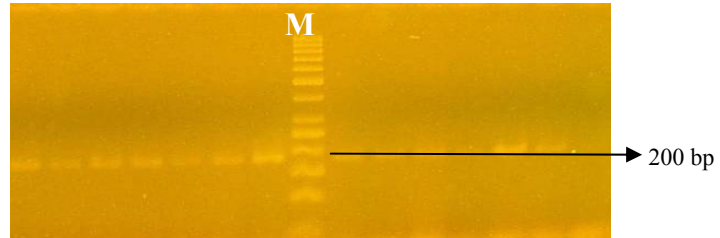
Şekil 4.7. Bppct34 primeri ile idris genotiplerinin amplifikasyonu sonucunda elde edilen bant profilleri



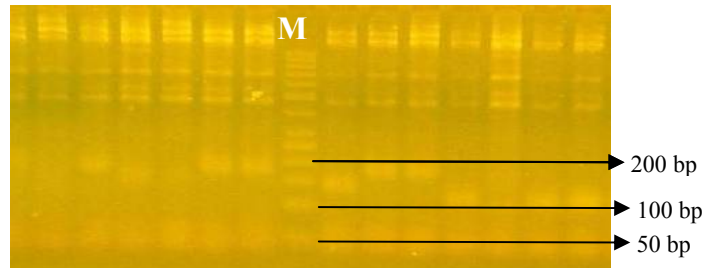
Şekil 4.8. PceGA25 primeri ile idris genotiplerinin amplifikasyonu sonucunda elde edilen bant profilleri



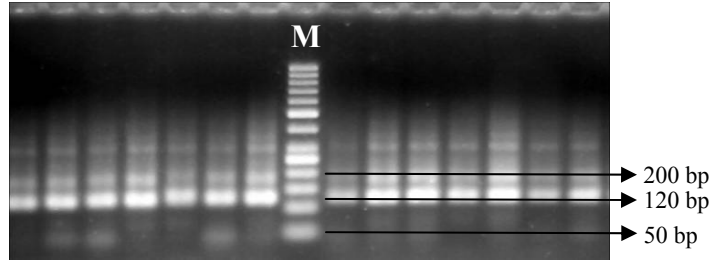
Şekil 4.9. PMS3 primeri ile idris genotiplerinin amplifikasyonu sonucunda elde edilen bant profilleri



Şekil 4.10. PSO8EO8 primeri ile idris genotiplerinin amplifikasyonu sonucunda elde edilen bant profilleri



Şekil 4.11. PMS49 primeri ile idris genotiplerinin amplifikasyonu sonucunda elde edilen bant profilleri



Şekil 4.12. PS07AO2 primeri ile idris genotiplerinin amplifikasyonu sonucunda elde edilen bant profilleri

4.7. AFLP Markör Analizi

Kırk beş idris genotipi kullanılarak 4 AFLP markörü ile oluşturulan dendogramdan (Şekil 4.13) elde edilen ultrametrik uzaklık matrisi ile DICE metoduna göre elde edilen matris korelasyon katsayısı kabul edilebilir sınırlar içerisinde yer almaktadır (0.74).

Dendogramdan (Şekil 4.13) görüldüğü gibi AFLP markörleri ile oluşturulan moleküler sınıflandırmada; genotipler 2 ana grup altında toplanmıştır.

Her 2 ana gruba ait genotipler arasındaki genetik benzerlik 0.18 seviyesinde olmuştur.

Ağırlıklı olarak Tokat genotiplerini içeren birinci grupta benzerlik derecesi 0.22 olmuştur. Birinci ana grubu büyük bir çoğunluğu sarı idris olan Tokat genotipleri oluştururken, Af10(1) ve Kp18(3) idris genotipleride bu grupta yer almıştır. Birinci ana grupta kendi arasında 2 alt gruba ayrılmış, T37(3) idris genotipi bu iki alt gruptan 1.1 alt grubunda tek başına yer almış ve 1.2 no'lu alt gruba uzaklığı 0.22 olmuştur.

1.2 no'lu alt grupta kendi arasında 2 alt gruba ayrılmış ve 1.2.2. no'lu alt grupta Kp18(3) idris genotipi tek başına yer almıştır.

1.2.1. no'lu alt grubunda T22(1) ve Af10(1) genotiplerinin benzerliği 0.73 seviyesinde saptanmıştır. Bu ikili gruba T31 idris genotipinin benzerliği ise 0.70 olmuştur. Bu 3 genotipin [T22(1), Af10(1) ve T31], her ikiside sarı idris olan ve aralarında 0.82 seviyesinde benzerlik göstererek ikili grup oluşturan iki sarı idris genotipine [T28 ve T10(1)] benzerliği 0.65 olarak belirlenmiştir.

Yine 1.2.1. no'lu alt grupta bulunan ve her üçüde sarı idris olan genotiplerden T22(2), T43 arasındaki benzerlik yüksek olmuş ve 0.82 olarak belirlenmiş, bu iki genotipin T47 genotipine yakınlığı ise 0.70 olarak saptanmıştır.

İkinci ana grupta kendi arasında 2 alt gruba ayrılmış, 34 genotip bir alt grupta yer alırken, sadece Af18(2) genotipi 2.2 no'lu alt grubunda tek başına yer almıştır. 2.1. ve 2.2. no'lu alt grupların benzerliği ise 0.24 olarak belirlenmiştir. 34

genotipin aynı grupta yer aldığı dendogramın 2.1 no'lu alt grubunda Afyon, Kemalpaşa, Manisa, Tokat yörelerine ait genotiplerin kendi aralarında gruplar oluşturduğu görülmektedir. % 100 benzerlik oranı ise T33(1) ve Kp18(1), T30 ve T9, Af111(6) ve Af66(2), Af4 ve Man2(3), Kp29(2) ve Man5(3) genotipleri arasında olmuştur.

2.1.1 no'lu alt grup incelendiğinde iki farklı yöreden olup % 100 benzer bulunan sarı idris genotipi T33(1) ile kara idris genotipi Kp18(1) genotipinin yine bir sarı idris olan T29 ile 0.90 seviyesinde benzer olduğu belirlenmiştir. Yine bu genotipler Afyon yöresinden olan ve aralarında 0.90 seviyesinde benzerlik bulunan Af6(3) ve Af6(2) kara idris genotipleriyle 0.85 seviyesinde benzer bulunmuşlardır. Yine dendogramın bu kısmındaki Tokat, Afyon, Kemalpaşa'dan olan bu genotiplere tamamen birbirine benzer bulunan T30 ve T9 genotiplerinin yakınlığı 0.61 olarak belirlenmiştir. Bu genotiplere Af11(4) genotipi ise 0.52 yakın bulunmuştur.

Yine 2.1.1 nolu alt grupta iki farklı yöreden olan Kp20(1) ve Af11(2) genotiplerinin 0.95 seviyesinde benzer oldukları ve Afyon yöresinden Af111(5) genotipiyle 0.79 benzer oldukları görülmektedir. Yine bu genotipler birbirine 0.82 seviyesinde benzer olan Af3 ve Af10(4) genotipleriyle, 0.70 seviyesinde benzer olmuşlardır. Bu genotiplerin tamamının aralarında yüksek derecede benzerlik bulunan Kp1(1), Kp27(3), Kp6 genotipleriyle benzerliği 0.58 olmuştur.

2.1.1. no'lu alt grupta farklı yörelerden olan bazı Afyon, Manisa, Kemalpaşa genotipleri arasında benzerlik yüksek derecede görülmektedir. Birbirine % 100 benzeyen Af111(6) ve Af66(2) genotipleri ile Af4 ve Man2(3) genotipleri arasındaki benzerlik 0.94 seviyesinde olmuştur. Birbirine % 100 benzer bulunan sarı idris genotipi ile kara idris genotipinin [Kp29(2) ve Man5(3)] bu Afyon ile Manisa genotiplerine yakınlığı ise 0.89 olmuştur. Kp4 ve Kp3(1) genotipleri arasındaki yakınlık 0.82 seviyesinde olmuş, Kp3(2) genotipi ise bu genotiplere 0.63 seviyesinde yakın bulunmuştur.

2.1.2 no'lu alt grup incelendiğinde Af111(4) genotipi ile Man9(1) genotipinin 0.91 seviyesinde benzer olduğu, Af10(5) genotipinin ise bu iki genotipe 0.59 seviyesinde yakın olduğu belirlenmiştir. Kemalpaşa yöresinden olan Kp1(2) genotipi ise 0.50 seviyesinde bu genotiplere yakın olmuştur. Kp1(4) ve Tur3 genotipi 0.57 seviyesinde birbirine yakın olurken, ikili grup oluşturan bu

genotiplerin aynı alt gruptaki Afl10(5), Afl11(4), Man9(1), Kp1(2) genotiplerine yakınlığı 0.46 olarak belirlenmiştir.

Dört primer kombinasyonundan toplam 14'ü monomorfik, 98'i polimorfik olmak üzere 112 bant elde edilmiş ve bunların Principal Component (PC) esasına dayalı olarak yapılan faktör analizi sonucu Çizelge 4.21'de verilmiştir. Faktör analizi sonucuna göre öz değeri 1'in üzerinde olan 10 faktör grubu, toplam varyasyonun % 91'ini temsil etmektedir.

Çizelge 4.21. AFLP markörlerine ait faktör analizi

Faktör	Özdeğerler	Varyasyon(%)	Toplam varyasyon(%)
1	17.88	39.73	39.73
2	6.77	15.05	54.79
3	3.89	8.65	63.44
4	3.22	7.16	70.60
5	2.15	4.78	75.38
6	1.75	3.89	79.28
7	1.60	3.56	82.85
8	1.32	2.94	85.79
9	1.28	2.86	88.65
10	1.12	2.50	91.16

AFLP ve SSR markörlerini daha iyi karşılaştırabilmek için, AFLP'de kullanılan 45 genotipin SSR markörleri ile verdiği sonuçlarda incelenmiştir. Aynı genotipler kullanılarak SSR analizleri sonucu elde edilen dendogramda (Şekil 4.14) matris korelasyon katsayısı 0.71 olarak belirlenmiştir. Bu dendogramda 2 ana grup oluşmuş ve bu iki ana grubun birbirine benzerliği 0.77 olarak belirlenmiştir. Birinci ana grupta 43 genotip yer alırken, ikinci ana grupta Kp1(4) ve Kp1(3) olmak üzere sadece 2 genotip yer almıştır.

Dendogram (Şekil 4.14) genel olarak değerlendirildiğinde Afyon, Kemalpaşa ve Tokat tipleri bir araya toplanmış, bazı yerlerde ise Kemalpaşa ve Manisa yöresinden olan genotipler yakınlaşmıştır. SSR markörleri ile oluşturulan bu dendogramda birbirine çok yakın görünen genotiplerin, AFLP ile oluşan dendogramda uzak olduğu belirlenmiştir (Şekil 4.13). Örneğin SSR markörlerine

ait dendogramda yakın olan T37(3) ve T34(3), Af6(2) ve Af111(5), Af10(5) ve Af10(4), T33(1) ve T32(2), T29 ve T47, Af4 ve Kp27(3), Man5(3) ve Kp18(1), Kp1(4) ve Kp1(3), Af4 ve Kp27(3), Kp1(1) ve Kp1(2) genotiplerinin AFLP ile oluşturulan dendogramda (Şekil 4.13) uzak bulunduğu görülmektedir. Az olmakla birlikte SSR sonuçlarında yakın bulunan bazı genotipler ise Kp3(1) ve Kp3(2), T28 ve T22(2), Afyon genotiplerinden Af6(3), Af11(4) ve Af11(2), Tokat genotiplerinden T22(1), T43, T10(1) genotiplerinin AFLP markörlerine dayalı olarak oluşturulan dendogramda da (Şekil 4.13) yakın bulundukları belirlenmiştir. Sarı idris genotiplerinin [T10(1), T22(1), T22(2), T28, T29, T32(2), T33(1), T34(3), T37(3), T43, T47] SSR ile oluşturulan dendogramda Kp29(2) genotipi dışında bir arada oldukları görülmektedir. AFLP dendogramında ise T22(1), T32(2), T34(3), T37(3), Kp29(2) sarı idrislerinin kara idrislere daha yakın olduğu, diğer sarı idrislerin ise [T10(1), T22(2), T28, T29, T33(1), T43, T47] birbirine daha yakın olarak dendogramda yer aldıkları görülmektedir.

Bu 45 genotiple yapılan SSR analizlerine ait faktör analizi ise Çizelge 4.22’de verilmiş ve bu sonuca göre öz değeri 1’in üzerinde olan tek faktör grubunun toplam varyasyonun %82’sini temsil ettiği görülmüştür. AFLP ve SSR analizlerinde elde edilen faktör analiz sonuçları farklı olmuştur. 27 SSR primeri kullanılarak yapılan analizler sonucunda 23 monomorfik, 82 polimorfik olmak üzere toplam 105 bant elde edilmiştir.

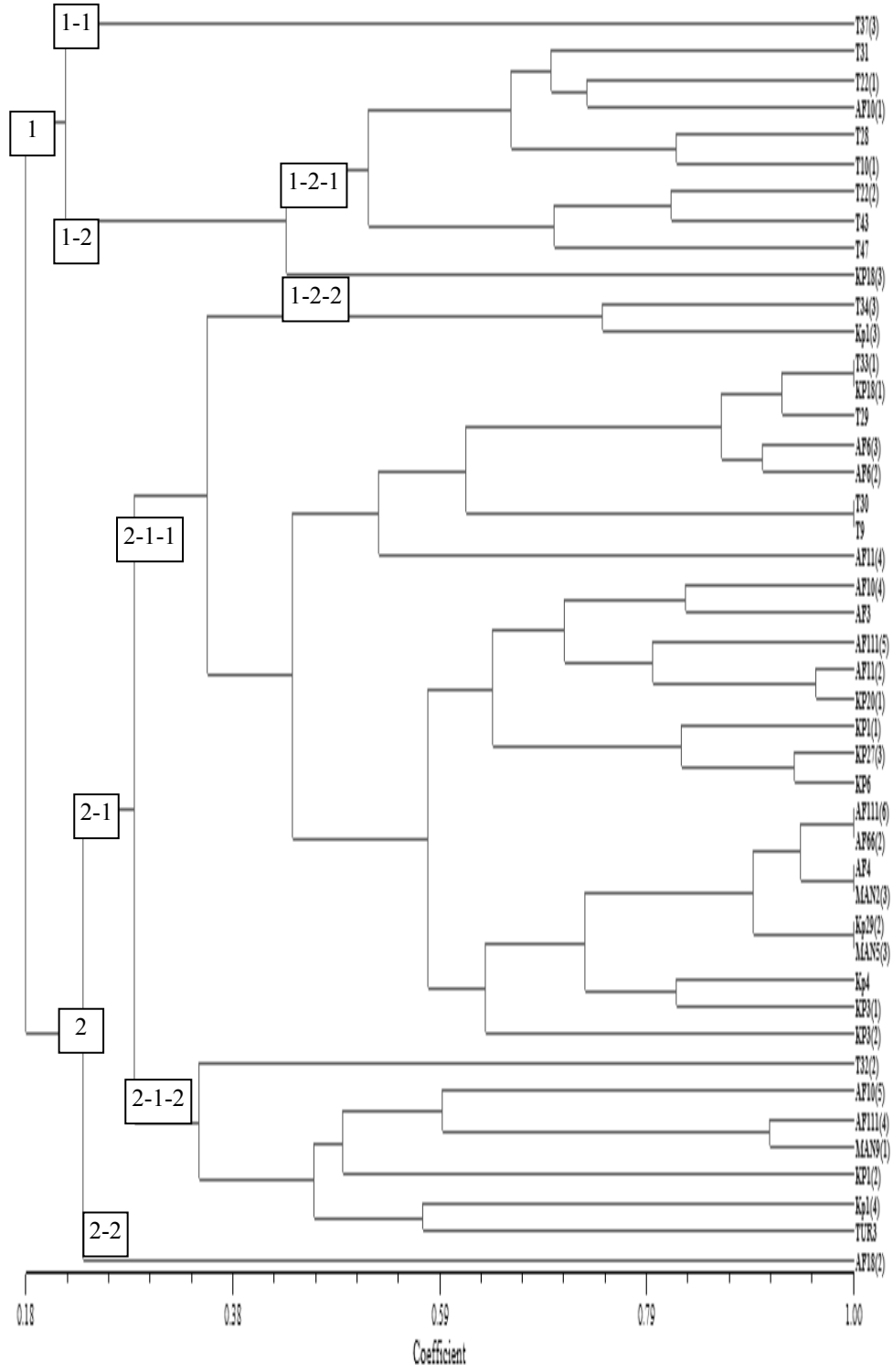
Çizelge 4.22. SSR markörlerine ait faktör analizi

Faktör	Özdeğerler	Varyasyon(%)	Toplam varyasyon(%)
1	37.35	82.99	82.98

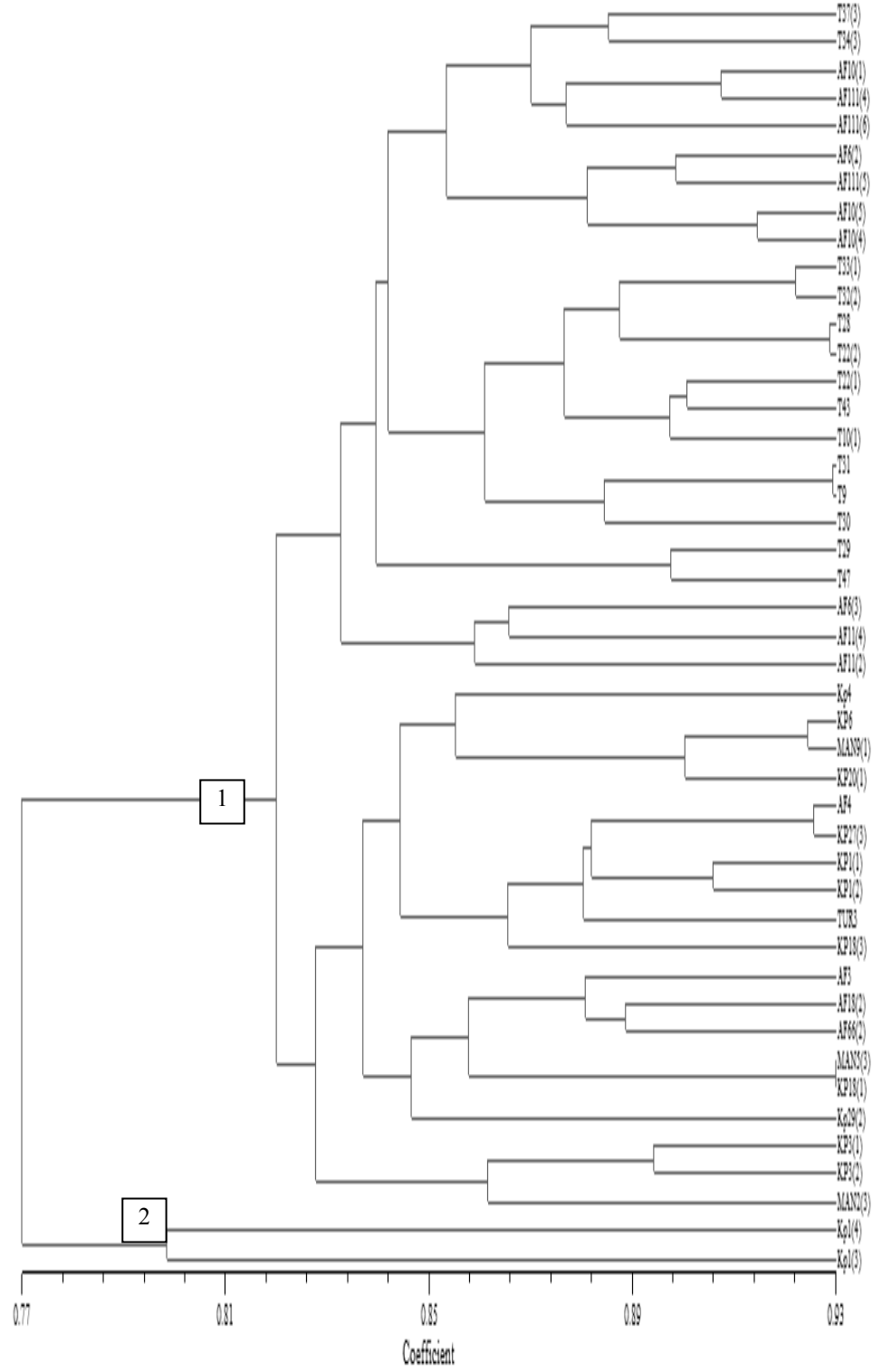
Kırk beş idris genotipinin AFLP ve SSR analizleri sonucu elde edilen genetik uzaklıkları Çizelge 4.23 ve Çizelge 4.24’de verilmiştir. T34(3) ve T33(1), Af6(2) ve Af6(3), Man9(1) ve Af111(4), Kp27(3) ve Af3, Kp27(3) ve Kp1(1) genotipleri her iki yöntemde de birbirine yakın olarak belirlenmiş, AFLP yöntemiyle elde edilen genetik uzaklıkları 0.0180, SSR yöntemiyle elde edilen genetik uzaklıkları 0.0192 olarak belirlenmiştir. Genetik olarak en uzak genotipler ise her iki yöntemde de Af18(2) ve Af10(1) genotiplerinin olmuştur.

Çizelge 4.23.AFLP markörlerine dayalı genetik uzaklık (45 idris genotipine ait)

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45												
T3(1)	0.000	0.0551	0.0741	0.1967	0.0344	0.0645	0.1859	0.2526	0.1234	0.1859	0.0457	0.0838	0.0304	0.1234	0.1438	0.1752	0.1335	0.2758	0.1438	0.1967	0.1335	0.1666	0.1438	0.0741	0.0741	0.0935	0.0838	0.1133	0.1234	0.0838	0.1234	0.1034	0.1133	0.1542	0.1335	0.1133	0.2412	0.1752	0.0838	0.1335	0.0838	0.0935	0.0457	0.0551													
T3(3)		0.0000	0.0180	0.0272	0.1859	0.2758	0.1438	0.1646	0.0645	0.1234	0.1234	0.0838	0.1034	0.1542	0.0935	0.2997	0.1034	0.1967	0.1133	0.1438	0.1438	0.0851	0.0180	0.0851	0.0457	0.0741	0.0838	0.0457	0.0838	0.0645	0.0741	0.1335	0.1133	0.1133	0.2187	0.1335	0.0838	0.1133	0.0645	0.0741	0.0272	0.0741															
T3(4)			0.0000	0.0551	0.1967	0.0180	0.0457	0.1646	0.2526	0.1234	0.1438	0.0457	0.0838	0.1034	0.1542	0.0935	0.2997	0.1034	0.1967	0.1133	0.1438	0.1438	0.0851	0.0180	0.0851	0.0457	0.0741	0.0838	0.0457	0.0838	0.0645	0.0741	0.1335	0.1133	0.1133	0.2187	0.1335	0.0838	0.1133	0.0645	0.0741	0.0272	0.0741														
T3(1)				0.0000	0.0551	0.1967	0.0180	0.0457	0.1646	0.2526	0.1234	0.1438	0.0457	0.0838	0.1034	0.1542	0.0935	0.2997	0.1034	0.1967	0.1133	0.1438	0.1438	0.0851	0.0180	0.0851	0.0457	0.0741	0.0838	0.0457	0.0838	0.0645	0.0741	0.1335	0.1133	0.1133	0.2187	0.1335	0.0838	0.1133	0.0645	0.0741	0.0272	0.0741													
T3(2)					0.0000	0.1752	0.0741	0.0645	0.1646	0.2526	0.1234	0.1438	0.0457	0.0838	0.1034	0.1542	0.0935	0.2997	0.1034	0.1967	0.1133	0.1438	0.1438	0.0851	0.0180	0.0851	0.0457	0.0741	0.0838	0.0457	0.0838	0.0645	0.0741	0.1335	0.1133	0.1133	0.2187	0.1335	0.0838	0.1133	0.0645	0.0741	0.0272	0.0741													
T31						0.0000	0.1967	0.2076	0.1234	0.1234	0.1859	0.1646	0.1859	0.2299	0.2299	0.2526	0.2877	0.2412	0.1234	0.2997	0.3365	0.2412	0.2758	0.2187	0.2412	0.2997	0.3365	0.2412	0.2758	0.2187	0.2412	0.2997	0.3365	0.2412	0.2758	0.2187	0.2412	0.2997	0.3365	0.2412	0.2758	0.2187	0.2412	0.2997	0.3365												
T30							0.0000	0.0772	0.1859	0.2299	0.1234	0.1859	0.0772	0.0834	0.1034	0.0838	0.1034	0.1542	0.0935	0.2997	0.1034	0.1542	0.1335	0.1234	0.1034	0.0741	0.0551	0.0838	0.0645	0.0741	0.0838	0.0645	0.0741	0.1335	0.0935	0.1335	0.1967	0.1335	0.0838	0.0935	0.0517	0.0551	0.0990	0.0551													
T29								0.0000	0.1752	0.2642	0.1542	0.1752	0.0851	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335													
T28									0.0000	0.1133	0.0935	0.0851	0.1542	0.0935	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335												
T22(1)										0.0000	0.1133	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335	0.1335											
T22(2)											0.0000	0.0741	0.0935	0.0844	0.0741	0.0935	0.1133	0.1859	0.1234	0.1542	0.2412	0.1646	0.1034	0.1335	0.1133	0.1446	0.1646	0.1859	0.1752	0.2076	0.2187	0.1752	0.2076	0.2187	0.1752	0.2076	0.2187	0.1752	0.2076	0.2187	0.1752	0.2076	0.2187	0.1752	0.2076	0.2187	0.1752	0.2076									
T10(1)												0.0000	0.1542	0.0935	0.1133	0.1133	0.1335	0.2076	0.1438	0.1542	0.2642	0.2299	0.1234	0.1752	0.1752	0.1859	0.1859	0.2076	0.1967	0.2299	0.2412	0.1967	0.2299	0.2412	0.1967	0.2299	0.2412	0.1967	0.2299	0.2412	0.1967	0.2299	0.2412	0.1967	0.2299	0.2412	0.1967	0.2299									
T9													0.0000	0.0741	0.0741	0.0935	0.1234	0.0838	0.2642	0.1335	0.1438	0.1034	0.1133	0.0935	0.0838	0.0838	0.0838	0.0838	0.0838	0.0838	0.0838	0.0838	0.0838	0.0838	0.0838	0.0838	0.0838	0.0838	0.0838	0.0838	0.0838	0.0838	0.0838	0.0838	0.0838	0.0838	0.0838	0.0838	0.0838								
T43														0.0000	0.0551	0.0741	0.0935	0.1666	0.1034	0.1752	0.2187	0.1438	0.0838	0.1133	0.0935	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438								
T47															0.0000	0.0741	0.0935	0.1646	0.1034	0.2412	0.2187	0.1438	0.0838	0.1133	0.0935	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438	0.1438							
A0(3)																0.0000	0.0180	0.1034	0.0457	0.2412	0.1542	0.1234	0.0457	0.0741	0.0741	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034						
A0(2)																	0.0000	0.1234	0.0645	0.2642	0.1752	0.1034	0.0645	0.0935	0.1234	0.1234	0.1234	0.1234	0.1234	0.1234	0.1234	0.1234	0.1234	0.1234	0.1234	0.1234	0.1234	0.1234	0.1234	0.1234	0.1234	0.1234	0.1234	0.1234	0.1234	0.1234	0.1234	0.1234	0.1234	0.1234	0.1234	0.1234					
A0(05)																		0.0000	0.1335	0.3491	0.2076	0.2187	0.1133	0.1859	0.1646	0.1335	0.1542	0.1752	0.1646	0.1542	0.1646	0.1646	0.1646	0.1646	0.1646	0.1646	0.1646	0.1646	0.1646	0.1646	0.1646	0.1646	0.1646	0.1646	0.1646	0.1646	0.1646	0.1646	0.1646	0.1646	0.1646	0.1646					
A0(04)																			0.0000	0.2758	0.1234	0.1133	0.0935	0.0838	0.0645	0.1335	0.1133	0.0741	0.0645	0.0935	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034				
A0(1)																				0.0000	0.1438	0.1859	0.2187	0.1335	0.1234	0.0838	0.0551	0.0935	0.1542	0.0741	0.0645	0.1859	0.1234	0.1859	0.1234	0.1859	0.1234	0.1859	0.1234	0.1859	0.1234	0.1859	0.1234	0.1859	0.1234	0.1859	0.1234	0.1859	0.1234	0.1859	0.1234	0.1859	0.1234				
A0(16)																					0.0000	0.1438	0.1859	0.2187	0.1335	0.1234	0.0838	0.0551	0.0935	0.1542	0.0741	0.0645	0.1859	0.1234	0.1859	0.1234	0.1859	0.1234	0.1859	0.1234	0.1859	0.1234	0.1859	0.1234	0.1859	0.1234	0.1859	0.1234	0.1859	0.1234	0.1859	0.1234					
A0(15)																						0.0000	0.1542	0.1646	0.0645	0.2187	0.1752	0.1438	0.1335	0.1438	0.1034	0.2526	0.1646	0.1542	0.1542	0.1646	0.1542	0.1542	0.1646	0.1542	0.1542	0.1646	0.1542	0.1542	0.1646	0.1542	0.1542	0.1646	0.1542	0.1542	0.1646	0.1542	0.1542				
A0(11)																							0.0000	0.1234	0.1034	0.0935	0.1133	0.1542	0.1438	0.1335	0.1438	0.1034	0.1234	0.1133	0.0180	0.0935	0.1133	0.1318	0.1967	0.1646	0.1752	0.1646	0.1752	0.1646	0.1752	0.1646	0.1752	0.1646	0.1752	0.1646	0.1752	0.1646	0.1752	0.1646			
A0(14)																								0.0000	0.1133	0.1859	0.1646	0.1542	0.1859	0.1967	0.1542	0.1967	0.1752	0.1859	0.1234	0.0834	0.2076	0.3491	0.2076	0.1967	0.1646	0.1542	0.1646	0.1542	0.1646	0.1542	0.1646	0.1542	0.1646	0.1542	0.1646	0.1542	0.1646	0.1542	0.1646	0.1542	
A0(12)																									0.0000	0.1646	0.1234	0.1234	0.0935	0.1234	0.1335	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034	0.1034
Kp(1)																										0.0000	0.0551	0.0935	0.0838	0.0645	0.1034	0.0935	0.1133	0.1542	0.1234	0.1133	0.1335	0.1542	0.1234	0.1133	0.1335	0.1542	0.1234	0.1133	0.1335	0.1542											



Şekil 4.13. AFLP markörlerine dayalı ‘gruplar arası benzerlik’ dendrogramı
(45 idris genotipine ait)



Şekil 4.14. SSR markörlerine dayalı ‘gruplar arası benzerlik’ dendogramı
(45 idris genotipine ait)

4.8. AFLP ve SSR Markörleri Analizi

Kırk beş idris genotipinde 4 AFLP ve 27 SSR markörünün vermiş olduğu sonuçlar birleştirilmiş ve birlikte değerlendirilerek her iki yöntemin sonuçlarına bağlı dendogram elde edilmiştir. Oluşan dendogramın (Şekil 4.14) elde edilen matris korelasyon katsayısı 0.64 olarak belirlenmiştir.

Dendogramdan görüldüğü gibi (Şekil 4.14) genotipler 5 grupta incelenmiştir.

1 numaralı ana grup, 1.1 ve 1.2 olmak üzere 2 alt gruba ayrılmış bu alt grupların birbirine yakınlıkları 0.78 olmuştur.

1.1 no'lu alt grupta 2 alt gruba (1.1.1 ve 1.1.2) ayrılmış, 1.1.1 no'lu alt grupta 6 Afyon genotipi [Af11(4), Af11(2), Af111(5), Af111(4), Af6(2), Af6(3)]ve 1 Tokat genotipi [T37(3)] yer almıştır. Af6(2) ve Af6(3) genotiplerinin birbirlerine yakınlıkları oldukça yüksek bulunmuş ve 0.89 seviyesinde belirlenmiştir. Af11(2) ve Af111(5) genotiplerinin birbirine yakınlığı 0.82 olarak belirlenirken, Af6(2) ve Af6(3) genotiplerine yakınlığı ise 0.81 olmuştur. Bu genotiplere [Af6(2), Af6(3), Af111(4), Af111(5)], T37(3) genotipinin uzaklığı 0.80 olarak belirlenmiştir. Af11(4) genotipinin de bu genotiplere yakınlığı 0.79 olmuştur. 1.1.2 no'lu alt grubu ise ağırlıklı olarak Tokat genotipleri oluştururken, Afyon yöresinden 2, Kemalpaşa yöresinden de 1 genotip bu grupta yer almıştır. Kp4 ile Af10(4) genotiplerinin benzerlikleri 0.84 olurken, Af10(5) genotipinin bu iki genotipe yakınlığı 0.82 seviyesinde belirlenmiştir. Sarı idrislerden T29 ve T47 genotipleri de ikili grup oluşturmuş ve birbirlerine yakınlıkları 0.85 olmuştur. Yine sarı idrislerden T33(1) ve T32(2) genotipleri arasındaki benzerlik oldukça yüksek bulunmuş ve 0.89 olarak belirlenmiştir. Bu ikili genotipe [T33(1), T32(2)] en yakın genotip ise sarı idris olan T34(3) olarak belirlenmiştir. T33(1), T32(2), T34(3) genotiplerine, 0.87 seviyesinde birbirine yakın olan T30 ve T9 kara idris genotipleri 0.83 seviyesinde yakın bulunmuşlardır.

1.2 numaralı ana grupta 2 alt gruba ayrılmış, 1.2.1 no'lu alt grupta Afyon, Manisa, Kemalpaşa genotipleri yer almıştır. Man2(3) ve Af66(2) genotipleri birbirine 0.88 benzer bulunmuş ve bu ikili genotipe en yakın genotip Af3 olmuştur. Kara idrislerden Af4 ve sarı idris olan Kp29(2) genotiplerinin benzerliği

0.87 olarak belirlenmiş ve bu genotiplere en yakın genotipler birbirine % 100 benzer bulunan Kp18(1) ve Man5(3) genotipleri olmuştur. Af111(6) genotipinin ise Man2(3), Af66(2), Af3, Af4, Kp29(2), Kp18(1), Man5(3) genotiplerine yakınlığı 0.81 olarak belirlenmiştir. Tüm bu genotiplere birbirine 0.87 seviyesinde benzer olan Kp3(1) ve Kp3(2) genotiplerinin yakınlığı 0.80 olarak belirlenmiştir. 1.2.2 nolu alt grupta ise 6 Kemalpaşa genotipi, 1 Manisa genotipi yer almıştır. Kp1(1) ve Kp1(2) genotiplerinin birbirine yakınlığı 0.87 olmuş ve bu genotiplere en yakın genotip 0.83 seviyesinde Kp18(3) olmuştur. Bu genotiplerin Kp27(3), Kp6, Kp20(1), Man9(1) genotiplerine yakınlığı 0.82 olmuştur. Kp27(3) ile Kp6 arasındaki benzerlik 0.88 olurken, Kp20(1) bu genotiplere en yakın Kemalpaşa genotiplerinden olmuştur. Man9(1) genotipi ise bu 3 Kemalpaşa genotipine [(Kp27(3), Kp6, Kp20(1))] en yakın genotip olarak belirlenmiştir.

2 no'lu grupta ise Turgutlu yöresinden Tur3 genotipi tek başına yer almıştır.

3 no'lu alt grupta 6 Tokat genotipi ve 1 Afyon genotipi yer almıştır. Sarı idrislerden T28 ve T10(1) genotipleri birbirine yakın bulunarak (0.88) ikili grup oluşturmuş ve T22(1) genotipi bu idrislere en yakın (0.86) genotip olmuştur. Birbirlerine 0.85 seviyesinde benzer olan T22(2) ve T43 sarı idrislerinin T28, T10(1) ve T22(1) genotiplerine benzerliği 0.84 olmuştur. Bu sarı idrislerin, kara idris olan T31 genotipine benzerlikleri 0.80 olarak bulunmuştur. Bu Tokat genotiplerine Af 10(1) genotipinin benzerliği ise 0.79 olarak belirlenmiştir.

4 no'lu alt grupta ise Af18(2) genotipi tek başına yer almıştır.

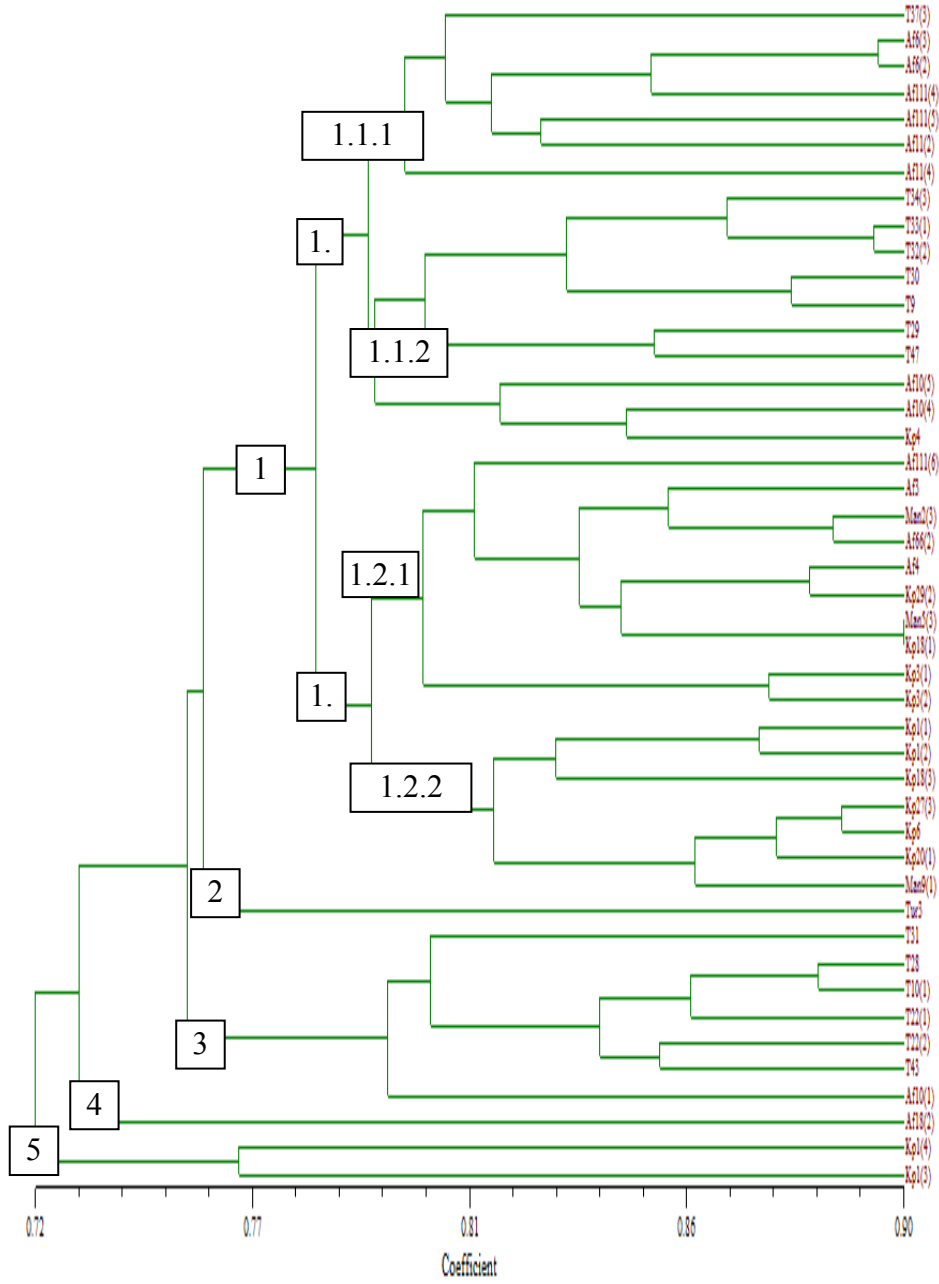
5 no'lu alt grupta Kp1(4) ve Kp1(3) genotipleri yer almış ve benzerlik seviyeleri 0.76 olmuştur.

AFLP ve SSR primerlerinden 37 monomorfik, 180 polimorfik olmak üzere toplam 217 bant elde edilmiş, Principal Component (PC) esasına dayalı olarak yapılan faktör analiz sonucu Çizelge 4.25'de verilmiştir. Faktör analizi sonucuna göre öz değeri 1'in üzerinde olan 2 faktör grubu, toplam varyasyonun % 80'nini temsil etmektedir.

Çizelge 4.25. AFLP ve SSR markörlerine ait faktör analizi

Faktör	Özdeğerler	Varyasyon(%)	Toplam varyasyon(%)
1	34.99	77.77	77.77
2	1.18	2.63	80.41

AFLP ve SSR markörlerine ait genetik uzaklıklar incelendiğinde (Çizelge 4.26) 0.0618 değeri ile Kp18(1) ve Man5(3) genotiplerinin birbirine en yakın genotipler olduğu görülmektedir. T28, T22(1), Af10(5), Af10(1), Af111(5) genotipleri, T37(3) genotipine en uzak genotipler olarak belirlenmiştir.



Şekil 4.15. AFLP ve SSR markörleri sonuçlarına dayalı ‘gruplar arası benzerlik’ dendogramı (45 idris genotipine ait)

5. TARTIŞMA VE SONUÇ

Birçok ülkede değişik ıslah yöntemleri kullanarak, çeşit ve anaç elde edilmesine yönelik çalışmalar uzun yıllardır yapılmaktadır. Bu çalışmaların sonucu olarak da meyve türlerine ait çok sayıda çeşit ve anaçlara sahiptirler. Meyve yetiştiriciliğinde anaç en az çeşit kadar önemli olmakla birlikte, bugüne kadar anaç ıslahına verilen önem, çeşit ıslahına verilenden daha azdır. Ülkemizde ise, bu tip çalışmalar son derece sınırlı olup, kendi iklim ve toprak koşullarımıza uygun anaçlarımız bulunmamaktadır.

Anaç ıslahı programlarının bahçe koşullarında yürütülmesi, hem maliyet hem de uzun zaman gerektirmektedir. Tekerrürlü kullanılan bahçe denemelerinin 15-20 yıl gibi oldukça uzun bir süre alacağı düşünüldüğünde bu konuda çalışma yapmanın kolay olmadığı açıktır. Bu nedenle anaç ıslahı çalışmalarında erken seleksiyon ve erken teşhis yöntemlerinin geliştirilerek bunların en kısa zamanda uygulanmasına gerek vardır.

İdriste yapılan morfolojik çalışmalarda sınırlı olup, **Moghadam and Khalighi (2007)**, *Prunus mahaleb* L. anaç seleksiyon programında, morfolojik varyasyonlar üzerine çalışarak idris tiplerinin büyüme güçleri ve morfolojik özellikleri arasındaki korelasyonu ortaya koyabilmeyi amaçlayarak idrisler arasındaki genetik varyasyonu araştırıp, kiraz anacı ıslah programına alınacak bodur idrisleri belirlemeye çalışmışlardır.

Bu çalışmada, idris anaç ıslahı programının ilk aşaması olarak daha önce değişik yörelerden toplanan idris tipleriyle, programın bir sonraki adımı gerçekleştirilmiştir.

Çalışmada Afyon, Kemalpaşa, Manisa, Tokat, Turgutlu yörelerine ait 60 farklı idris genotipi kullanılarak fenolojik, morfolojik ve moleküler yöntemler aracılığı ile aralarındaki farklılıklar belirlenmiştir.

Tomurcuk kabarma zamanı bazı genotiplerde Şubat ayı içerisinde başlarken, bazı genotiplerde de Mart ayı içerisinde başlamıştır. 2006 ve 2007 yıllarında tomurcukları en erken kaban tipler Tokat 31, Tokat 30, Kemalpaşa 9 tipleri

olurken, 2008 yılında farklı yörelerden olan bazı idris genotiplerinde tomurcuk kabarma zamanlarının başlangıcı aynı olmuştur.

Yapraklanma başlangıçları 2006 ve 2007 yıllarında bir aylık sürede devam ederken, 2008 yılında 18 günlük kısa bir zaman dilimi içerisinde gerçekleşmiştir. 2008 yılındaki bu değişiminin sebebinin iklimden kaynaklandığı düşünülmektedir.

İdris genotiplerinde çiçeklenmenin görülmesinin yapraklanmadan sonra olduğu belirtilmektedir (**Tukey, 1930**). Bu çalışmada da odun tomurcuklarının patlaması çiçek tomurcuklarından daha önce olmuş fakat odun tomurcuklarının patladıktan sonraki gelişim hızları çiçek tomurcuklarının gelişim hızının gerisinde kalmıştır. Her ne kadar odun tomurcuklarının uyanma zamanı çiçek tomurcuklarından önce olsa da, diğer saf tomurcuk yapısına sahip olan sert çekirdekli meyve ağaçlarında görüldüğü gibi çiçeklenme yapraklanmadan önce meydana gelmiştir.

Çiçeklenme durumları incelendiğinde Afyon yöresine ait olan bazı genotiplerin, Tokat yöresine ait olan genotiplere göre daha geç çiçeklendiği belirlenmiştir. Tam çiçeklenme zamanları da ilk 2 yılda bir aylık bir sürede olurken, son yıl 15 günlük kısa bir sürede tüm genotiplerde gerçekleşmiştir. Çiçeklenme sonu zamanı ilk 2 yılda ilk gerçekleşen genotipler Tokat yöresine ait olan bazı genotipler olurken, çiçeklenmesi en geç biten genotiplerde yine Tokat, Afyon, Kemalpaşa yörelerinden bazı genotipler olmuştur. Üçüncü yılda yapılan gözlemlerde ise çiçeklenme sonu zamanı en geç Afyon yöresine ait olan genotiplerde gözlemlenmiştir.

İncelen fenolojik gözlem sonuçlarına göre, yörelere göre çok kesin sınırlarla ayırmak mümkün olmamakla birlikte genelde Afyon yöresine ait bazı genotiplerde bu parametrelerin daha geç gerçekleştiği söylenebilir. Afyon ve Kemalpaşa yöresine ait olan bazı genotiplerde ki uyanma sürecinin Tokat yöresine ait olan bazı genotiplere göre daha geç olduğu görülmüştür.

Meyve özelliklerine bakıldığında, yıllara göre genotiplerin özelliklerinin farklılık gösterdikleri belirlenmiştir. Tokat 32(2) genotipi her 3 yılda da yüksek meyve ağırlığına sahip olmuştur. Bu genotipin meyve eni ve meyve boyu değerleri de ortalamanın üzerinde bulunmuştur. Meyve ağırlığı, meyve eni ve

meyve boyunun birbirine % 100 paralellik göstermese de kimi genotiplerde uyumlu olduğu belirlenmiştir. Kemalpaşa 18(1) ve Kemalpaşa1(4) genotiplerinin meyve eni, meyve boyu değerlerinin her 3 yılda da düşük olduğu saptanmıştır.

Yaprak özelliklerine bakıldığında yaprak boyunun (ortalama 4.1 cm), yaprak eninden (ortalama 3.7 cm) yüksek olduğu; yaprak şekillerinin ise eliptik, ovat, yuvarlak olarak değiştiği belirlenmiştir. Dar eliptik ve ters ovat yaprak şekline sahip olan idris genotipi belirlenmemiştir. Bu sonuçların aksine **Tukey (1930)**, idris genotiplerinin yaprak eninin (ortalama 2.8 cm) yaprak boyundan (ortalama 2.5 cm) yüksek olduğunu, yaprak şekillerinin ise ovat, ters ovat şeklinde değiştiğini bildirmiştir (**Pery, 1987**). Araştırmada yer alan tüm idris genotiplerinin yaprak üst yüzey renkleri ise yaprak alt yüzeyi renklerine göre daha açık olmuştur. **Perry, (1987)**'de yaprak üst yüzey renklerinin yaprak alt yüzeyi rengine göre daha açık olduğunu bildirmiştir. İdris genotiplerine ait yaprakların yaprak alanları incelendiğinde ise genotipler arasında farklılıklar görüldüğü gibi, her genotipin sahip olduğu yaprakların alanları da homojenlik göstermemiş, bütün tiplerin ağaç üzerindeki yapraklarının farklı farklı büyüklükte oldukları belirlenmiştir.

Sarı idrislerin tamamının renk değerleri (L, kroma) kara idrislere göre oldukça yüksek bulunmuştur. Meyve renklerinin mat ve donuk bir renge sahip olan kara idris ve sarı idris genotipleri karşılaştırıldığında, sarı idrislerin daha açık, parlak olduğu belirlenmiş ve bu değerler her 3 yılda da yüksek bulunmuştur.

Morfolojik verilere dayanarak genotip*özellikler şeklinde oluşturulan veri setince önce 'Principal Component' (PC) analizi yapılmış (**Sneath and Sokal, 1973**), 19 ayrı özellik ile yapılan PC analizinde birbirinden bağımsız 5 adet PC eksenini elde edilmiş ve '*gruplar arası benzerlik*' (Bkz. Şekil 4.2) dendogramı oluşturulmuştur. Cluster analizine göre yapılan grupta, 4 ana grup oluşmuştur. Bu gruplardan 3 grubu kara idris genotipleri oluştururken, bir grubu da sarı idris genotipleri oluşturmuş, sarı ve kara idrisler birbirinden ayrılarak dendogramda yer almıştır.

Moleküler analizlere başlayabilmek ve bu analizleri sağlıklı bir şekilde yürütebilmek için saf DNA elde edilmesi gerekmektedir. DNA ekstraksiyon yöntemleri olarak **Delloporta et al. (1983)**, **Lodhi et al. (1994)**, **Monte-Corvo et**

al. (2000), **Struss et al.** (2001), **Hormoza et al.** (2002) denenmiştir. Bu denenen yöntemlerin sonucunda **Struss et al.** (2001)'in ortaya koydukları DNA ekstraksiyon yöntemi modifiye edilerek kullanılmıştır. İdris yapraklarında fenolik maddelerin ve polisakkaritlerin yoğunluğundan dolayı saf DNA elde etme aşamasında tekrar kloroform-isoamil alkol ile yıkama aşamalarının tekrar sayısı artırılmış ve proteinase K ve NaAc ile muamele etmenin şart olduğu belirlenmiştir.

*Prunus*larda genetik yapının oldukça korunmuş olduğu daha önceki çalışmalarda bildirilmektedir (**Joobeur et al.**, 1998; **Wang et al.**, 1998; **Yamamoto et al.**, 2001). Bu nedenle şeftali, kiraz ve kayısılarda geliştirilen SSR markörlerinin *Prunus* cinsine ait diğer türlerde transfer edilebilir olduğu belirlenmiş, araştırmacılar şeftalide kullanılan SSR markörlerini, kiraz çeşitlerinde genetik ayrımı belirlemek için kullanmışlardır (**Dirlewanger et al.**, 2002, **Wünsch and Hormoza** 2002; **Scheuler et al.**, 2003). Buradan hareketle bu çalışmada da SSR markörleri ile idris genotiplerini ayırabilmek için, idrise spesifik primerler bulunmadığından kiraz, şeftali, kayısı moleküler çalışmalarında daha önceden kullanılmış primerler seçilmiştir. Bu primerlerden bir kısmında öngörülen PCR döngüleri çalışırken, bir kısmı için geçerli olan PCR döngüleri çalışmamış ve PCR koşulları idris için uygun şekilde modifiye edilmiştir (Bkz. Çizelge 3.4 ve 3.5)

Vaughan and Russell (2004), idrise en yakın akraba olan kiraz genotiplerini ayırmak için kullandıkları primerler, idris genotiplerini ayırmak için bu çalışmada değerlendirilmiş ve PCR koşulları modifiye edilmiştir. Kullanılan 13 primerden 9 primerde amplifikasyon (EMPasO1^A, EMPasO5, EMPasO6B, EMPas10^A, EMPas12^A, EMPas13, EMPas14^A, EMPas15, EMPas18) meydana gelirken, diğer 4 primerde (EMPasO2^B, EMPasO4, EMPasO7, EMPas11^A) amplifikasyon gerçekleşmemiştir.

Wang et al. (2002) tarafından şeftalide geliştirilmiş olan pchgms12, pchgms15, pchgms17, pchgms20, pchgms24, pchgms25 primerlerinde PCR koşulları her biri için ayrı ayrı touch down yapılarak modifiye edilmiştir. Pchgms14 primer çifti ise çalışmamıştır.

Prunus persica L. Batsch'den (Cipriani *et al.* 1999; Testolin *et al.* 2000) alınıp *Prunus avium* için karakterize edilen (Scheuler *et al.*, 2003) primerler (UDP96-001, UDP96-005, UDP97-403) idris genotiplerinin ayrılmasında kullanılmış, PCR koşulları idris için modifiye edilmiş ve tüm primerlerde amplifikasyon olmuştur.

Prunus persica kütüphanesinden izole edilip 'BPPCT X' kodu verilen primerler Dirlewanger *et al.* (2002) tarafından şeftali ve kirazın SSR analizlerinde kullanılmıştır. Çalışmada kiraz için uyumlu bulunan primerlerin arasından BPPCT 034, BPPCT 038, BPPCT 039, BPPCT 040 primerleri idris için seçilmiştir. Bu primerlerden BPPCT 039, BPPCT 040 primer çiftleri hiç bant vermemiştir. Kullanılan PCR koşulları ise referans gösterildiği makaledeki şekliyle uygulanmış ve amplifikasyon gerçekleşmiştir.

Cantini *et al.* (2001) tarafından kirazda tanımlanan Pchpgms3, PSO8EO8, PMS49, PMS3, PceGA25 primerleri vişne, kiraz ve kiraz anaçlarının SSR analizlerinde kullanılmıştır (Pedersen, 2006). PCR koşulları idrise göre modifiye edilen bu primerlerin hepsinde amplifikasyon gerçekleşmiştir

Downey and Iezzoni (2000) tarafından kiraz genotiplerinin belirlenmesinde kullanılan PS05C03, PS07A02, PS12A02 primerleri şeftalinin karakterizasyonunda da kullanılmıştır (Sosinski *et al.* 2000). Şeftalide karakterizasyonu yapılmış olan SSR primerleri için idriste de PCR koşulları aynı kalmıştır. Denemeye alınan 4 SSR primerinden 3'ünde (PS05C03, PS07A02, PS12A02) amplifikasyon gerçekleşirken, 1'inde (PS01HO3) amplifikasyon gerçekleşmemiştir.

Farklı türlerden kullanılmış olan bu SSR primerleri, idris gibi sert çekirdekli olan meyve türlerinden seçilmiş ve aynı gruba ait türler içerisinde aynı SSR primerlerinin kullanımının uygun olduğu bu çalışma ile de belirlenmiştir.

SSR analizlerinde toplam 36 adet primer çifti kullanılmış ve bu primer çiftlerinden 28'inde amplifikasyon meydana gelmiştir. Amplifikasyon meydana gelen bu 28 primer çiftinden 1 primer çifti bantlar net olmadığı için değerlendirmeye alınamamış ve değerlendirme 27 primer çifti üzerinden yapılmıştır. Yirmi yedi primer kombinasyonundan 105 bant elde edilmiş ve bu

bantlardan 19'u monomorfik olurken, 86'sı polimorfik bulunmuş, lokus başına düşen ortalama alel sayısı 3.9 olarak belirlenmiştir. SSR markörleri ile ortaya çıkan polimorfizm yüksek bulunmuştur. Principal Component (PC) esasına dayalı olarak yapılan faktör analiz sonucunda öz değeri 1'in üzerinde olan 2 faktör grubu, toplam varyasyonun % 85'ini temsil etmiştir. SSR analizleri sonucunda genel olarak aynı yörelere ait olan genotiplerin benzerlikleri yüksek bulunmuştur. Birbirine en uzak genotipler ise farklı yörelerden olan 0.690 değeri ile T22(1) ve Kp1(3), 0.694 değeri ile Af10(5) ve Kp1(3) genotipleri olmuştur.

AFLP ve SSR 2 farklı DNA parmak izi yöntemlerindendir. Her ikisinin de birbirine göre farklılıkları ve ortak noktaları bulunmaktadır. SSR markörlerindeki polimorfizmin AFLP markörlerine göre daha yüksek olduğu **Belaj et al. (2003)** tarafından bildirilmektedir. Araştırmacılar, zeytin çeşitlerinin genetik ayrımını SSR ve AFLP markörleri ile belirlemeye çalışmışlardır. Total polimorfik bant SSR'da 61, AFLP'de 261 olmuş, fakat AFLP'de elde edilen 261 banttan sadece 98'i iyi tanımlanabilmiştir. Elde edilen toplam bant sayısı AFLP'de yüksek olmuş fakat elde edilen bu bantların fazlalığı polimorfik olan bantlar ile doğru orantılı korelasyon göstermemiştir. SSR'da elde edilen toplam bant sayısı az olmasına rağmen, SSR'daki polimorfizm ve beklenen heterozigoti daha yüksek olarak, SSR markörlerinin zeytin çeşitlerinde ayırıcılığı daha yüksek bulunmuştur (**Belaj et al., 2003**).

Bu çalışmada da 45 idris genotipinde hem AFLP hem de SSR analizleri yapılarak, genotipler arasındaki ve yöntemlerin sonuçları arasındaki farklılıklar belirlenmeye çalışılmıştır. Dört AFLP ve 27 SSR primerleri ile yapılan analiz sonuçlarında, AFLP'de elde edilen bant sayısı 112 (14 monomorfik, 98 polimorfik) olurken, SSR'da elde edilen bant sayısı 105 (23 monomorfik, 82 polimorfik) olarak belirlenmiştir. Kullanılan AFLP primeri daha az, SSR primeri daha fazla olmasına rağmen bu değerler, bant sayıları ile pozitif yönde korelasyon göstermemiş ve AFLP'de elde edilen bant sayısı SSR yöntemi ile elde edilen bant sayısına göre oldukça yüksek bulunmuştur. Fakat AFLP'de oluşan bantların polimorfizm seviyesi oldukça düşük bulunurken, SSR'da oluşan bantların polimorfizm seviyesinin yüksek olduğu belirlenmiştir.

AFLP ve SSR analizlerinde elde edilen faktör analizi sonuçları farklı olmuştur. AFLP'de Principal Component (PC) esasına dayalı olarak yapılan

faktör analizi sonucuna göre öz değeri 1'in üzerinde olan 10 faktör grubu, toplam varyasyonun % 91' ini temsil etmektedir. Kırk beş genotiple yapılan SSR analizlerine ait faktör analizi sonucuna göre öz değeri 1'in üzerinde olan tek faktör grubu, toplam varyasyonun % 82'sini temsil ettiği görülmüştür.

AFLP ve SSR analizi sonuçları birlikte değerlendirilmiş, her iki yöntem birleştirilerek genotipler gruplandırılmıştır. Faktör analizi sonucuna göre öz değeri 1'in üzerinde olan 2 faktör grubu, toplam varyasyonun % 80'nini temsil etmiştir. Kara idrislerden Man5(3) ve Kp18(1) genotipleri % 100 benzer bulunurken, genellikle aynı yörelere ait genotiplerin birbirine yakın bulundukları belirlenmiştir.

Zeytin genotiplerin ayrılmasında birbirine AFLP'de uzak olan iki çeşit SSR'da yakın bulunmuştur (**Belaj et al., 2003**). Genel olarak SSR markörleriyle 45 genotip ile oluşturulan bu dendogramda (Bkz. Şekil 4.14) birbirine çok yakın görünen genotiplerin, AFLP ile oluşan dendogramda uzak olduğu belirlenmiştir (Bkz. Şekil 4.13). Bu da SSR sonuçlarında polimorfizm seviyesinin yüksek, AFLP sonuçlarında ise polimorfizm seviyesinin düşük olmasından kaynaklanmaktadır.

SSR yönteminin diğer markör sistemleriyle karşılaştırıldığı diğer çalışmalarda da SSR markörlerinin ayırıcılığının yüksek bulunduğu bildirilmektedir (**Wu and Tanksley 1993, Morgante et al., 1994, Rus-Kortekaas et al., 1994, Saghai Maroof et al., 1994, Maughan et al., 1995, Salimath et al., 1995, Powell et al., 1996; Russell et al., 1997; Pejic et al., 1998**). SSR markörlerinin kodominant özellik göstermesinden dolayı heterozigoti yüksek olmaktadır. İdris genotiplerinin ayrılmasında da SSR markörlerinin ayırıcılığı, AFLP markörlerine göre daha yüksek bulunmuştur.

Ama bu sonuç türe göre de değişmektedir. Çünkü arpada (**Russell et al., 1997**) ve tetraploid patatesde AFLP ile elde edilen heterozigoti SSR'a göre yüksek bulunmuştur. Tetraploid patatesde AFLP'de iki primer kombinasyonu kullanılmasına rağmen fragment sayısı ve bu fragmentlerdeki polimorfik fragment sayısı yüksek bulunmuş, ayırıcılığı en yüksek AFLP olmuştur. (**McGregor et al., 2000**). *Coffea arabica* L. ağacında da 37 AFLP primeri ve 6 SSR primeri ile

alışılmış ve AFLP'nin ayırıcılığı daha yksek bulunmuştur (**Anthony *et al.*, 2002**).

Sonuç olarak idris genotipleri morfolojik ve molekler olarak birbirinden ayrılmış ve bu zellikleri ortaya ıkarılmıştır. Molekler analizlere başlayabilmek iin idrise uygun DNA ekstraksiyon yntemi belirlenmiştir. İdris iin SSR analizlerinde kullanılabilecek uygun primerler seilerek ve uygun PCR koştulları belirlenerek, AFLP analizleri ile karşılaştırma imkanı saėlanabilmiştir. Morfolojik verilere, SSR analizlerine ve AFLP analizlerine dayalı dendogramlar oluşturulmuş fakat bu dendogramların birbirine ok yakın olmadıkları belirlenmiştir. İdris genotiplerinin birbirinden deėişik oranlarda farklı oldukları ve genişt bir varyasyona sahip oldukları grlmştr.

KAYNAKLAR DİZİNİ

- Ağaoğlu, Y.S. ve Ergül, A.,** 2001, İdris (*Prunus Mahaleb* L.) Çöğürlerinde Genomik Farklılık Düzeylerinin RAPD Tekniği İle Belirlenmesi. Ankara Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Tarım Bilimleri Dergisi, 7(3):70-73.
- Aka-Kaçar, Y.,** 2001, Türkiye’de Yetiştirilen Önemli Kiraz (*Prunus avium* L.) ve Vişne (*Prunus cerasus* L.) Çeşit ve Tiplerinin DNA Parmakizi Yöntemi ile Sınıflandırılması, Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Kod No: 640, Adana, TÜRKİYE.
- Akça, Y. ve Kaya, E.,** 1999a, Mahlep Çöğür Anaç Seleksiyonu I. Kurağa Dayanıklı Bireylerin Seçimi. Türkiye III. Ulusal Bahçe Bitkileri Kongresi, Ankara, 795-800.
- Akça, Y. ve Kaya, E.,** 1999b, Mahlep Çöğür Anaç Seleksiyonu II. Anaçların Tuz Stresine Dayanıklılıkları. Gaziosmanpaşa Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Dergisi, 18(1):1-6.
- Akça, Y. ve Kaya, E.,** 1999c, Mahlep Çöğür Anaç Seleksiyonu III. Anaçların Kirece Dayanıklılıkları. Gaziosmanpaşa Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Dergisi, 18(1):7-11.
- Albertini, A. and DeSalvador, F.R.,** 1991, Ciligio L’ Informatore Agrario, XLVII (36). Suplemento Portinnesti Frutticoli: 13–18.
- Aldrich, J. and Cullis, C.A.,** 1993, RAPD Analysis in Flax: Optimization of Yield and Reproducibility Using Klentaq1 DNA Polymerase, Chelex 100 and Gel Purification of Genomic DNA, *Plant Molecular Biology Reporter*, 11:128-141.
- Andoni Elorriaga, D., Eduardo Gratacos, N. and Concha, J.,** 2004, Evaluation of Seven Rootstocks for Cherry (*P. avium*) Variety Lapins. *Revista Fruticola* 25 (3):89-97.
- Anonim,** 1985. Ülkemizdeki Bazı Önemli Orman Tali Ürünlerinin Teşhis ve Tanıtımı Klavuzu. T.C. Tarım Orman ve Köyişleri Bak. Orman Gen. Müd. Yay., Yay. no:659, Seri no:18. Ankara.

KAYNAKLAR (devam)

- Anonymous**, 2002, UPOV (The International Union for the Protection of New Varieties of Plants) *Prunus* rootstocks, Guidelines for the Conduct of Tests for Distinctness, Uniformity and Stability, Geneva.
- Anthony, F., Combes, M.C., Astorga, C., Bertrand, B., Graziosi, G. and Lashermes, P.**, 2002, The Origin of Cultivated *Coffea arabica* L. Varieties Revealed by AFLP and SSR Markers. Theor. Appl. Genet. 104:894-900.
- Aradhya, M. K., Weeks, C. and Simon, C. J.**, 2004, Molecular Characterization of Variability and Relationship Among Seven Cultivated and Selected Wild Species of *Prunus* L. Using Amplified Fragment Length Polymorphism. Scientia Horticulturae 103:131-144.
- Aranzana, M.J., Garcia-Mas, J., Carbo, J. and Arus, P.**, 2002, Development and Variability Analysis of Microsatellite Markers in Peach. Plant Breed 121,87-92.
- Aranzana, M.J; Pineda, A; Cosson, P; Dirlewanger, E; Ascasibar, J; Cipriani, G; Ryder, C.D; Testolin, R; Abbott, A; King, G.J; Iezzoni, A.F. and Arus, P.**, 2003, A Set of Simple-Sequence Repeat (SSR) Markers Covering the *Prunus* Genome. Theoretical Applied Genetics 160:819-825.
- Ayanoğlu, H., Bayazıt, S., İnan, G., Bakır, M., Akpınar, A.E., Kazan, K. and Ergül, A.**, 2007, AFLP Analysis of Genetic Diversity in Turkish Green Plum Accessions (*Prunus ceracifera* L.) Adapted to the Mediterranean Region. Scientia Horticulturae 114:263-267.
- Badenes, M.L., Hurtado, M.A., Sanz, F., Archelos, D.M., Burgos, L., Egea, J. and Llacer, G.**, 2000. Searching for Molecular Markers Linked to Male Sterility and Self Compatibility in Apricot. Plant Breeding 119, 157-160.
- Balkhoven, J.**, 2006, Gisela Rootstocks Show Suitability. Fruitteelt (Den Haag) 96 (37):8-9.

KAYNAKLAR (devam)

- Baranek, M., Raddova, J. and Pidra, M.,** 2006, Comparative Analysis of Genetic Diversity in *Prunus* L. as Revealed by RAPD and SSR Markers. *Scientia Horticulture* 108:253-259.
- Barone, A., Ercolano, M.R., Langella, R., Monti, L. and Frusciante, L.,** 2005, Molecular Marker-Assisted Selection for Pyramiding Resistance Genes in Tomato. *Adv. Hort. Sci.* 19:147-152.
- Bartolozzi, F, Warburton, M.L., Arulsekhar, S. and Gradziel, T.M.,** 1998, Genetic Characterization and Relatedness Among California Almond Cultivars and Breeding Lines Detected by Randomly Amplified Polymorphic DNA (RAPD) Analysis. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 123:381-387.
- Başer, K.H.C.,** 1997, Current Knowledge on the Wild Food and Non-Food Plants of Turkey, *Cah.Options Mediterr.* 23:129-159.
- Baum M., Weeden N.F., Muehlbauer F., Kahl G., Udupa S.M., Eujayl I., Weigand F., Harrabi M. and Bouznad, Z.,** 2000, Marker Technology for Plant Breeding. in: Knight R (Ed) *Linking Research and Marketing Opportunities for Pulses in the 21st Century*. Kluwer, Dordrecht, 421–427.
- Belaj, A., Satovic, Z., Cipriani, G., Baldoni, L., Testolin, R., Rallo, L. and Trujillo, I.,** 2003, Comparative Study of the Discriminating Capacity of RAPD, AFLP and SSR Markers and of Their Effectiveness in Establishing Genetic Relationship in Olive. *Theor. Appl. Genet.* 107:736-744.
- Betrán, J.A., Val, J., Montañés Milla'n, L., Montañés, L., Monge, E. and Moreno, M.A.,** 1997, Influence of Rootstock on the Mineral Concentrations of Flowers and Leaves from Sweet Cherry. *Acta Hort.* 448:163–167.
- Boritzki, M., J. Plieske and Struss, D.,** 2000, Cultivar Identification in Sweet Cherry (*Prunus avium* L.) Using AFLP and Micro-Satellite Markers. *Acta Hort.* 538:505-510.

KAYNAKLAR (devam)

- Bouhadida, M., Casas, A.M., Gonzalo M. J., Arus, P., Moreno, M. A. and Gogorcena, Y.,** 2009. Molecular Characterization and Genetic Diversity of *Prunus* Rootstocks. *Scientia Horticulturae*, 120:237-245.
- Boyacı, H.F,** 2007, Patlıcanlarda *Fusarium* Solgunluğuna Dayanıklılık Kaynakları ve Dayanıklılığın Kalıtımı, Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, (yayınlanmamış doktora tezi), Adana, 97s.
- Brase, K.D.,** 1945, Observations on Growth Differences of Sweet and Sour Cherries Grafted on Mazzard and Mahaleb Body Stocks. *Proc. American Soc. Hort. Sci.* 46:211-214.
- Bujdoso, G. and Hrotko, K.,** 2007, Performance of Three Sweet Cherry and One Sour Cherry Cultivars on Dwarfing Rootstock in Central Hungary. *Acta Horticulturae* No.732:329-333.
- Buman, G.,** 1977, Clonal Selection in *Prunus mahaleb* Rootstocks. *Acta Hort.*75, 139-148.
- Byrne, D.H. and Littleton, T.G.,** 1989, Characterization of isoenzyme variability in apricots. *J. Am. Soc. Hort. Sci.* 114,674-678.
- Canlı, F.A.,** 2004, Development of a Second Generation Genetic Linkage Map or Sour Cherry Using SSR Markers. *Pakistan Journal of Biological Sciences* 7(10):1676-1683.
- Cantini, C., Iezzoni, A.F., Lamboy, W.F., Boritzki, M. and Struss, D.,** 2001, DNA Fingerprinting of Tetraploid Cherry Germplasm Using SSRs. *J. Am. Soc. Hort. Sci.* 126, 205-209.
- Cipriani, G., Lot, G., Huang, W.G., Marrazzo, M.T., Peterlunger, E. and Testolin, R.** 1999, AC/GT and AG/CT Mikrosatellite Repeats in Peach [*Prunus Persica* (L) Batsch]: Isolation, Characterisation and Cross-Species Amplification in *Prunus*. *Theor. Appl. Genet.* 99:65-72.

KAYNAKLAR (devam)

- Clarke B. and Tobutt K.R.**, 2003, Development and Characterization of Polymorphic Microsatellites from *Prunus avium* ‘Napoleon’. Molecular Ecology Notes 3: 578-580.
- Condit, R. and Hubbell, S.P.**, 1991, Abundance and DNA Sequence of Two-Base Repeat Regions in Tropical Tree Genomes. Genome, 34:66-71.
- Cordeiro, V. and Santos, A.**, 2007, Sweet Cherry Growth and Early Bearing on Different Rootstocks. Acta Horticulturae No.732:325-328.
- Çelik, M. ve Sakin, M.**, 1991, Ülkemizde Meyve Fidanı Üretiminin Bugünkü Durumu. Türkiye I.Fidancılık Sempozyumu. Ankara, 167-180.
- Çelik, M.**, 1983, Meyve Yetiştiriciliğinde Anacın Önemi ve Türkiye Meyveciliğinde Anaç Sorunu. Ankara Üniv. Zir. Fak. Yay. 886, Derleme: 47.
- Dallas, J.F.**, 1992, Estimation of Microsatellite Mutation Rates in Recombinant Inbred Strains of Mouse. Mamm. Genome 3:452-456.
- Davis, D.S.**, 1972, Flora of Turkey and the East Aegean Islands. Volume 4:19.
- De haas, P.G. and Hildebrandt, W.**, 1967, Die unterlagen des kern-und steinobstes. Grundlagen und Fortschritte im Garten-und Weinbau. Heft 116, 118-135.
- de Vicente, M.C., Truco, M.J., Egea, J., Burgos, L. and Arus, P.**, 1998, RFLP Variability in Apricot (*Prunus armeniaca* L.). Plant Breeding 117,153-158.
- Decroocq V., Hagen, L.S., Fave, M.-G., Eyquard J.-P. and Pierronnet, A.**, 2004, Microsatellite Markers in the Hexaploid *Prunus Domestica* Species and Parentage Lineage of Three European Plum Cultivars Using Nuclear and Chloroplast Simple-Sequence Repeats. Molecular Breeding 13:135-142.
- Dellaporta, S., Wood, J. and Hicks, J.B.**, 1983, A Plant DNA Mini Preparation: Version. Plant Mol. Biol. Reporter.1:19-21

KAYNAKLAR (devam)

- Delseny, M., Laroche, M. and Penon, P.,** 1983, Detection of Sequences with Z-DNA Forming Potential in Higher Plants. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 116:113-120.
- Dettoni, M.T., Quarta, R., Verde, I.,** 2001, A Peach Linkage Map Integrating RFLPs, SSRs, RAPDs and Morphological Markers. *Genome* 44:783-790.
- Dirlewanger, E., Crosson, A., Tavaud P., Aranzana, M.J., Poizat, C., Zanetto, C., Arus, P. and Laigret, L.,** 2002, Development of Microsatellite Markers in Peach and Their Use in Genetic Diversity Analysis in Peach and SweetCherry. *Theor. Appl. Genet.* 105:127-138.
- Downey, L.D. and Iezzoni, A.F.,** 2000, Polymorphic DNA Markers in Black Cherry are Identified Using Sequences from Sweet Cherry, Peach and Sour Cherry. *J. Am. Soc. Hort. Sci.* 125:76-80.
- Druart, P.,** 1996, Performance of the GM Rootstocks in High Density Sweet Cherry Orchards. *Acta. Hort.*, 410:217-226.
- Edin, M., Chamet, C. and Delaunay, V.,** 1998, Cherry Trees. Rootstock Performance and Orchard System. *Arboriculture-Fruitiere*, No.521:45-51.
- Edin, M.,** 1989, Table Edabriz, porte-greffe nanisant du cerisier. *Infos Paris* 55:41-45.
- Edizer, Y.,** 1994, İdris Anaçlarının Bazı Kiraz Çeşitleriyle Uyuşma Durumları Üzerinde Araştırmalar. E.Ü. Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi (Basılmamış)
- Facteau, T.J., Chesnut, N.E. and Rowe, K.E.,** 1996, Tree Fruit Size and Yield of 'Bing' Sweet Cherry as Influenced by Rootstock, Replant Area, And Training System. *Sci. Hortic.* 67:13-26.
- Food and Agriculture Organization,** <http://faostat.fao.org/site/339/default.aspx> (Erişim tarihi: 24 Eylül 2009)
- Foolad, M.R.,** 2007, Genome Mapping and Molecular Breeding of Tomato, *International Journal of Plant Genomics* Volume 2007, Article ID 64358.

KAYNAKLAR (devam)

- Gepts P.**, 1995, Genetic markers and core collections, pp. 127-146. *In: Core Collections of Plant Genetic Resources.* (Ed. by Hodgkin T, Brown A.H.D., Hintum Th.J.L. van and Morales E.A.V. John Wiley & Sons, Chichester.
- Gerçekçioğlu, R. ve Çekiç, Ç.**, 1999, Mahalep (*Prunus Mahaleb* L.) Tohumlarının Çimlenmesi Üzerine Bazı Uygulamaların Etkileri. Turkish Journal of Agriculture and Forestry, 23(1):145-150.
- Gerçekçioğlu, R. ve Güneş, M.**, 1995, Sarı ve Kırmızı Mahleplerin (*P. Mahaleb* L.) Fenolojik ve Pomolojik Özellikleri Üzerinde Bir Araştırma. Türkiye II. Ulusal Bahçe Bitkileri Kongresi Cilt I (Meyve), Adana, 277-281.
- Geuna, F., Toschi, M. and Bassi D.**, 2003, The Use of AFLP Markers for Cultivar Identification in Apricot. Plant Breeding No.122:526-531.
- Giorgio, V. and Standardi, A.**, 1993, Growth and Production of Two Sweet Cherry Cultivars Grafted on 60 Ecotypes of *Prunus mahaleb*. Acta. Hort. 410,471-476.
- Giorgio, V., Bacaro, M. and Standardi, A.**, 1992, Un Triennio Di Osservazioni Sulladiscendenza Di 48 Biotipi Pugliesi di *Prunus mahaleb* L'Informatore Agrario, XL VIII 18, 121-124.
- Giorgio, V., Piccioni, E. and Standardi, A.**, 1997, Vegetative and Productive Behaviour of Two Sweet Cherry Cultivars Grafted on 60 Ecotypes of *Prunus mahaleb* L. Italus Hortus.
- Gomez-Martinez, P., Arulsekhar, S., Potter, D. and Gradziel, T. M.**, 2003a, An Extended Interspecific Gene Pool Available to Peach and Almond Breeding as Charecterized Using Simple Sequence Repeat (SSR) Markers. Euphytica 131:313-322.
- Gomez-Martinez, P., Arulsekhar, S., Potter, D. and Gradziel, T.M.**, 2003b, Relationships Among Peach, Almond and Related Species as Detected by Simple Sequence Repeat Markers. Journal American Society Horticulutral Science 128(5):667-671.

KAYNAKLAR (devam)

- Gonda, I., Kiraly, K. and Holb, I.J.,** 2007, Examination of Growth of Cherry Cultivars Adapted to Intensive Production. Acta Horticulturae No.732: 429-434.
- Granger, A. R.,** 2005, The Effect of Three Rootstock on Yield and Fruiting of Sweet cherry. Acta Horticulturae Vol:1, No.667:233-237.
- Grzyb, Z.S. and Kolbusz, M.,** 1989, Fruit Science reports. 16:4 215-224.
- Gutián J.,** 1993, Why *Prunus mahaleb* (Rosaceae) Produces More Flowers Than Fruits. Am. J. Bot. 80:1305-1309.
- Gupta, P.K., Balyan, H.S., Sharma, P.C. and Ramesh, B.,** 1996, Microsatellites in Plants: A New Class of Molecular Markers. Curr. Sci. 70:45-54.
- Gülcan, R. ve Özçağır, R.,** 1982, Kiraz İçin İdris Anacı Seleksiyonu. Tübitak Toag Proje no:330, 50 s.
- Gülşen, O. Ve Mutlu, N.,** 2005, Bitki Biliminde Genetik Markırlar ve Kullanım Alanları, Alatarım, 4(2):27-37.
- Hagen, L., Khadari, B., Lambert, P. and Audergon, J.M.,** 2002, Genetic Diversity in Apricot Revealed by AFLP markers: species and cultivar comparisons. Theor. Appl. Genet. 105:298-305.
- Hartman, H.T., Kester, D.E., Davies, F.T. and Geneve, R.L.** 1997, The Biology of Grafting Plant Propagation: Principles and Practices- Hall.,392-436.
- Hayashi, K., Shimazu, K., Yaegaki, H., Yamaguchi, M., Iketani, H. and Yamamota, T.,** 2008, Genetic Diversity in Fruiting and Flower Ornamental Japanese Apricot (*Prunus mume*) Germplasms Assessed by SSR markers. Breeding Science 58:401-410.
- Herrera C. M. and Jordano P.,** 1981, *Prunus mahaleb* and Birds: the High-Efficiency Seed Dispersal System of a Temperate Fruiting Tree. Ecol. Monogr. 51:203–218.

KAYNAKLAR (devam)

- Hormaza, J.I.**, 2002, Molecular Characterization and Similarity Relationships Among Apricot (*Prunus armeniaca* L.) Genotypes Using Simple Sequence Repeats. *Theor. Appl. Genet.* 104:321-328.
- Hu, D.Y., Zhang, Z.S. and Zhang, D.L.**, 2005, Genetic Relationship of Ornamental Peach Determined Using AFLP Markers. *Hort Science* Vol:40, 1782-1786.
- Hurtado, M.A., Romero, C., Vilanova, S., Abbott, A.G., Llácer, G. and Badenes, M.L.**, 2002, Genetic Diversity in Apricot Cultivars Based on AFLP Markers. *Euphytica* 127,297-301.
- Jaccard, P.**, 1908, Nouvelles recherches sur la distribution florale. *Bull. Soc. Vaud. Sci. Nat.* 44, 223-270 (in French).
- Janssen, P., Coopman, R., Huys, G., Swings, J., Bleeker, M., Vos, P., Zabeau, M. and Kersters, K.**, 1996, Evaluation of the DNA Fingerprinting Method AFLP as a New Tool in Bacterial Taxonomy. *Microbiology* 142:1881-1893.
- Jarne, P. and Lagoda, P.J.L.**, 1996, Microsatellites, from Molecules to Population and Back. *Trend. Ecol. Evol.* 11:424-429.
- Jiménez, S., Garín, A., Alba's, E.S., Betra'n, J.A., Gogorcena, Y. and Moreno, M.A.**, 2004a, Effect of Several Rootstocks on the Fruit Quality of 'Sunburst' Sweet Cherry. *Acta Hort.* 658,353-358.
- Jiménez, S., Garín, A., Betra'n, J.A., Gogorcena, Y. and Moreno, M.A.**, 2004b, Flower and Leaf Analysis for Nutritional Prognosis of Sweet Cherry Tree, Influence of Different Rootstocks. *J. Plant Nutr.* 27(4):701-712.
- Jiménez, S., Pinochet, J., Gogorcena, Y., Bertan, J.A. and Moreno, M.A.**, 2007, Influence of Different Vigour Cherry Rootstocks on Leaves and Shoots Mineral Composition. *Scientia Horticulturae* 112,73-79.
- Jones, N., Ougham, H. and Thomas, H.**, 1997, Markers And Mapping: We Are All Genetics Now. *New Phytol.* 137:165-177.

KAYNAKLAR (devam)

- Joobeur, T., Viruel, M.A., de Vicente M.C., Jauregui, B., Ballester, J., Dettori, M.T., Verde, I., Truco, M.J., Messeguer, R., Batlle, I., Quarta, R., Dirlewanger, E. and Arus, P., 1998,** Construction of a Saturated Linkage Map for *Prunus* Using an Almond X Peach F₂ Progeny. *Theor. Appl. Genetic* 97:1034-1041.
- Jordano P., 1993,** Pollination Biology of *Prunus mahaleb* L.: Deferred Consequences of Gender Variation for Fecundity and Seed Size. *Biol. J. Linn. Soc.* 50:65–84.
- Jordana, P. and Godoy, J.A., 2000,** RAPD Variation and Population Genetic Structure In *Prunus mahaleb* L. (Rosaceae). *Molecular Ecology*, 9:1293-1305.
- Jordano P., 1994,** Spatial and Temporal Variation in the Avian-Frugivore Assemblage of *Prunus Mahaleb*: Patterns and Consequences. *Oikos* 71:479-491.
- Jordano P. and Schupp E.W., 2000,** Seed Disperser Effectiveness: The Quantity Component and Patterns of Seed Rain for *Prunus mahaleb*. *Ecol. Monogr.* 70:591–615.
- Kappel, F. and Lichou, J., 1994,** Flowering and Fruiting of ‘Burlat’ Sweet Cherry on Size-Controlling Rootstock. *Hortscience* 29,611-612.
- Kavaklı, Ş., 2007,** Farklı Büyüme Gücündeki Bazı İdris (*Prunus mahaleb* L.) Tiplerinin RAPD Tekniği İle Moleküler Tanımlamaları Üzerine Bir Araştırma. *Türkiye V. Bahçe Bitkileri Kongresi*, 755-758.
- King, G.J., 1994,** Progress in Mapping Agronomic Genes in Apple (The European Apple Genome Mapping Project). *Euphytica*, No.77:65-69.
- Kollmann J. and Pflugshaupt K., 2005,** Population Structure of a Fleshy-Fruited Species at its Range Edge the Case of *Prunus mahaleb* L. in Northern Switzerland. *Botanica Helvetica* 115:49-61.

KAYNAKLAR (devam)

- Krahl, K.H., Lansari, A. and Iezzoni, A.F.,** 1991, Morphological Variation within a Sour Cherry Collection. *Euphytica* 52(1),47–55.
- Krichen, L., Martins, J.M.S., Lambert, P., Daaloul, A., Trifi-Farah, N., Marrakchi, M. and Audergon, J.M.,** 2008, Using AFLP Markers for the Analysis of the Genetic Diversity of Apricot Cultivars in Tunisia. *Journal of the American society for Horticultural Science* No.133:204-212.
- Lanauskas, J., Kviklys, D. and Uselis, N.,** 2007, Evaluation of Rootstocks for Sweet Cherry Cv. ‘Vytenu Rozine’. *Acta Horticulturae* (No.732):335-339.
- Langercrantz, U., Ellegren, H. and Andersson, L.,** 1993, The Abundance of Various Polymorphic Microsatellite Motifs Differs Between Plants and Vertebrates. *Nucleic Acids Res* 21:1111-1115.
- Iezzoni, A., Schmid, H. and Albertini, A.,** 1991, Cherries (*Prunus*). In: Genetic resources of Temperate Fruits and Nuts. *Acta Horticulturae*, 290,111-176.
- Liscum, M., and Oeller, P.,** 1995, AFLP: not only fingerprinting, but for positional clonning, Department of Plant Biology, Carnegie Institution of Washington, Standford, CA, 94305.
- Liu, B.H.,** 1999, Introduction to Genomics, Statistical Genomics (Linkage, Mapping and QTL Analysis), CRC Press, USA, 611 p.
- Lodhi, M., Guang-Ning, Y., Weeden, N.F. and Reisch, B.I.,** 1994, A simple and efficient method for DNA extraction from grapevine cultivars, *Vitis* species and *Ampelopsis*. *Plant Molecular Biology Reporter* 12(1):6-13.
- Lopes, M.S., Sefc, K.M., Laimer, M. and Machado, C.A.,** 2002, Identification of Microsatellite Loci in Apricot. *Mol. Ecol. Notes* 2:24-26.
- Mariniello, L., Sommella, M.G., Sorrentino, A., Forlani, M. and Porta, R.,** 2002, Identification of *Prunus armeniaca* Cultivars by RAPD and SCAR Markers. *Biotechnology Lett.* 24,749-755.

KAYNAKLAR (devam)

- Maslow, J. N., Mulligan, M. E. and Arbeit, R.D.,** 1993, Molecular Epidemiology: Application of Contemporary Techniques to the Typing of Microorganisms. Clin. Infect. Dis. 17:153–164.
- McGregor, C.E., Lambert, C.A., Greyling, M.M., Louw, J.H. and Warnich, L.,** 2000, A comparative Assessment of DNA Fingerprinting Techniques (RAPD, ISSR, AFLP and SSR) in Tetraploid Potato (*Solanum tuberosum* L.) Germplasm. Euphytica 113:135-144.
- Mısırlı, A. and Özeker, E.,** 1999, Farklı İdris Tiplerinin Fenolik Madde İçeriklerinin Kalitatif ve Kantitatif Değerlendirilmesi. Türkiye III. Ulusal Bahçe Bitkileri Kongresi, Ankara, 196-200.
- Moghadam E. G. and Khalighi, A.,** 2007, Relationship Between Vigor of Iranian *Prunus Mahaleb* L. Selected Dwarf Rootstock and Some Morphological Characters. Scientia Horticulturae 111:209-212.
- Mohan, M., Nair, S., Bhagwat, A., Krishna, T.G., Yano, M., Bhatia, C.R., and Sasaki, T.,** 1997, Genome Mapping Molecular Marker and Marker-Assisted Selection in Crop Plants, Molecular Breeding, 3:87-103.
- Mohanty, A., Martin, J.P. and Aguinanagalde, I.,** 2001, Chloroplast DNA study in Wild Populations and Some Cultivars of *Prunus avium* L. Theor. Appl. Genet. 103:112-117.
- Monte-Corvo, L., Cabrita, L., Oliveira, C. and Leitao, J.,** 2004, Assessment of genetic relationships among *Pyrus* species and cultivars using AFLP and RAPD markers. Genetic Resources and crop evolution. Volume 47, number 3, 257-265.
- Moore, J.N. and Janick, J.,** 1983, Methods in Fruit Breeding, Purdue University Pres, West Lafayette, IN.
- Morel, V.,** 1997, Bacteria Diversify Through Warfare. Science 278:575.
- Moreno, M.A., Montañe's, L., Tabuenca, M.C. and Cambra, R.,** 1996, The Performance of Adara as a Cherry Rootstock. Sci. Hortic. 65, 58–91.

KAYNAKLAR (devam)

- Moreno, M.A., Adrada, R., Aparicio, J. and Betra'n, J.A.**, 2001, Performance of 'Sunburst' Sweet Cherry Grafted on Different Rootstocks. J. Hort. Sci. Biotech. 76(2):167-173.
- Nei, M., and Li, W.**, 1979, Mathematical Model for Studying Genetic Variance in Terms of Restriction Endonucleases. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 76: 5256-5273.
- Neilsen, G. and Kappel, F.**, 1996, 'Bing' Sweet Cherry Leaf Nutrition is Affected by Rootstock. Hortscience 31(7):1169–1172.
- Nybom, H.**, 1990a. Genetic Variation in Ornamental Apple Trees and Their Seedlings (*Malus*, Rosaceae) Revealed by DNA Fingerprinting With M13 Repeat Mode. Hereditates, No.113, 17-28.
- Nybom, H.**, 1990b. DNA Fingerprints Evaluated with Computer Imaging vs. Human Eyeballs. Fingerprint News, No.2:10-15.
- Ohta, S., Katsuki, T., Tanaka, T., Hayashi, T. and Sato, Y.I.**, 2005, Genetic Variation in Flowering Cherries (*Prunus subgenus Cerasus*) Characterized by SSR Markers. Breeding Science 55:415-424.
- Özbek, S.**, 1978a, Genel Meyvecilik. Çukurova Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Yayınları: No:11, Ders Kitabı 6, Adana, 386s.
- Özbek, S.**, 1978b, Özel Meyvecilik. Çukurova Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Yayınları: No: 28, Ders Kitabı 11, Adana, 486s.
- Özçağır, R.**, 1976, Kiraz-Vişne Anaçları. Ege Üni., Ziraat Fakültesi Dergisi, 13(2):163-177.
- Özkan, H.**, 2006, DNA Moleküler Markör Teknikleri Sunumu. DNA Markörleri ve Bitki Islahında Kullanımı. Ulusal Kurs. Çukurova Üniversitesi Bahçe Bitkileri Bölümü, Adana, Türkiye.
- Pedersen, B.H.**, 2006, Dna Fingerprints of 51 Sweet and Sour *Prunus* Accessions Using Simple Sequence Repeats. Journal of Horticultural Science & Biotechnology 81(1):118-124.

KAYNAKLAR (devam)

- Pejic, I., Ajmone-Marsan, P., Morgante, M., Kozumplic, V., Castiglioni, P., Taramino, G. and Motto, M.,** 1998, Comparative analysis of genetic similarity among maize inbred lines detected by RFLPs, RAPDs, SSRs and AFLPs. *Theor Appl. Genet.* 97:1248-1255
- Perez-Sanches, R., Ruiz, D., Dicenta, F., Egea, J. and Gomez-Martinez, P.,** 2005, Application of Simple Sequence Repeat (SSR) Markers in Apricot Breeding: Molecular Characterization, Protection, and Genetic Relationship. *Scientia Horticulturæ* 103:305-315.
- Perry, R.L.,** 1987, Cherry Rootstocks. In: Rom, R.C., Carlson, R.F. (Eds.), *Rootstocks for Fruit Crops*. JohnWiley and Sons, New York, 217–264.
- Pflugshaupt K., Kollmann J., Fischer M. and Roy B. A.,** 2002, Pollen Quantity and Quality Affect Fruit Abortion in Small Populations of a Rare Fleshy-Fruited Shrub. *Basic Appl. Ecol.* 3:319–327.
- Powell, W., G.. Machray and Provan, J.,** 1991, Polymorphism Revealed by Simple Sequence Repeats. *Trends in Plant Sci.*, 1:215-222.
- Powell, W., Morgante, M., Andre, C., Hanafey, M., Vogel, J., Tingey, S. and Rafalski, A.,** 1996, The Comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) Markers for Germplasm Analysis. *Mol. Breed.* 2:225-238.
- Radulic, M., Strikic, F., Cmelik, Z. and Miljkovic, I.,** 2004, The Influence of Saint Lucie Cherry 64 Rootstock on The Growth and Yield of Cherry in the Agroecological Environment of Middle Dalmatia. *Pomologia Croatica* 10(1/4):3-9.
- Rakonjac, V., Surlan-Momiravac, G. and Ljubanovic-Ralevic, I.,** 1996, Morphological and Biochemical Variability in Different Populations of Wild Sweet Cherry. *Acta Hort.* 410:413-421.
- Reineke, A., Karlovsky, P. and Zebitz, C.P.,** 1998, Preparation and Purification of DNA from Insects for AFLP Analysis. *Insect Mol. Biol.* No.7:95–99.

KAYNAKLAR (devam)

- Replogle, J., Lord, W.D., Budowle, B., Meinking, T.L. and Taplin, D.,** 1994, Identification of Host DNA by Amplified Fragment Length Polymorphism Analysis: Preliminary Analysis of Human Crab Louse (Anoplura: Pediculidae) Excreta. J. Med. Entomol.No.31:686–690.
- Revin, A.A.,** 1990, New Sweet Cherry Cultivar Localized in The Crimea. No:12, Ukraine.
- Rivers, T.,** 1870, The Miniature Fruit Garden, 6th edn. Longmans, London.
- Rohlf, F.J.,** 1992, NTYS-pc: Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System, Version 1.7. Applied Biostatistics, Setauket, N.Y.
- Rom, R.C. and Carlson, R.F.,** 1987, Rootstock for Fruit Crops. John Wiley and Sons Inc. NewYork.
- Romero, C., Pedryc, A., Munoz, V., Llacer, G. and Badenes, L.,** 2003, Genetic Diversity of Different Apricot Geographical Groups Determined by SSR Markers. Genome 46:244-252.
- Rozen, S., Skaletsky , H. 1998.** PRIMER 3 Code available at http://www-genome.wi.mit.edu/genome_software/other/primer3.html.
- Ruisa, S. and Rubauskis, E.,** 2004, Preliminary Results of Testing New Sweet Cherry Rootstocks. Acta Hort. 658:541-546.
- Russell, JR., Fuller, J.D., Macaulay, M., Hatz, BG., Jahoor, A., Powell, W. and Waugh, R.,** 1997, Direct Comparison of Levels of Genetic Variation Among Barley Accessions Detected by RFLPs, AFLPs, SSRs and RAPDs. Theor. Appl. Genetic 95:714-722.
- Salman, A.,** 2000, Bazı Serin İklim Buğdaygillerinin Akdeniz İklim Kuşağındaki Yeşil Alan Performansları Üzerinde Araştırmalar, E.Ü. Fen Bilimleri Enstitüsü (Yüksek Lisans Tezi), Bornova, İzmir.

KAYNAKLAR (devam)

- Sanchez-Perez, R., Ballester, J., Dicenta, F., Arus, P. and Gomez-Martinez, P.,** 2006, Comparison of SSR Polymorphism Using Automated Capillary Sequencers, and Polyacrylamide and Agarose Gel Electrophoresis: Implications for the Assessment of Genetic Diversity and Relatedness in Almond. *Scientia Horticulturae* 108:310-316.
- Santos, A.S.A.; Riberio, R.S.S.; Lousada, J.L. and Pereira, A.M.,** 2007, Growth Performance of Sweet Cherry Cultivars on Five Rootstock. *Acta Hort. Sci.* No:732.
- Savelkoul, P.H.M., Aarts, H.J.M., Haas De, J., Dijkshoorn, L., Duim, B., Otsen, M., Rademaker, J.L.W., Schouls, L. and Lenstra, J.A.,** 1999, Amplified-Fragment Length Polymorphism Analysis: the State of an Art. *Journal of Clinical Microbiology*, vol:37, No:10,3083-3091.
- Scheuler, S., Tusch, A., Schuster, M. and Ziegenhagen, B.,** 2003, Charecterization of Microsatellites in Wild and Sweet Cherry (*Prunus avium* L.)-Markers for Individual Identification and Reproductive Processes. *Genome* 46:95-102.
- Sebok, I.,** 1968. Selection of Mahaleb Cherry Seed Trees. *SzO' lO' -es gyU"mO" esermesztes*, Budapest, 4:133-143.
- Sefc, K. M., Steinkellner, H., Wagner, H. W., Gloessl, J. and Regner, F.,** 1997, Applicaiton of Microsatellite Markers to Parentage Studies in Grapevine. *Vitis*, 36: 179-183.
- Sefc, K.M., Lefort, F., Grando, M.S., Scott, K.D., Steinkellner, H. and Thomas, M.R.,** 2001, Microsatellite Markers for Grapevine: A State Of The Art. In "Molecular Biology And Biotechnology of The Grapevine, Kluwer Academic Publishers, 407-438.
- Serrano, B., Gomez-Aparisi, J. and Hormaza, J.I.,** 2002, Molecular Fingerprinting of *Prunus* rootstock using SSRs. *Journal Horti. Sci. Biotechnol.* 77:368-372.

KAYNAKLAR (devam)

- Shiran, B., Amirbakhtiar, N., Kaini, S., Mohammadi, Sh., Sayed-Tabatabaei, B. E. and Moradi, H.,** 2007, Molecular Characterization and Genetic Relationship Among Almond Cultivars Assessed by RAPD and SSR Markers. *Scientia Horticulturae* 111:280-292.
- Simon, G., Hrotko, K. and Magyar, L.,** 2004a. Fruit Quality of Sweet Cherry Cultivars Grafted on Four Different Rootstock. *Acta Horticulturae* No.658(1):365-370.
- Simon, G., Hrotko, K. and Magyar, L.,** 2004b, Growth, Yield and Pruning Requirements of Sweet Cherry as Affected by Rootstocks. *Acta Horticulturae* No.658 (1):265-272.
- Simon, G., Hrotko, K. and Magyar, L.,** 2007, Growth, Yield and Tree Condition of a Fifteen Year-Old Semi Intensive Sweet Cherry Orchard. *Acta Horticulturae* No. 732:341-344.
- Sitarek, M., Grzyb, Z.S. and Omiecinska, B.,** 2005, Performance of Sweet Cherry Trees on Gisela(R)5 Rootstock. *Acta Horticulturae* No.667(Vol.2):389-391.
- Sneath P. H. A. And Sokal, R.R.,** 1973, Numerical Taxonomy. W. H. Freeman and Company, San Francisco.
- Sorkheh, K., Shiran, B., Aranzana, M.J., Mohammadi, S.A. and Gomez-Martinez, P.,** 2007, Application of Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLPs) Analysis to Plant Breeding and Genetics: Procedures, Applications and Prospects. *Journal of Food, Agriculture&Environment* Vol.5(1):197-204.
- Sosinski, B., Gannavarapu, M., Hager, L.E., Bck, L.E., King, G.J., Ryder, C.D., Rajapakse, S., Baird, W.V., Ballard, R.E. and Abbott, A.G.,** 2000, Characterization of Microsatellite Markers in Peach (*Prunus persica* (L) Basch, *Theor. Appl. Genet.* 101:421-428.

KAYNAKLAR (devam)

- Struss, D., Bortiziki, M., Glozer, K. and Southwick, S.M.,** 2001, Detection of Genetic Diversity Among Populations of Sweet Cherry (*Prunus avium* L.) by AFLPs. J. Hort. Sci. Biotechnol. 76:362-367.
- Struss, D., Ahmad, R., Southwick, S.M. and Boritzki, M.,** 2003, Analysis of Sweet Cherry (*Prunus avium* L.) Cultivars Using SSR and AFLP Markers. Journal of the American Society for Horticultural Science. No.128:904-909.
- Taramino, G. and Tingey, S.,** 1996, Simple Sequence Repeats for Germplasm Analysis and Mapping in Maize.Genome, 39:277-287.
- Tautz, D., Trick, M. and Dover, G.,** 1986, Cryptic Simplicity in DNA is a Major Source of Genetic Variation. Nature 322:652-653.
- Tavaud, M., Zanetto, A., Santi, F. and Dirlewanger, E.,** 2001, Structuration of Genetic Diversity in Cultivated and Wild Cherry Varieties Using Molecular Markers. Acta Hort. 546:263-269.
- Tenover, F. C., Arbeit, R., Archer, G., Biddle, J., Byrne, S., Goering, R., Hancock, G., He'Bert, G.A., Hill, B., Hollis, R., Jarvis, W.R., Kreiswirth, B., Eisner, W., Maslow, J., Mcdougal, L.K., Miller, J.M., Mulligan, M. and Pfaller, M.A.,** 1994, Comparison of Traditional and Molecular Methods of Typing Isolates of Staphylococcus Aureus. J. Clin. Microbiol. No.32:407-415.
- Testolin, R., Marrazo, T., Cipriani, G., Quarta, R., Verde, L., Dettori, T., Pancaldi, M. and Sansavini, S.,** 2000, Microsatellite DNA in Peach (*Prunus persica* L. Batsch) and it Use in Fingerprinting and Testing the Genetic Origin of Cultivars. Genome 43:512-520.
- Trefois, R.,** 1985, Dwarfing Rootstocks for Sweet Cherries. Acta Hort., 169:147-155.
- Tukey, H.B., 1930,** Identification of Mazzard and Mahaleb Cherry Rootstocks, N.Y. State Agr. Exp. Sta. Cir. 117, 12p.

KAYNAKLAR (devam)

- Van Belkum, A.**, 1994, DNA Fingerprinting of Medically Important Microorganisms by Use of PCR. Clin. Microbiol. Rev.No.7:174–184.
- Vaneechoutte, M.**, 1996, DNA Fingerprinting Techniques for Microorganisms a Proposal for Classification and Nomenclature. Mol. Biotechnol. No.6:115–142.
- Vaughan, S.P. and Russel, K.**, 2004, Charecterization of Novel Microsatellites and Development of Multiplex PCR for Large Scale Population Studies in Wild Cherry, *Prunus Avium*. Molecular Ecology Notes 4:429-431.
- Vercammen, J., Daele, G. and Vanrykel. V.T.**, 2006, Use of Gisela 5 for sweet Cherries. Sodininkyste ir Darzininkyste 25(3):218-223.
- Versalovic, J., Woods, C.R., Georghiou, P.R., Hamil, J. and Lupski, J.R.**, 1993, DNA-Based Identification and Epidemiologic Typing of Bacterial Pathogens. Arch. Pathol. Lab. Med. 117:1088–1098.
- Vos, P., Hogers, R., Bleeker, M., Reijans, M., Lee, T., Hornes, M., Frijters, A., Pot, J., Peleman, J., Kuiper, M. and Zabeau, M.**, 1995, “AFLP: a New Technique for DNA Fingerprinting”, Nucleic Acid Research, 23(No. 21):4407-4417.
- Walton, P. D.**, 1971, The Use of Factor Analysis in Determining Characters For Yield Selection in Wheat, Euphytica 20:416-421.
- Wang, Z., Weber, J.L., Zhong, G. and Tanksley, S.D.**, 1994, Survey of Plant Short Tandem Repeats. Theor. Apply. Genet. 88;1-6.
- Wang, D., Karle, R., Brettin, T.S. and Iezzoni, A.F.**, 1998, Genetic Linkage Map in Sour Cherry Using RFLP Markers. Theor. Appl. Genet. 97:1217-1224.
- Wang, Y., Georgi, L.L., Zhebentyayeva, T. N., Reighard, G.L., Scorza, R. and Abbott, A. G.**, 2002, High-Throughput Targeted SSR Marker Development in Peach (*Prunus Persica*). Genome 45(2):319-328.

KAYNAKLAR (devam)

- Webster, A.D. and Schmidt, H.**, 1996, Rootstocks for Sweet and Sour Cherries. Cherries Crop Physiology, Production and Uses, 163-167.
- Westrich P.**, 1989, Die Wildbienen Baden-Württembergs. Ulmer, Stuttgart.
- Wünsch, A., Hormoza, J.I.**, 2002, Molecular Characterisation of Sweet Cherry (*Prunus avium* L.) Genotypes Using Peach (*Prunus persica* L.) SSR sequences. Heredity 89:56-63.
- Xu, D.H., Wahyuni, S., Sato, M., Yamaguchi, M., Tsunematsu, H. and Ban, T.**, 2006, Genetic Diversity and Relationship of Japanese Peach (*Prunus Persica* L.) Cultivars Revealed by AFLP and Pedigree Tracing. Genetic Resources and Crop Evolution 53:883-889.
- Yamamoto, T., Shimada, T., Imai, T., Yaegaki, H., Haji, T., Matsuta, N., Yamaguchi, M. and Hayashi, T.**, 2001, Characterization of Morphological Traits Based on a Genetic Linkage Map in Peach. Breed. Sci. 51:271-278.
- Yamamoto, T., Mochida, K., Imai, T., Shi, Y.Z., Ogiware, I. and Hayashi, T.**, 2002, Microsatellite Markers in Peach [*Prunus persica* (L.) Batsch] Derived from an Enriched Genomic and c DNA libraries. Mol. Ecol. Notes 2:298-301.
- Yarılgaç, T. and Kadan, H.**, 2002, Morphological and Pomological Traits of ‘Kütahya’ Sour Cherry (*Prunus cerasus*) Grafted on Rootstocks of *Prunus avium* and *Prunus mahaleb* in Van Conditions. Indian Journal of Agricultural Sciences 72(6)358-361.
- Yıldırım, A. ve Kandemir, N.**, 2001, Genetik Markörler ve Analiz Metodları.(S. Özcan., E. Gürel ve M. Babaloğlu). Bitki Biyoteknolojisi Genetik Mühendisliği ve Uygulamaları, Selçuk Üniversitesi Basımevi Konya, 334-336.
- Yılmaz, M.**, 1992, Modern Bahçe Bitkileri Yetiştirme Tekniği. Çukurova Üniversitesi Basımevi, Adana,151s.

KAYNAKLAR (devam)

- Young, N.D. and Tanksley, S.D.,** 1989, RFLP Analysis of the Size of Chromosomal Segments Retained Around Tm-2 Locus of Tomato During Backcross Breeding. Theor. Appl. Genetic 77:353-359.
- Yüce, S.,** 2005, Bitki Islahı ve Moleküler Biyoteknoloji Uygulamaları. Genomics and Marker Assisted Selection (MAS) in Plant Breeding, 23-32.
- Zhebentyayeva, T.N., Reighard, G.L., Gorina, V.M. and Abbott, A.G.,** 2003, Simple Sequence Repeat (SSR) Analysis for Assesment of Genetic Variability in Apricot Germplasm. Theor. Appl. Genet. 106:435-444.
- Zhou, L., Kappel, F., Hmapson, C., Wiersma, P.A. and Bakkeren, G.,** 2002, Genetic Analysis and Discrimination of Sweet Cherry Cultivars and Selection Using Amplified Fragment Length Polymorphism Fingerprints. J. Amer. Soc. Hort. Sci. 127(5):786-792.

ÖZGEÇMİŞ

1977'de Aydın'da doğdu. İlk, orta ve lise öğrenimini İzmir'de tamamladı. 1995 yılında başladığı Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölümü'nden 1999 yılında mezun oldu. 2000 yılında Ege Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı'nda başladığı yüksek lisans öğrenimini 2002 yılında tamamlayarak, yine aynı yıl içerisinde Ege Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı'nda doktora öğrenimine başladı. Halen 2004 yılında atandığı Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölümü'nde Araştırma Görevlisi olarak çalışmaktadır.