

**ÇUKUROVA ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

DOKTORA TEZİ

Makbule YANAR

**BAZI ALIÇ (*Crataegus* spp.) GENOTİPLERİNİN POMOLOJİK,
KİMYASAL VE MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU**

BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI

ADANA-2021

ÖZ

DOKTORA TEZİ

BAZI ALIÇ (*Crataegus* spp.) GENOTİPLERİNİN POMOLOJİK, KİMYASAL VE MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU

Makbule YANAR

ÇUKUROVA ÜNİVERSİTESİ FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI

Danışman : Prof. Dr. Yıldız AKA KAÇAR
Yıl: 2021, Sayfa: 161
Jüri : Prof. Dr. Yıldız AKA KAÇAR
: Prof. Dr. N. Yeşim YALÇIN MENDİ
: Prof. Dr. Ahsen Işık ÖZGÜVEN
: Doç. Dr. İlknur SOLMAZ
: Doç. Dr. Özhan ŞİMŞEK

Bu çalışmada, ülkemiz florasında doğal olarak yetişen 53 ve Kayısı Araştırma Enstitü Müdürlüğü ülkesel alıç koleksiyon bahçesinde yer alan 12 olmak üzere toplam 65 alıç genotipinin fenolojik, pomolojik, kimyasal ve moleküler karakterizasyonu yapılmıştır. Fenolojik gözlem, pomolojik ve kimyasal analizlerde 3 hünnap ve 3 elma genotipi de yer almıştır. Araştırmada yer alan alıç genotiplerinde tür teşhisi yapıp, 13 farklı alıç türü belirlenmiştir.

Tez çalışmasında yer alan, alıç, elma ve hünnap genotiplerine ait meyvelerde; meyve ağırlığı (g), meyve boyutları (mm), çekirdek ağırlığı (g), meyve et/çekirdek oranı (%) ve $L^*a^*b^*$ değerleri gibi pomolojik özellikleri belirlenmiştir. Meyve ağırlığı değerlerinin 13.7 g ile 0.46 g arasında değiştiği ve en yüksek meyve ağırlığı değerleri 13.7 g ile 50-2 (*C. orientalis*, var. *obtusata*) ve 13.64 ile 50-1 (*C. orientalis*, var. *obtusata*) nolu genotiplerde tespit edilmiştir. Çalışmada yer alan genotiplere ait meyve örneklerinin kimyasal özelliklerini belirlemek için, pH, suda çözülür kuru madde (%), titre edilebilir asitlik (%), C vitamini (mg/100g), toplam fenolik madde miktarı (mg GAE/100), şeker bileşenleri (g/100 g) ve fenolik bileşenler (mg/100 g) analizleri yapılmıştır. pH, ŞÇKM, titre edilebilir asitlik, C vitamini ve toplam fenolik madde oranlarına bakıldığında en yüksek değerler sırasıyla, 91-1 (4.28), 91-1 (% 22.40), 90-1 (% 2.2), 91-1 (19.1 mg/100 g) ve 91-1 (838.72 mg GAE/100 g) genotiplerinde belirlenmiştir. 91-1 nolu genotipin ŞÇKM, C vitamini ve toplam fenolik madde konsantrasyonunun yüksek değerlere sahip olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca kimyasal analizleri yapılan genotiplerde, farklı miktarlarda olmak üzere gallik asit, kateşin, epikateşin, epigallokateşin gallat, rutin ve kafeik asit bileşenleri belirlenmiştir.

Araştırmanın moleküler karakterizasyon çalışmalarında, 14 ISSR primeri, 7 SRAP primer kombinasyonu ve 8 SSR primer çifti kullanılmıştır. Bu yöntemler arasında en yüksek polimorfizm oranı % 100 ile SSR markörlerinden elde edilmiş ve bunu % 90.62 ile SRAP ve % 87.32 ile ISSR yöntemleri izlemiştir. Moleküler karakterizasyon çalışmalarında elde edilen verilere göre, araştırmada yer alan ve Türkiye'nin farklı bölgelerinden toplanan *Crataegus* L. türlerinin genetik olarak büyük bir çeşitlilik gösterdiği ve pomolojik, kimyasal içerik açısından alıç ıslah çalışmalarında değerlendirilmesi gereken önemli bir genetik kaynak oldukları belirlenmiştir.

Anahtar Kelimeler: *Crataegus* L., Genetik Kaynaklar, Polimorfizm, Moleküler Markörler, Fenolik Bileşenler.

ABSTRACT

PhD THESIS

POMOLOGICAL, CHEMICAL AND MOLECULAR CHARACTERIZATION OF SOME HAWTHORN (*Crataegus* spp.) GENOTYPES

Makbule YANAR

ÇUKUROVA UNIVERSITY
INSTITUTE OF NATURAL AND APPLIED SCIENCES
DEPARTMENT OF BIOTECHNOLOGY

Supervisor : Prof. Dr. Yıldız AKA KAÇAR
Year: 2021, Pages: 161
Jury : Prof. Dr. Yıldız AKA KAÇAR
: Prof. Dr. N. Yeşim YALÇIN MENDİ
: Prof. Dr. Ahsen Işık ÖZGÜVEN
: Assoc. Prof. Dr. İlknur SOLMAZ
: Assoc. Prof. Dr. Özhan ŞİMŞEK

In this study, phenological, pomological, chemical and molecular characterization of a total of 65 hawthorn genotypes, 53 naturally grown in our country's flora and 12 located in the national hawthorn collection garden of the Apricot Research Institute, were carried out. In the phenological observation, pomological and chemical analyzes, 3 jujube and 3 apple genotypes were also included. Species identification was made in the hawthorn genotypes included in the study and 13 different hawthorn species were determined.

In the fruits of hawthorn, apple and jujube genotypes included in the thesis study; pomological characteristics such as fruit weight (g), fruit dimensions (mm), seed weight (g), fruit pulp/seed ratio (%) and $L^*a^*b^*$ values were determined. It was determined that fruit weight values ranged from 13.7 g to 0.46 g and the highest fruit weight was 13.7 g in genotypes 50-2 (*C. orientalis* var. *obtusata*) and 13.64 and 50-1 (*C. orientalis* var. *obtusata*) genotypes has been done. In order to determine the chemical properties of the fruit samples belonging to the genotypes in the study, pH, soluble solid content (%), titratable acidity (%), vit C (mg/100g), total phenolic substance amount (mg GAE/100), sugar components (g/100 g) and phenolic components (mg/100 g) analyzes were made. Considering the pH, SSC, titratable acidity, vit C and total phenolic substance ratios, the highest values were 91-1 (4.28), 91-1 (22.40 %), 90-1 (2.2 %), 91-1 (19.1 mg/100 g), and 91-1 (838.72 mg GAE/100 g) respectively genotypes. It was determined that genotype 91-1 had high values of SSC, vit C and total phenolic substance concentration. In addition, different amounts of gallic acid, catechin, epicatechin, epigallocatechin gallate, rutin and caffeic acid components were determined in the genotypes that were chemically analyzed.

In the molecular characterization studies of the research, 14 ISSR primers, 7 SRAP primer combinations and 8 SSR primer pairs were used. The highest polymorphism rate was obtained from SSR markers with 100 %, followed by SRAP with 90.62 % and ISSR with 87.32 %. According to the data obtained in the molecular characterization studies, it was determined that the *Crataegus* L. species included in the research and collected from different regions of Turkey show a great genetic diversity and are an important genetic resource that should be evaluated in hawthorn breeding studies in terms of pomological and chemical content.

Key words: *Crataegus* L., Genetic Resources, Polymorphism, Molecular Markers, Phenolic Components

GENİŞLETİLMİŞ ÖZET

Alıç sistematik olarak, *Rosaceae* familyasının *Crataegus* cinsi altında yer almaktadır. Kuzey ılıman bölgelere özgüdür. Alıç, kışın yaprağını döken, dikenli ağaç veya çalı formunda bir meyve türüdür. Avrupa, Doğu ve Orta Asya, Kuzey Amerika'nın ılıman bölgeleri doğal yayılış alanıdır.

Alıç, *Rosaceae* familyasının ülkemizde en yaygın türleri olup 8'i endemik olmak üzere 31 tür/alttür ile temsil edilmektedir. Ülkemizin, her bölgesinde doğal olarak yetişmektedir. Polimorfizm, hibridizasyon, apomiksis ve yetiştirme tercihleri gibi nedenlerden dolayı *Crataegus* türleri geniş çeşitlilik göstermektedir. Türkiye, genetik çeşitlenme merkezinin içerisinde yer alması, farklı iklim ve toprak özelliklerine sahip olması gibi nedenlerden dolayı alıç türleri açısından oldukça zengindir ve bilinenden daha fazla türe sahip olduğu düşünülmektedir.

Ülkemiz florasında doğal olarak yetişen alıç türlerinin çiçek, meyve ve yaprakları tarih boyunca geleneksel olarak tüketilmiş ve tüketilmesi önerilen önemli bitkiler arasında yer almıştır. Bitkilerin meyveleri, avonoid, C vitamini, glikozit, antosiyanin, saponin, tannin, antioksidan, ve fenolik bileşikler dahil olmak üzere çok sayıda değerli ikincil metabolitler bakımından zengindir. Alıç bitkisinin farklı kısımları özellikle kardiyotonik, kalp ilaçları ve antihipertansifler olmak üzere çeşitli bitkisel ilaçların ilaç formülasyonuna girmektedir. Ayrıca alıç meyveleri; marmelat, reçel, pekmez, sirke, ezme, kurutulmuş meyve, meyve suyu, çay gibi çeşitli fonksiyonel gıda kaynağı olarak kullanılmaktadır. Alıç türleri ekstrem iklim koşullarına dayanıklılığı ve yüksek adaptasyon yeteneği sayesinde dünya ve ülkemizde pek çok alana yayılmıştır. Toprak ve iklim istekleri açısından seçici olmayışı, büyük bir zenginliğe sahip olması, kullanım alanlarını da artırmıştır. Alıç türleri fakir toprak ve dağlık alanlarda yetişebilmekte ve erozyona açık alanlarda ilk akla gelen türlerden birisidir.

Bitki genetik kaynakları açısından oldukça zengin olan ülkemiz için, genetik materyalin korunması ve değerlendirilmesi büyük önem taşımaktadır.

Genetik kaynakların etkili kullanılmasının ilk adımı genetik varyasyonun tanımlanmasıdır. Biyoteknoloji alanında yaşanan gelişmeler ile birlikte, genetik karakterizasyon çalışmalarında moleküler markörler kullanılmaya başlamıştır. Genetik varyasyon çalışmalarında hızla yerini almış ve gün geçtikçe kullanımı artmıştır.

Ülkemizin her bölgesinde doğal olarak yetişen ve hibridizasyon, poliploidi gibi biyolojik olaylardan kaynaklı tanımlama sorunlarına sahip olan bu türün moleküler belirteçlerle tanımlanmasına ihtiyaç vardır. Ülkemiz alıç türleri açısından zengin bir çeşitliliğe sahiptir. Bu zengin potansiyelin pomolojik, biyoyararlılık, kimyasal ve moleküler düzeyde tanımlanıp değerlendirilmesi oldukça önemlidir.

Bu tez kapsamında, ülkemiz florasında doğal olarak yetişen 53 alıç ve Kayısı Araştırma Enstitüsü Ülkesel Alıç Koleksiyon Parselinde yer alan 12 alıç genotipinin moleküler karakterizasyonu ISSR, SRAP ve SSR markörleri kullanılarak araştırılmıştır. Ayrıca bu genotiplerde fenolojik gözlem, pomolojik ve kimyasal analizler yapılmıştır. Ayrıca, tez çalışmasında fenolojik gözlem, pomolojik ve kimyasal analizlerde takson dışı olarak 3 elma ve 3 hünnap genotipi yer almıştır.

Çalışmada yer alan genotiplerin çiçek açma ve meyve olum tarihleri belirlenmiştir. Meyve olum tarihlerinin 19-09-2019 ile 24-10-2019 arasında değiştiği gözlemlenmiştir.

Tez çalışmasında yer alan genotiplere ait meyvelerde pomolojik ve kimyasal analizler yapılmıştır. Meyve ağırlığı, meyve boyutları, çekirdek ağırlığı, meyve/et çekirdek oranı ve $L^*a^*b^*$ değerleri, pH, suda çözülür kuru madde (%), titre edilebilir asitlik (%), C vitamini (mg / 100g), toplam fenolik madde miktarı (mg GAE / 100), şeker bileşenleri (g/100 g) ve fenolik bileşenler (mg / 100 g) analizleri yapılmıştır.

Yapılan çalışmalarda meyve ağırlığının 0.46 g ile 13.7 g arasında değiştiği belirlenmiştir. $L^*a^*b^*$ değerlerinin tür ve genotiplere göre büyük değişkenlik

gösterdiği belirlenmiştir. Çalışmada yer alan genotiplerin pH değerinin 4.28 ile 2.96, suda çözünür kuru madde miktarının % 22.40 ile % 5.20, titre edilebilir asit değerinin % 2.2 ile % 0.12 arasında değiştiği tespit edilmiştir. Genotiplerin meyvelerine ait C vitamini değerinin ise 19.1 mg/100 g ile 0.9 mg/100 g arasında değişmiştir. Araştırmada yer alan meyvelerin şeker bileşenleri HPLC-RID sisteminde ve sakkaroz, glikoz ve fruktoz standartları kullanılarak belirlenmiştir. Genotiplere ait sakkaroz, glikoz ve fruktoz değerleri değişkenlik göstermiştir. Alıç genotiplerine ait toplam fenolik madde miktarı açısından en yüksek 838.72 mg GAE/100 g elde edilmiş ve genotipler arasında büyük değişkenlik göstermiştir. Araştırmada yer alan genotiplere ait meyve ekstraktlarının HPLC-DAD sisteminde fenolik bileşen tayinleri yapılmıştır. Analizleri yapılan genotiplerde, farklı miktarlarda olmak üzere gallik asit, kateşin, epikateşin, epigallokateşin gallat, rutin ve kafeik asit bileşenleri belirlenmiştir.

Tez çalışmasında yer alan 65 alıç genotipi arasında genetik çeşitliliği belirlemek için ISSR, SRAP ve SSR markörleri kullanılmıştır. ISSR primerleri ile yapılan çalışmalarda 14 ISSR primeri yer almış ve polimorfizm oranı % 87.32 olmuştur. SRAP markörleri ile yapılan analizlerde 7 SRAP primer kombinasyonu kullanılmış ve polimorfizm oranı % 90.62 olarak belirlenmiştir. Ayrıca, alıç genotipleri arasındaki genetik çeşitliliği belirlemek için 8 SSR primer çiftinden de faydalanılmış ve polimorfizm oranı % 100 olduğu tespit edilmiştir. Alıç genotipleri arasında genetik varyasyonun yüksek olduğu belirlenmiştir.

Sonuç olarak, ülkemiz popülasyonunda doğal yayılımı gösteren alıç türleri arasında genetik çeşitliliğin yüksek olduğu belirlenmiştir. Yürütülen çalışma ile bu meyve türünün, fenolojik, pomolojik ve türün zengin kimyasal içeriğinin belirlenmiş ve ülke genetik kaynaklarının verimli kullanılması hedeflenmiştir.



TEŞEKKÜR

Doktora eğitimim boyunca bilgi ve tecrübesiyle desteğini hep yanımda hissettiğim, öğrencisi olmaktan onur duyduğum ve değerli bilim insanı danışman hocam Sayın Prof. Dr. Yıldız AKA KAÇAR'a teşekkürlerimi sunarım.

Tez çalışmamın her aşamasında çok değerli katkılarıyla beni yönlendiren, yardımlarını esirgemeyen, değerli Tez İzleme Komitesi üyeleri hocalarım Sayın Prof. Dr. Yeşim YALÇIN MENDİ ve Sayın Prof. Dr. Ahsen Işık ÖZGÜVEN'e, doktora tezimin değerlendirilmesinde büyük katkı ve öneriler sunan Doç.Dr.İlknur SOLMAZ ve Doç.Dr.Özhan ŞİMŞEK'e saygı ve teşekkürlerimi sunarım. Doktora tez çalışması süresince, her aşamasında sabır ile yardım ve desteğini esirgemeyen, değerli arkadaşım Dr. Dicle DÖNMEZ'e teşekkür ederim.

Doktora tez çalışmaları süresince arazi ve kimyasal analiz çalışmalarında bilgi ve deneyimiyle katkıda bulunan, Dr. Yılmaz UĞUR'a teşekkür ederim. Laboratuvar çalışmalarında önemli katkıları olan mesai arkadaşım Kimyager Rukiye YAMAN'a teşekkür ederim.

Alıç genotiplerine ait tür teşhisi çalışmalarında katkı sağlayan, değerli hocam Prof. Dr. Tuncer TAŞKIN'a teşekkür ederim.

Doktora eğitimim süresince seyahatlerimde destek olan Zeki Doğan KURTUL'a ve ablam Memnune TUFAN'a teşekkür ederim.

Son olarak; doktora eğitim sürecinin her anında beni destekleyen ve bu süreci benim ile birlikte yaşayan oğlum Deniz Doğa ve eşim Hüseyin YANAR'a teşekkür ederim.

İÇİNDEKİLER

SAYFA

ÖZ	I
ABSTRACT.....	II
GENİŞLETİLMİŞ ÖZET	III
TEŞEKKÜR.....	VII
İÇİNDEKİLER	VIII
ÇİZELGELER DİZİNİ	XII
ŞEKİLLER DİZİNİ	XIV
KISALTMALAR.....	XVI
1. GİRİŞ	1
2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR	17
2.1. Alıç Türlerinin Morfolojik ve Pomolojik Özellikleri Üzerine Yapılan Çalışmalar	17
2.2. Alıç Türlerinin Kimyasal Özellikleri Üzerine Yapılan Çalışmalar.....	20
2.3. Moleküler Markör Tekniklerinin Alıç Türlerinde Kullanımı Üzerine Yapılan Çalışmalar	23
3. MATERYAL METOD	29
3.1. Materyal	29
3.2. Metod	47
3.2.1. Tür Tespitleri.....	47
3.2.2. Fenolojik Gözlemler.....	51
3.2.2.1. Çiçeklenme ve Meyve Olgunlaşma Tarihleri	51
3.2.3. Pomolojik Özellikler	53
3.2.3.1. Meyve Boyutları (mm)	53
3.2.3.2. Meyve Ağırlığı (g).....	53
3.2.3.3. Çekirdek Ağırlığı (g)	53
3.2.3.4. Meyve Et / Çekirdek Oranı (%).....	53
3.2.3.5. Renk Tayini	54

3.2.4. Kimyasal Analizler.....	54
3.2.4.1. pH	54
3.2.4.2. Suda Çözünür Kuru Madde (SÇKM %)	54
3.2.4.3. Titre Edilebilir Asitlik (%).....	55
3.2.4.4. Meyvelerde C Vitamin Analizleri (mg/100 g).....	55
3.2.4.5. Meyvelerde Şeker Bileşenleri Analizleri (g/100 g)	56
3.2.4.6. Toplam Fenolik İçeriğin Belirlenmesi (mg GAE/100 g)	57
3.2.4.7. Fenolik Bileşenlerin HPLC' de Tayini (mg/100g)	58
3.2.5. Moleküler Analizler	59
3.2.5.1 Genotiplerin DNA izolasyonu	59
3.2.5.2. DNA Kalite ve Kantitesinin Belirlenmesi	61
3.2.5.3. ISSR Analizleri.....	62
3.2.5.3.(1). PCR Çalışmalarında Kullanılan ISSR Primerleri	63
3.2.5.3.(2). Agaroz Jel Elektroforezi.....	63
3.2.5.4. SRAP Analizleri	64
3.2.5.4.(1).PCR Çalışmalarında Kullanılan SRAP Primerleri	65
3.2.5.4.(2). Agaroz Jel Elektroforezi.....	66
3.2.5.5. SSR Analizleri	66
3.2.5.5.(1). PCR Çalışmalarında Kullanılan SSR Primerleri .	67
3.2.5.5.(2). Poliakrilamid Jel Hazırlığı	68
3.2.5.5.(3). Li-Cor Elektroforez Koşulları	69
3.2.6. Verilerin Değerlendirilmesi:.....	70
4. BULGULAR VE TARTIŞMA	71
4.1. Fenolojik Gözlemler	71
4.2. Pomolojik Analizler	74
4.2.1. Meyve Ağırlığı (g)	74
4.2.2. Meyve Boyutları (mm).....	77
4.2.3. Çekirdek ağırlığı (g)	80
4.2.4. Meyve Et/Çekirdek Oranı (%)	81

4.2.5. Meyve Rengi	83
4.3. Kimyasal Analizler	87
4.3.1. pH, Suda Çözülür Kuru Madde (%), Titre Edilebilir Asitlik (%)	
Analizleri	87
4.3.2. Meyvelerde C vitamin Analizleri (mg/100 g)	92
4.3. 3. Meyvelerde Şeker Bileşenleri Analizleri (g/100 g).....	94
4.3.4. Toplam Fenolik Madde Miktarı (TFMM) (mg GAE/100 g).....	99
4.3.5. Fenolik Bileşenlerin HPLC' de Tayini (mg/100g).....	102
4.4. Verilerin Değerlendirilmeleri.....	113
4.4.1. Korelasyon Analiz Sonuçları.....	113
4.4.2. Temel Bileşenler Analizi (Principal Component Analysis)	
Sonuçları	115
4.5. ISSR Analizleri	118
4.5.1. Alıç Genotiplerinin ISSR Markörleri ile Karakterizasyonunda	
Polimorfizmin Değerlendirilmesi	118
4.5.2. ISSR Analizleri Sonucu Elde Edilen Dendrogramlar ve Temel	
Koordinatlar Analizi	122
4.5.2.1. Alıç Genotiplerinin SRAP Markörleri ile	
Karakterizasyonunda Polimorfizmin Değerlendirilmesi.....	126
4.5.2.2. SRAP Analizleri Sonucu Elde Edilen Dendrogramlar ve	
Temel Koordinatlar Analizi	130
4.5.3. SSR Analizleri	133
4.5.3.1. Alıç Genotiplerinin SSR Markörleri ile	
Karakterizasyonunda Polimorfizmin Değerlendirilmesi.....	133
4.5.3.2. SSR Analizleri Sonucu Elde Edilen Dendrogramlar ve	
Temel Koordinatlar Analizi	137
5. SONUÇLAR VE ÖNERİLER	141
KAYNAKLAR	147
ÖZGEŞMİŞ.....	161



ÇİZELGELER DİZİNİ

SAYFA

Çizelge 1.1. Ülkemiz florasında yer alan <i>Crataegus</i> cinsine ait kayıtlı tür ve türaltı taksonlar	4
Çizelge 3.1. Araştırma materyalinin genotip numaraları, taksonomisi, lokasyon ve yükselti değerleri	30
Çizelge 3.2. HPLC sisteminde kullanılan gradient programı ve koşulları.....	58
Çizelge 3.3. DNA izolasyon yönteminde kullanılan ekstraksiyon bufferin içeriği	59
Çizelge 3.4. ISSR analizleri PCR reaksiyon koşulları	62
Çizelge 3.5. ISSR primerleri ve baz dizilimleri	63
Çizelge 3.6. SRAP analizlerinde kullanılan kimyasallar ve miktarları	64
Çizelge 3.7. SRAP analizlerinde kullanılan forward ve reverse primerleri ve baz dizilimleri	66
Çizelge 3.8. SSR analizlerinde kullanılan kimyasallar ve miktarları.....	67
Çizelge 3.9. SSR primerleri ve baz dizilimleri	68
Çizelge 3.10. Poliakrilamid jelde kullanılan kimyasallar ve miktarları	69
Çizelge 4.1. Genotiplere ait 2019 yılı fenolojik verileri	72
Çizelge 4.2. Meyve ağırlıkları (g)	75
Çizelge 4.3. Meyve boyu (mm)	78
Çizelge 4.4. Meyve eni (mm).....	79
Çizelge 4.5. Meyve çekirdek ağırlığı (g)	80
Çizelge 4.6. Meyve et/çekirdek oranı	82
Çizelge 4.7. L* değeri	84
Çizelge 4.8. a* değeri.....	85
Çizelge 4.9. b* değeri	86
Çizelge 4.10. Genotiplere ait pH değerleri.....	89
Çizelge 4.11. Genotiplere ait suda çözünür kuru madde değerleri (%)	90
Çizelge 4.12. Genotiplere ait titre edilebilir asitlik değerleri (%).....	91

Çizelge 4.13. Genotiplere ait C vitamin değerleri (mg/100 g).....	93
Çizelge 4.14. Genotiplere ait sakkaroz değerleri (g/100 g)	96
Çizelge 4.15. Genotiplere ait glikoz değerleri (g/100 g).....	97
Çizelge 4.16. Genotiplere ait fruktoz değerleri (g/100 g)	98
Çizelge 4.17. Genotiplere ait Toplam Fenolik Madde Miktarı (mg GAE/100 g).....	101
Çizelge 4.18. Genotiplere ait gallik asit konsantrasyonları (mg/100 g).....	107
Çizelge 4.19. Genotiplere ait kateşin konsantrasyonu (mg/100 g)	108
Çizelge 4.20. Genotiplere ait epikateşin konsantrasyonları (mg/100 g)	109
Çizelge 4.21. Genotiplere ait rutin konsantrasyonları (mg/100 g).....	110
Çizelge 4.22. Genotiplere ait epigolakateşin konsantrasyonları (mg/100 g)	111
Çizelge 4.23. Genotiplere ait kafeik asit konsantrasyonları (mg/100 g).....	112
Çizelge 4.24 Korelasyon sonuçları	114
Çizelge 4.25. Meyve kalite özelliklerine ait temel bileşenler analiz sonuçları	116
Çizelge 4.26. Genotiplerin kimyasal özelliklerine ait temel bileşen analizi sonuçlarına göre dağılımı.....	117
Çizelge 4.27. ISSR primerlerinin amplifikasyonu sonucu elde edilen bant uzunlukları (bp), toplam bant sayısı (TBS), Polimorfik Bant Sayısı (PBS), Polimorfizm Oranı (PO), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PBI)	119
Çizelge 4.28. SRAP primerlerinin amplifikasyonu sonucu elde edilen bant uzunlukları (bp), toplam bant Çalışmada sayısı (TBS), Polimorfik Bant Sayısı (PBS), Polimorfizm Oranı (PO), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PBI)	128
Çizelge 4.29. SSR primerlerinin amplifikasyonu sonucu elde edilen bant uzunlukları (bp), toplam bant Çalışmada sayısı (TBS), Polimorfik Bant Sayısı (PBS), Polimorfizm Oranı (PO), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PBI)	135

ŞEKİLLER DİZİNİ

SAYFA

Şekil 1.1.	Crataegus cinsinin Türkiye’de çeşitlenme alanları.....	6
Şekil 1.2.	Farklı alıç türlerinde habitus.....	7
Şekil 1.3.	Alıç kısa sürgününde yaprak değişkenliği (Fotoğraf, Prof.Dr. Ali Dönmez)	8
Şekil 1.4.	Alıç çiçeği. (Fotoğraf: Prof. Dr. Ali Dönmez)	9
Şekil 1.5.	Alıçlarda meyve özellikleri. (Fotoğraf; Prof. Dr. Ali Dönmez)	10
Şekil. 3.1.	Çalışmada kullanılan bitkisel materyallerin meyvelerine ait görüntüler	45
Şekil. 3.2.	Alıç Koleksiyon Parsel’inde yer alan genotiplerin konumu.....	46
Şekil. 3.3.	Malatya ili Hekimhan ilçesinde yer alan genotiplerin konumu.....	46
Şekil. 3.4.	Bingöl ili Ağaçeli mevkide yetişen genotiplerin konumu	47
Şekil. 3.5.	Herbaryum örnekleri	50
Şekil. 3.6.	Survey gezileri sırasında belirlenen genotiplere ait ağaç formları	51
Şekil. 3.7.	Olgunlaşma dönemindeki alıç meyveleri	52
Şekil. 3.8.	Meyve en ve boy ölçümleri	53
Şekil. 3.9.	L,a,b değerleri renk skalası.....	54
Şekil. 3.10.	Alıç meyve sularının titrasyonu.....	55
Şekil. 3.11.	Meyve süzüntülerinin hazırlanması.....	57
Şekil. 3.12.	Çözelti absorbanslarının spektrofotometrik ölçümleri	58
Şekil. 3.13.	DNA izolasyon aşamaları.....	61
Şekil. 3.14.	DNA kalite ve kantitesinin ölçüm aşamasında yer alan spektrofotometre cihazı	61
Şekil. 3.15.	SRAP analizleri PCR ve elektroforez çalışmaları	65
Şekil. 3.16.	Poliakrilamid jelin hazırlama	69
Şekil 4.1.	UBC-818 ISSR primerlerine ait jel görüntüsü	120
Şekil 4.2.	UBC-824 ISSR primerine ait jel görüntüsü.....	120
Şekil 4.3.	ISSR markörleri ile oluşturulan dendrogram	125

Şekil 4.4.	ISSR verileriyle yapılan temel koordinat analizi sonucu elde edilen iki boyutlu grafik	126
Şekil 4.5.	me13em12 SRAP primer kombinasyonuna ait jel görüntüsü	127
Şekil 4.6.	SRAP markörleri ile oluşturulan dendogram	132
Şekil 4.7.	SRAP verileriyle yapılan temel koordinat analizi sonucu elde edilen iki boyutlu grafik	133
Şekil 4.8.	CH05D11 SSR primerine ait jel görüntüsü	134
Şekil 4.9.	CH03C02 SSR primerine ait jel görüntüsü	134
Şekil 4.10.	SSR markörleri ile oluşturulan dendogram	139
Şekil 4.11.	SSR verileriyle yapılan temel koordinat analizi sonucu elde edilen iki boyutlu grafik	140

KISALTMALAR

AFLP	: Amplified Fragment Length Polymorphism
bp	: Base Pair
°C	: Santigrat derece
CTAB	: Cetyltrimethylammoniumbromide
dk	: Dakika
DNA	: Deoxyribonucleic acid
EDTA	: Etylendiamintetraaceticacid
EtOH	: Ethanol
g	: Gram
GAE	: Gallik asit eşdeğeri
HCl	: Hidrojen klorür
HPLC	: Yüksek basınçlı sıvı kromatografisi
ISSR	: Inter Simple Sequence Repeats
L	: Litre
M	: Molar
mg	: Miligram
ml	: Mililitre
µl	: Mikrolitre
Mm	: Milimolar
NaCl	: Sodyumklorür
ng	: Nanogram
PCR	: Polymerase Chain Reaction (Polimeraz Zincir Reaksiyonu)
RAPD	: Random Amplified Polymorphic DNA (Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA)
rpm	: Revolution per minute
RFLP	: Restriction Fragment Length Polymorphism
SCAR	: Sequence Characterized Amplified Region

SRAP : Sequence Related Amplified Polymorphism
Sn : Saniye
SSR : Simple Sequence Repeats (Basit Dizi Tekrarları)
Taq : *Thermus aquaticus*
TE : Tris-EDTA (buffer)
TFMM : Toplam fenolik madde miktarı
UPGMA : Unweighted Pair-Group Method Analysis
UV : Ultraviolet
V : Volt

1. GİRİŞ

Yaşayan organizmaların çeşitliliğini ifade eden biyolojik çeşitlilik, yaşamın devamının ve sürdürülebilir gelişmenin önemli parametrelerinden birisidir. Genetik çeşitlilik tür, ekosistem ve fonksiyonel çeşitlilikten oluşur. Biyolojik çeşitliliği oluşturan bütün unsurlar, insanoğlunun yaşamını sürdürme ve hayat kalitesini artırmada temel görev üstlenmişlerdir (Avcı, 2005). Biyolojik çeşitliliği oluşturan en önemli kaynakların başında bitki genetik kaynakları gelir ve geleneksel çeşitler, tarımı yapılan kültür bitkileri, yabani türlerin hepsini kapsar. Yani bitki genetik kaynakları, ıslah çalışmalarının temelini oluşturan, yabani formları da kapsayan canlı materyallerdir (Kayhan, 2015). Tarımsal üretim ve ıslah çalışmalarını destekler. Çünkü bitki genetik kaynakları, çeşitlilik açısından bir bitki türünün gen havuzundaki kalıtsal bilginin çeşitliliğini içermektedir (Tan, 2013). Ayrıca seleksiyon; yetiştiricilik aracılığıyla üreticilere, hastalık ve zararlılara dayanıklı, değişen çevre koşullarına adaptasyon yeteneğine sahip yeni çeşit geliştirme olanağı sağlar (Rao, 2004).

Tarihsel sürecinin büyük bir kısmını avcı-toplayıcı olarak geçiren insanoğlu, tarımın başlaması ile birlikte ilgisini çeken, amacına uygun bitki genetik kaynaklarını doğada toplayıp, kültüre alıp, çeşit geliştirme çalışmalarına başlamıştır. Tarımsal ürünler ve bu ürünler ile ilişkili genetik kaynaklar, neolitik çağın ilk dönemlerinden beri yayılmaktadır. Bitkisel ürünlerin doğal yaşam alanları dışına taşınması, kuşlar, rüzgârlar, okyanus akıntılarının etkisi ile açıklanabilir. Bitki tohumlarının ve buna bağlı olarak bitki genetik kaynaklarının dünya çapında yayılması, devletler çapında organizasyonların oluşumuna yol açmıştır (Fowler ve ark, 2004).

Bitki türlerinin keşif ve toplanmasına dair ilk kayıtlar, Sümer ve Eski Mısırlılara aittir. Daha sonraları kraliyet ve manastır bahçeleri egzotik türlere ev sahipliği yapmıştır. Bu dönemde çoğunlukla süs bitkileri, baharat ve şifalı bitkiler aranıp, koleksiyon bahçelerine aktarılmıştır. Ancak gıda ürünlerinin de

toplandığına dair kayıtlar mevcuttur. Sömürge dönemi ile birlikte birçok Avrupa ülkesi, dünyanın dört bir tarafından bitkileri organize ve bilinçli bir şekilde toplama, satın alma ve taşımaya başlamışlardır. Ayrıca, bu bitki türlerini geliştirme, kurdukları botanik bahçeleri ile uzaktaki üretim alanlarına taşıma kapasitesine sahiptiler (Fowler ve ark, 2004).

Zaman içerisinde tarımın ticarileşmesi, bitki ıslah programlarının oluşturulması ve Mendel'in kalıtım yasalarının yeniden keşfi ile dikkat tarımsal ürünlerde ki genetik çeşitlilik üzerinde toplanmıştır. Bu gelişmeler aynı zamanda, geleneksel bitki türlerinin kaybı ile ilgili endişelere ve koruma çağrılarına yol açmıştır. Eski Sovyetler Birliği'nde N. I. Vavilov bitki çeşitliliğinin coğrafi dağılımını incelemiş, orjin merkezleri ya da genetik çeşitlilik merkezleri olarak tanımladığı haritaları hazırlamıştır (Fowler ve ark, 2004).

Ilıman iklim kuşağında yer alan Türkiye ise, Vavilov'un tanımladığı Yakın Doğu ve Akdeniz orjin merkezlerini kesiştiği alanda yer alır. Ayrıca, kültürü yapılan birçok bitki türünün orjin merkezi olması ile dikkat çeker. Ülkemizde yayılış gösteren bitki türlerinin sayısı, Avrupa kıtasının sahip olduğu bitki türlerine yakındır. Son yıllarda yapılan çalışmalar ile Türkiye'nin yaklaşık 10500 bitki taksonuna ev sahipliği yaptığı belirlenmiştir (Genç, 2020). Ülkemizin zengin bitki genetik kaynaklarına sahip olmasının temel nedenlerinden birisi de farklı flora bölgelerinde yer almasıdır. Avrupa - Sibirya, Akdeniz ve İran - Turan olmak üzere üç farklı bitki coğrafya bölgesine sahiptir (Avcı, 2005).

Oldukça zengin bitkisel gen kaynaklarına sahip olan ülkemiz için, bu genetik materyalin korunması ayrı önem taşır. Ancak günümüzde genetik kaynaklar hızlı bir şekilde kaybolmaktadır. Bu kayıpların pek çok nedeni vardır. Şehirleşme, ormansızlaştırma, hidroelektrik projeleri gibi gelişme faaliyetleri, tarımdaki değişiklikler, ticari çeşitlere yönelme gibi faktörler bitki genetik kaynaklarının tahribatına neden olmaktadır.

Sahip olduğu bitki genetik kaynakları zenginliği ile dikkat çeken ülkemiz florasında, doğal olarak yayılış gösteren türlerden birisi de alıçtır. Alıç türleri, yöre

halkı tarafından farklı amaç ve şekillerde kullanılan, gün geçtikçe önemi ve kullanım alanı artan, meyveciliğin gelişmesine önemli katkıda bulunabilecek yabani bitki genetik kaynaklarımızın içerisinde yer almaktadır.

Yaygın olarak alıç adı ile bilinen *Crataegus* L. Cinsi, *Rosaceae* familyası içerisinde yer almaktadır. *Crataegus* taksonlarına ait sistematik dizin aşağıda sunulmuştur (Cronquist, 1968).

Bölüm	: <i>Spermatophyta</i>
Alt Bölüm	: <i>Angiospermae</i>
Sınıf	: <i>Magnoliatae</i>
Alt Sınıf	: <i>Rosidae</i>
Takım	: <i>Rosales</i>
Familya	: <i>Rosaceae</i>
Alt Familya	: <i>Pomoideae</i>
Cins	: <i>Crataegus</i>

Crataegus cinsi, çoğunlukla 30 E ve 50 D N enlemleri arasında, Kuzey ılıman bölgelere özgü karmaşık bir ağaç ve çalı grubudur. Avrupa, Doğu ve Orta Asya, Kuzey Amerika'nın ılıman bölgeleri doğal yayılış alanıdır (Phipps, 1988; Christensen, 1992).

Crataegus cinsinin temel kromozom sayısı $X= 17$ 'dir (Gladkova, 1968; Campbell ve ark, 1991). Kompleks bir yapıya sahip olan *Crataegus* cinsi ile ilgili yapılan pek çok taksonomik araştırma vardır. Yapılan bu çalışmalar ile *Crataegus* türlerinin sayısının 1200'e kadar çıktığı tahmin edilmiştir. Ancak yaygın olarak kabul edilen tür sayısı 200'dür ve belirlenen türlerin çoğunun sinonim olduğu düşünülmektedir. *Crataegus* türlerinde polimorfizm ve melezlenme yaygın olarak görülmektedir. Cinsin çekirdek sayısı, meyve rengi, yaprak morfolojisi gibi birtakım özellikleri polimorfiktir. Polimorfizm ve melezlenme gibi biyolojik olaylar, bu bitki türlerinde çok fazla sinonimin olmasına neden olmuştur. Oldukça geniş

çeşitliliğe sahip olan *Crataegus* cinsinin, özellikle hibrid üyelerinin tanımlama çalışmalarında moleküler tekniklerden faydalanılması gerekmektedir (Dönmez, 2003).

Crataegus cinsi araştırmacılar tarafından birçok seksiyon ve alt seksiyona bölünmüştür. Bu alıç seksiyonları arasında Türkiye’den İran’a uzanan genetik çeşitlenme merkezinin bulunması ve yapılan bazı yeni çalışmalar Türkiye’de bilinenlerden daha fazla alıç türünün olabileceğini göstermektedir (Dönmez, 2003). Ülkemiz florasında yetişen *Crataegus* cinsine ait taksonlar Çizelge 1.1’de sunulmuştur.

Çizelge 1.1. Ülkemiz florasında yer alan *Crataegus* cinsine ait kayıtlı tür ve türaltı taksonlar (Anonim, 2021)

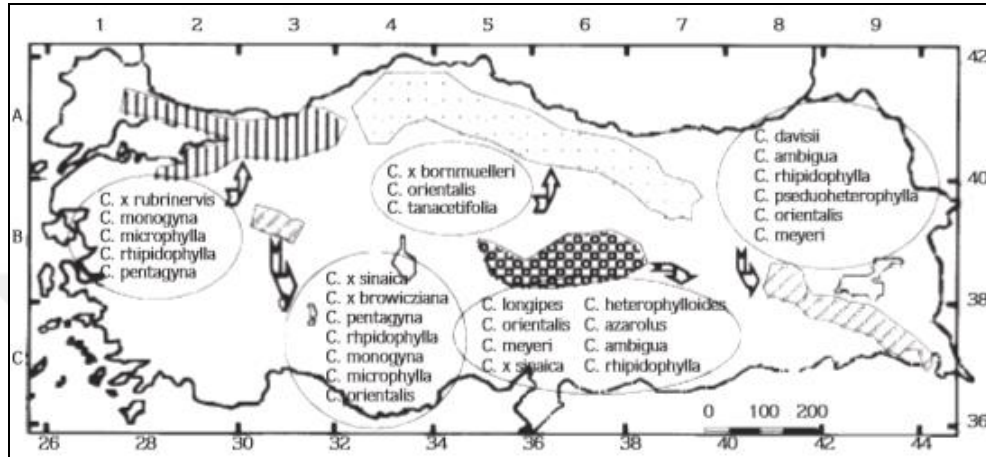
No	Tür	Türkçe Adı	Endemizm
1	<i>Crataegus ambigua</i>	Kuş Yemişi	Endemik Değil
2	<i>Crataegus azarolus</i>	Müzmüldek	Endemik Değil
	<i>C. azarolus</i> var. <i>azarolus</i>	Müzmüldek	Endemik Değil
	<i>C. azarolus</i> var. <i>pontica</i>	Müzmüldek	Endemik Değil
3	<i>Crataegus caucasica</i>	Sülsülük	Endemik Değil
4	<i>Crataegus christensenii</i>	Pek Sülsülük	Endemik
5	<i>Crataegus heterophylloides</i>	Yar Yemişeni	Endemik
6	<i>Crataegus laevigata</i>	Bahce Alıcı	Endemik Değil
7	<i>Crataegus longipes</i>	Sülün Yemişen	Endemik Değil
8	<i>Crataegus meyeri</i>	Roğuk	Endemik Değil
9	<i>Crataegus microphylla</i>	Kocakarı Armudu	Endemik Değil
	<i>C. microphylla</i> subsp. <i>microphylla</i>	Kocakarı Armudu	Endemik Değil
10	<i>Crataegus monogyna</i>	Yemişen	Endemik Değil
	<i>C. monogyna</i> var. <i>lasiocarpa</i>	Yemişen	Endemik Değil

Çizelge 1.1'in devamı.

No	Tür	Türkçe Adı	Endemizm
11	<i>Crataegus orientalis</i>	Alıç	Endemik Değil
	<i>C. orientalis subsp. orientalis</i>	Alıç	Endemik Değil
	<i>C. orientalis subsp. szovitsii</i>	Alıç	Endemik Değil
12	<i>Crataegus pentagyna</i>	Kömüş Dikeni	Endemik Değil
13	<i>Crataegus peshmenii</i>	Peşmen Alıcı	Endemik
14	<i>Crataegus pseudoheterophylla</i>	Öküzgözü	Endemik Değil
15	<i>Crataegus rhipidophylla</i>	Kızılcirik	Endemik Değil
	<i>C. rhipidophylla var. kütahyensis</i>	Kızılcirik	Endemik
	<i>C. rhipidophylla var. rhipidophylla</i>	Kızılcirik	Endemik Değil
16	<i>Crataegus tanacetifolia</i>	Kotan Alıcı	Endemik
17	<i>Crataegus turcicus</i>	Türk Alıcı	Endemik
18	<i>C. x bornmuelleri</i>	Kızlar Yemişi	Endemik
19	<i>C. x browicziana</i>	Haziran Ağacı	Endemik
20	<i>C. x rubriversis</i>	Kızıldamar	Endemik Değil
21	<i>C. x sinaica</i>	Çöl Alıcı	Endemik Değil
22	<i>C. x subsphaerica</i>	Topuz Alıcı	Endemik Değil
23	<i>C. x yosgatica</i>	Yozgat Alıcı	Endemik
24	<i>Crataegus yaltirikii</i>	Efe Alıcı	Endemik

Ülkemizde bazı alanlar ve vadiler *Crataegus* taksonları için çeşitlilik merkezleri olarak belirlenmiştir. Eski Dünya *Crataegus* taksonlarının revizyonunun yayınlanmasının ardından, Dönmez (2008), tarafından hem Türkiye'de hem de komşu ülkelerde yapılan geniş saha çalışmaları, *Crataegus* bölümünün özellikle Türkiye'de kapsamlı bir şekilde çeşitlendiğini göstermiştir (Dönmez, 2003; Dönmez ve Oybak Dönmez, 2005). Türkiye, iklim, enlem ve yükseklik türü bakımından çok çeşitli alanlara sahiptir. Türkiye'nin bazı bölgelerinde *Crataegus* türleri için özel iklim ve habitat vardır. Alanlar, en az bir karakteristik türe ve yerel

çeşitlere sahip olan diğer ikincil veya ortak türlere sahiptir (Gökbunar, 2007). Şekil 1.1 'de *Crataegus* cinsinin Türkiye'de çeşitlenme bölgeleri sunulmuştur.



Şekil 1.1. *Crataegus* cinsinin Türkiye'de çeşitlenme alanları (Dönmez, 2004)

Alıç, ülkemizde halk arasında, yemişen, alıç, aluç veya ekşi muşmula gibi farklı isimlerle bilinmektedir (Karadeniz, 2004). Alıç, kışın yaprağını döken, dikenli ağaç veya çalı formunda bir meyve türüdür. *Crataegus* cinsi taksonları gösterdikleri tür içi çeşitlilik ve morfolojik karakterleri bakımından geniş değişkenliğe sahiptir. Alıç türlerini tanımlayabilmek için, bitkinin temel morfolojik özelliklerini bilmek gerekmektedir.

Habitus: Yaprak döken ağaç ve çalılardır. Genellikle dikenlidirler. Dikenler 1-10 cm arasında değişen uzunlukta, farklı eğrilik ve sağlamlıktadır. Ancak sürüncü formda ya da dikensiz genotiplere rastlamak mümkündür (Dönmez, 2003). Alıç türlerinin habitusuna ait fotoğraflar Şekil. 1. 2'de yer almaktadır.



Şekil 1.2. Farklı alıç türlerinde habitus

Yaprak morfolojisi: Yapraklar basit loplu ve parçalıdır. Aynı bitki üzerinde çiçekli sürgün yaprağı, kısa sürgün yaprağı, uzun sürgün yaprağı olmak üzere, üç farklı tipte yaprak görünür ve şekil, boyut olarak birbirlerinden farklıdırlar. Yaprak varyasyonu kısa sürgün yapraklarında da mevcuttur. Kısa sürgünün subterminal yaprakları karakteristiktir (Dönmez, 2003). Alıç türlerinde yapraklardaki farklılıklar Şekil. 1.3’de sunulmuştur.



Şekil 1.3. Alıç kısa sürgününde yaprak değişkenliği (Fotoğraf, Prof.Dr. Ali Dönmez)

Çiçek Durumu: Alıç türlerinde çiçekler, yapraklanmadan hemen sonra açar. Bir ağacın çiçek verme süresi doğal koşullarda 1 ile 2 hafta arasında değişmektedir. Çiçeklenme zamanı neredeyse türe özgüdür ve çevresel koşullar tarafından kontrol edilir. Alıçlarda çiçek salkım, nadiren şemsiye biçiminde görülür. Tam çiçek yapısına sahiptir. Taç ve çanak yapraklar 5’lidir. Erkek organ sayısı 5-25 arasında değişir. Taç yaprak renkleri beyaz, soluk krem ve pembemsi renktedir. Ovaryum 1- 5 arası değişen karpelden oluşur ve stilus sayısı da aynıdır (Browicz, 1972). Alıç türlerinde çiçek yapısı Şekil. 1. 4’te yer almaktadır.



Şekil 1.4. Alıç çiçeği. (Fotoğraf: Prof. Dr. Ali Dönmez)

Meyve: Meyveler sonbaharda olgunlaşmaya başlar fakat kış aylarında olgunlaşan türlerde bulunur. Olgunlaşan meyvelerin rengi tür teşhisi amacıyla kullanılır. Sarı, kırmızı ve siyah olgunlaşan meyveler için temel renklerdir. Bununla birlikte birçok ara renkte vardır. Meyve çekirdekleri 1-5 adet ve kemiksidir. Meyveler elips ya da küresel görünümlüdür. Yüzeyinde lentiseller bulunabildiği gibi bazı türlerde brakteol kalıntısı meyvenin yüzeyinde durabilir (Browicz, 1972). Farklı alıç türlerinde meyve morfolojisi Şekil.1.5’de sunulmuştur.



Şekil 1.5. Alıçlarda meyve özellikleri. (Fotoğraf; Prof. Dr. Ali Dönmez)

Alıç türleri, ekstrem iklim koşullarına dayanıklılığı ve yüksek adaptasyon yeteneği sayesinde dünya ve ülkemizde pek çok alana yayılmıştır. Toprak ve iklim istekleri açısından seçici olmayışı, büyük bir zenginliğe sahip olması kullanım alanlarını da artırmıştır. Alıç türleri fakir toprak ve dağlık alanlarda yetişebilmektedir. Bu yüzden ağaçlandırma çalışmalarında ilk akla gelen türlerden birisidir. Soğuk ve kurak şartlara dayanması, estetik görünümüne sahip olması ile kentsel peyzaj çalışmalarında rahatlıkla yer almalarını sağlamıştır. Ayrıca sonbahar aylarında geç olgunlaşan meyveleri yabanıl hayatın desteklenmesine katkı sağlar.

Çin, ABD, Meksika ve Türkiye alıç yetiştiriciliği bakımından öne çıkan ülkelerdir. Özellikle 21 farklı alıç türünün bulunduğu bilinen Çin’de, *C. pinnatifida* türünden elde edilen 150 çeşit bulunmaktadır. Çin’de alıç meyveleri taze ve kuru olarak tüketilmekle birlikte, gıda sanayinde de kullanılmaktadır. ABD’de alıç ‘Mayhaw’ ismiyle bilinmekte ve *C. aestivalis*, *C. opaca* ve *C. rufula* en yaygın alıç türleridir. Meyveleri hem taze hem de jel yapılarak gıda sektöründe

kullanılmaktadır (Franco-Mora ve ark, 2010). Meksika’da ‘Tejocote’ ismiyle bilinen alıcın en önemli türü *C. mexicana*’dır. Bu türün meyveleri iri (meyve çapı 4 cm) ve turuncu kabuk rengine sahiptir. Meyveleri taze olarak tüketilmekle birlikte konserve, demlenmiş içecek, reçel, jöle, jelatin ve şeker olarak da değerlendirilmektedir (Banderas-Tarabay ve ark, 2015) Ayrıca, meyvelerinden komposto da yapılmaktadır (Franco-Mora ve ark, 2010).

Yabani yenilebilir meyveler, genel olarak, dünya genelinde kırsal alanlarda doğal olarak yetiştirilir. Vitaminler, mineraller ve diyet lifleri gibi zengin içerikleri sayesinde, yöre halkının önemli besin kaynaklarını temsil eder (Gürten, 2018). Yapılan çeşitli çalışmalar, yenilebilir yabani bitkilerin besin kaynakları olarak önemli rolünü ve insan beslenme gereksinimlerine katkıda bulunduğunu ortaya koymuştur. Çünkü bu bitkiler temel beslenmenin ötesinde sağlık yararları sağlayabilen, fizyolojik olarak aktif besinler içerdikleri için fonksiyonel gıdalar olarak tanımlanmışlardır. Dahası, modern toplumlarda yenilebilir yabani bitkilerin kullanımıyla ilişkili yeni bir fenomen ortaya çıkmaktadır (Pinela, 2017). Son yıllarda, alıç meyveleri gibi küçük, ikincil veya alternatif meyveler olarak bilinen, az kullanılan meyvelere gün geçtikçe artan bir ilgi vardır (Tarabay ve ark, 2015). Fonksiyonel gıdalar; lifli bileşikler, doğal antioksidanlar ve bitki bileşenleri gibi fotokimyasallardan oluşmaktadır (Rice-Evans ve ark, 1997; Şanal, 2004). Bitkilerin koruyucu özelliğe olan ya da olmayan içerdikleri flavanoidler, izoflavanoidler ve fenolik asitler gibi bileşikler fitokimyasal olarak tanımlanmıştır (Liu, 2003).

Bitkilerde fazla miktarda bulunan fitokimyasalların başında flavanoidler gelmektedir (Vinson ve ark, 2001). Bu fitokimyasallar antikanserojen veya kalp damar koruyucu ajanlar olarak hareket edebilmektedir (Casto ve ark, 2002; Katsube ve ark, 2003; Stoner ve ark, 1999). Alıçlar, flavonoidler, fenoller ve oligomerik prosiyanidinler gibi biyoaktif bileşenler içerir (Zhang ve ark, 2020). Alıçların meyve ve çiçekleri antioksidan potansiyeli olan bileşenlere sahiptir. Farklı *Crataegus* türlerinin meyveleri içerdikleri, yüksek fenolik bileşenler ve

hiperosit, izokersetin, epikateşin, klorojenik asit, kersetin, rutin ve protokatekuik asitler gibi iyi bilinen bazı antioksidan bileşikler nedeniyle zengin bir antioksidan kaynağı olarak kabul edilir (Liu ve ark, 2011). Meyve, yaprak ve çiçekler, A ve C vitaminleri karotenoidler, kalsiyum, fosfor, demir gibi mineral tuzlar, pektin, şeker açısından zengindirler. Ayrıca pürinden (adenozin, adenin) türetilmiş saponinler, taninler, kardiyotonik aminler (feniletilamin, tiramin, izobütilamin, o-metoksifenilmetilamin, kolin ve asetilkolinin, guanin, kafeik asit, amigdalın içerdikleri de bildirilmiştir (Banderas-Tarabay ve ark, 2015). Vitamin C içeriği portakal veya çilek gibi diğer meyvelere benzerdir. Kalsiyum, *Crataegus*'ta narlardan daha yüksek miktarlarda mevcuttur (Hakala ve ark, 2003), fenolik bileşikler, alıç türlerindeki başlıca antioksidan ve biyoaktif bileşenler olarak kabul edilir (Suryanarayana ve ark, 2004). Çoğu çalışma, alıç meyvelerinin sağlık üzerindeki etkilerinin antioksidatif aktivitelere bağlanabileceğini ifade etmektedir (Arts ve Hollmann, 2005).

Crataegus L, çeşitli biyolojik aktivitelere sahip, iyi bilinen tıbbi bitkiler cinsidir. Alıç bitkisinin farklı kısımları antik çağlardan beri geleneksel tıpta, sinirsel kalp fonksiyon bozukluklarını, tansiyonu, çarpıntıları, sinirlilik ve bitkinliği tedavi etmek için kullanılmaktadır (Abuashwashi ve ark, 2016). Günümüzde bitki, geleneksel Arap tıbbında kanser, diyabet ve cinsel güçsüzlük için terapötik ajan olarak kullanılmasının yanı sıra ağırlıklı olarak kardiyovasküler hastalıkların tedavisinde kullanılmaktadır ve genel olarak güvenli ve iyi tolere edildiği kabul edilmektedir (Ljubuncic ve ark, 2005). Türkiye’de alıçların farklı kısımları (yaprak, çiçek, filiz, kök) öksürük, grip, astım, mide ağrısı, romatizmal ağrı, nefrit, hemoroid, kalp hastalıklarının tedavisinde geleneksel tıpta kullanılmaktadır (Meriçli ve ark, 1994). Avrupa ve Çin’de ise, kan basıncını stabilize etmek ve kalp hastalıklarının tedavisi için kullanılmaktadır (Antonio ve ark, 2015). Alıç ekstraktlarının en önemli özelliği olumlu inotropik etkileridir. Kalp kası hücrelerinin aktivasyonunu arttırırlar, iyi beslenmelerini sağlarlar, kan akışını düzenlerler ve koroner dilatatörlerdir (Özyürek ve ark, 2012). Avrupa çapında kardiyovasküler

hastalıkların tedavisinde yaygın olarak kullanılmakla beraber; bu türler Almanya, Fransa, İngiltere ve Türkiye dahil olmak üzere birçok ülkenin farmakopesinde listelenmiştir (Abuashwashi ve ark, 2016).

Genetik varyasyonu tanımlama yeteneği, genetik kaynakların etkili yönetimi ve kullanımı için vazgeçilmezdir. Bir tür içinde bulunan genetik çeşitliliğin değerlendirilmesi, sürdürülebilir bir koruma programı geliştirmek için ön koşuldur (Rao, 2004).

Genetik varyasyon, geleneksel olarak çiçek rengi, meyve büyüklüğü, habitus, verim potansiyeli gibi fenotopik özelliklerdeki farklılıklar ölçülerek değerlendirilmiştir. Ancak, bu yaklaşımın bazı sınırlamaları vardır. Morfolojik karakterler tarafından sağlanan genetik bilgi genellikle sınırlıdır ve nicel özelliklerin ifadesi güçlü çevresel etkiye maruz kalır. Genetik karakterizasyon çalışmalarında, 1960'larda biyokimyasal markörler kullanılmaya başlanmıştır. Biyokimyasal markörler, tohum depolama proteinleri veya bir (allozimler) veya daha fazla gen lokusundaki (izozimler) farklı aleller tarafından kodlanan enzimler arasındaki farklılıkların belirlenmesi temeline dayanır. Biyokimyasal markörlerin kullanılması çevresel etkiyi ortadan kaldırır; ancak, düşük varyasyon seviyelerini tespit edemedikleri için yararlılıkları sınırlıdır (Rao, 2004).

Son yıllarda ise biyoteknoloji alanında yaşanan gelişmeler, bitki genetik kaynaklarının korunması ve kullanımı için yeni fırsatlar yaratmıştır. DNA tabanlı moleküler markörler, genetik varyasyon çalışmalarında yerini almıştır. Moleküler markörler, genetik çeşitliliği incelemek, koleksiyonlarda yer alan benzer genotipleri belirlemek, kalıtım stabilitesini ve bütünlüğünü test etmek ve taksonomik ilişkileri çözmek için karakterizasyon çalışmalarında gün geçtikçe daha fazla kullanılmaktadır (Rao, 2004).

DNA moleküler markörleri, genomdaki belirli bir konumdaki nükleotid dizisi varyasyonunu tespit ederler. Kararlıdır ve çevresel faktörlerden etkilenmezler. Yalnızca popülasyonlar arasında değil, popülasyon içinde yer alan

bireyler arasındaki varyasyonu da tanımlarlar. Bu yüzden morfolojik ve biyokimyasal markörlere göre daha çok tercih edilirler (Buhroo ve ark, 2018).

DNA markörleri, hibridizasyon temeli (RFLP) ve PCR temeli markörler olmak üzere iki gruba ayrılır. Yapılan çalışmalarda öncelikle RFLP markörleri kullanılmıştır. Ancak, maliyetleri yüksek ve yavaşlardır. Daha sonraları PCR'a dayalı markörler geliştirilmiş ve karakterizasyon çalışmalarında RAPD, AFLP, mikrostallitler (SSR) gibi DNA temelli moleküler markörler kullanılmaya başlanmıştır (Yılmaz, 2008).

ISSR (Inter-Simple Sequence Repeats) markörleri, ters yönde yönlendirilmiş bulunan DNA segmentinin amplifikasyonunu içerir. Kullanılan mikrosatellitlerin uzunluğu 16-25 bp arasında değişir ve dinükleotid ya da trinükleotidlerdir. ISSR markörleri polimorfiktir. Genetik çeşitlilik, gen etiketleme, evrimsel biyoloji ve genom haritalama çalışmalarında kullanılırlar (Idrees ve ark, 2014).

Açık okuma bölgelerini hedef alan, PCR temelli bir markör sistemi olan SRAP (Sequence Related Amplified Polymorphism), 2001 yılında Li ve Quiros tarafından geliştirilmiştir. Bu markörler, basitlik, güvenilirlik, çoklu lokusların tespiti ve maliyet etkinliği gibi avantajlara sahiptir. Genom sekans bilgisine ihtiyaç olmadığı için genetik çeşitlilik çalışmalarında kullanılır (Wang ve ark, 2015).

SSR (Simple Sequence Repeats) markörleri, 1-4 arasında tekrarlanan nükleotid dizileri içerirler ve bunlara "mikrosatellit" denir. Mikrosatellitleri çevreleyen bölgelerin dizileri biliniyorsa, o bölgelere uygun primerler tasarlanarak PCR ile çoğaltımı yapılabilmektedir. Güvenilir, kodominant, polimorfizm oranı oldukça yüksektir. Ayrıca, kolay ve ucuz uygulanabilen markörlerdir (Kaçar ve ark, 2009). SSR markörleri, genom haritalama (Knapik ark, 1998), akrabalık analizleri, popülasyon genetiği ve genetik kaynakların korunması /yönetimi gibi değişen farklı alanlarda başarıyla kullanılmaktadır (Jarne ve ark, 1996).

Alıç, *Rosaceae* familyası içinde yer alan en büyük odunsu türlerden birisidir. Apomiksis, hibridizasyon ve poliploidi gibi bir dizi işlemlerden etkilenen

taksonomik olarak zor bir gruptur. Hem apomiksis hemde hibridizasyon *Crataegus*'da türleri ve tür içi taksonları tanımayı ve karakterize etmeyi zorlaştırır (Lo ve ark, 2009a). Büyük çeşitliliğe sahip olan bu cinsin, özelliklede hibrid üyelerinin tanımlama çalışmalarında moleküler tekniklerin kullanılması gerekmektedir (Dönmez, 2003).

Gerek dünya gerek ülkemizde *Crataegus* L. genetik çeşitliliği ile ilgili yapılmış çok az sayıda moleküler çalışma mevcuttur. Çeşitliliği tanımlamada daha çok morfolojik parametreler kullanılmıştır. Ülkemizin her bölgesinde doğal olarak yetişen ve hibridizasyon, diploid gibi olgulardan kaynaklı tanımlama sorunlarına sahip türün moleküler belirteçlerle tanımlanmasına ihtiyaç vardır. Ülkemiz alıç türleri açısından zengin bir çeşitliliğe sahiptir. Bu zengin potansiyelin pomolojik, biyoyararlılık, kimyasal ve moleküler düzeyde tanımlanıp değerlendirilmesi oldukça önemlidir.

Bu tez çalışmasında, ülkemiz florasında doğal olarak yetişen 53 ve Kayısı Araştırma Enstitüsü Ülkesel Alıç Koleksiyon Parselinde yer alan 12 alıç genotipi olmak üzere, 65 alıç tür ve genotipinin moleküler karakterizasyonu ve genetik ilişkileri ISSR, SRAP ve SSR markörleri kullanılarak araştırılması ve böylece gelecekte bu bitkisel materyalle yürütülecek alıç ıslahı çalışmaları için temel bilgilerin elde edilmesi amaçlanmıştır. Ayrıca yürütülen çalışma ile bu meyve cinsinin, fenolojik, pomolojik ve türün zengin kimyasal içeriğinin belirlenmesi ile ülke genetik kaynaklarının verimli kullanılması hedeflenmiştir. Yürütülen çalışmaya, takson dışı olarak 3 elma ve 3 hünnap genotipi dahil edilmiştir.



2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

2.1. Alıç Türlerinin Morfolojik ve Pomolojik Özellikleri Üzerine Yapılan Çalışmalar

Türkoğlu ve ark (2005), Van'ın Gevaş ve Edremit ilçelerinde doğal olarak yetişen, farklı türlere ait 49 alıç genotipinin meyve özelliklerini incelemişlerdir. Alıç türleri arasında meyvelerin büyüklüğü, ağırlığı, suda çözünür kuru maddesi (SÇKM) ve çekirdek ağırlığı açısından önemli farklılıklar olduğunu tespit etmişlerdir. *C. orientalis*'in meyve boyu (14.68 mm), genişliği (17.81 mm) ve ağırlığı (2.34 g) tüm türler arasında en yüksek iken, *C. monogyna subsp. monogyna*'nın sırasıyla 11.05 mm, 10.35 mm ve 0.71 g verileri ile en düşük değerlere sahip olduğunu bildirmişlerdir. Yapılan çalışmada, SÇKM % 24.83 ile %13.50, pH 3.82 ile 3.12, titre edilebilir asitlik 0.99 ile 0.53 mg/100 g arasında değişmiştir. *C. curvisepala* ve *C. monogyna subsp. monogyna*'nın koyu kırmızı meyvelere, *C. orientalis*'in turuncu meyvelere ve *C. pentagyna*'nın koyu mor meyve yüzey rengine sahip olduğunu ve *C. orientalis* türünün en son çiçek açtığını gözlemlemişlerdir.

Li, (2005), alıç meyvelerinin olgunlaşma periyodu boyunca, meyve kalite özelliklerinin değişimini incelemiştir. Bu çalışmada Çin'in farklı lokasyonlarından toplanan alıç meyveleri kullanılmıştır. Meyve örnekleri tam çiçeklenmeden 88 gün sonra toplanmış ve analizler 10 gün aralıklar ile 148. güne kadar yapılmıştır. Bu süreçte, meyve ağırlığının 5.7 g'dan 14.9 g'a ulaştığını, meyve boyunda % 20, eninde % 28 artış olduğunu bildirmiştir. Meyve yüzey rengi, periyod boyunca yeşilden yarı kırmızıya ve parlak kırmızıya dönüşmüştür ve L^* , a^* , b^* değerleri hızlı bir şekilde değişmiştir. L^* değeri 54.65'den 33.52'ye, a^* değeri 11.55'den 17.25'e, b^* değeri 17.22'den 12.42'ye değişmiştir. SÇKM değerleri % 3.69'dan %11.65'e, titre edilebilir asitlik % 1.18'den 2.93 artmıştır.

Sahloul ve ark (2009), Tunus'un 3 farklı lokasyonunda yer alan *C. azarelus* türünün pomolojik ve kimyasal özelliklerini araştırmışlardır. Yapılan çalışmada 14

genotip yer almıştır. Genotiplerin meyve şekli silindirik ve oval, meyve yüzey rengi ise kırmızı, sarı, turuncudur. SÇKM değeri % 21.8 ile % 16.3, pH değerinin 4.2 ile 3.2, malik asit oranının 1.9 ile 0.9 arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Çalışmada yer alan G5 nolu genotipin, geniş silindirik meyve şekli, sarı – kahverengi endokarpı ve kırmızı meyve yüzeyi ile *C. azarolus* var. *azarolus* X *C. azarolus* var. *aronia*'nın hibriti olduğunu ve G10 nolu genotipin ise koyu kahverengi endokarp, sarımsı – turuncu meyve yüzey rengi ile *C. oxyacanthus* ssp. *monogyna* X *C. azarolus* var. *aroni* türünün hibriti olabileceğini belirtmişlerdir.

Yanar ve ark (2011), farklı türlere ait 21 alıç genotipinde pomolojik ve morfolojik analizler yapmıştır. Yirmi bir alıç genotipinin ortalama meyve ağırlığının 0.65 g ile 4.19 g arasında, meyve boyunun 10.06 mm (44HE08-2) ile 18.07 mm (44DA20-2) arasında, meyve et/çekirdek oranının 3.23 (44YE16-4) ile 9.29 (44AK07-1) arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Türler arasında *C. monogyna* ssp. *monogyna*, *C. pseudoheterophylla* ve *C. monogyna* ssp. *azarella*'nın koyu kırmızı meyvelere, *C. pontica* ve *C. orientalis*'in açık yeşil ile turuncu meyvelere, *C. burnmuelleri*, , *C. aronia* var. *dentata* ve *C. meyeri*'nin kırmızı, *C. aronia* var. *aronia*'nın sarı ve açık turuncu ve kırmızı meyvelere sahip olduğunu gözlemlemişlerdir. Alıç genotipleri ve türleri arasında pH, SÇKM ve diken durumu açısından önemli farklılıklar olduğunu bildirmiştir. Taksonlar arasında *C. aronia* var. *dentata* (44AR17-1) ve *C. aronia* var. *aronia*'nın (44AR18-4) en yüksek SÇKM değerlerine (eşit olarak % 16.0) sahip olduğu belirlenmiştir. *C. monogyna* ssp. *monogyna*, *C. pontica* ve *C. aronia* var. *dentata* türlerinin dikensiz olduğu bildirilmiştir.

Balta ve ark (2015), 2010 ve 2011 yıllarında Çorum ili ve çevresinde yetişen 51 alıç genotipinin, fiziksel özelliklerini belirlemek için analizler yapmışlardır. Yapılan çalışmada, meyve ağırlığının 1.5–4.72 g, çekirdek ağırlığının 0.32 – 0.90 g ve çekirdek sayısının 3.00 – 5.00 arasında değiştiğini bildirmişlerdir.

Erçişli ve ark (2015), Malatya ilinde doğal olarak yetişen 18 alıç genotipinin fiziko-kimyasal özelliklerini belirlemek amacıyla çalışma yürütmüşlerdir. Çalışmada yer alan 18 alıç genotipinin, 7 *Crataegus* türüne ait (*C. tanacetifolia*, *C. curvisepala*, *C. azarolus* var. *aronaria*, *C. azarolus* var. *dentata*, *C. pontica*, *C. meyeri*, *C. monogyna* subsp. *azorella*, *C. × bornmuelleri* ve *C. pseudoheterophylla*) olduğunu ve bu sonucun, alıç türlerinin çeşitliliği açısından Malatya bölgesinin çok zengin olduğunu bildirmişlerdir. Dış meyve renginde de genotipler arasında açık sarı, sarı, açık turuncu, turuncu, koyu pembe, kırmızı ve koyu kırmızı gibi değişkenlik olduğunu ve 44MA2, 44MA6, 44MA8, 44MA10 ve 44MA13 genotiplerinin bitkileri dikensizken, 44MA3 ve 44MA13 genotiplerinin yoğun dikene sahip olduğunu bildirmişlerdir.

Okatan ve ark (2017), Uşak ilinde yetişen, 17 alıç genotipinde pomolojik ve kimyasal analizler yapmışlardır. Pomolojik analizlerde meyve ağırlığı 4.03 g ile 0.96 g, meyve eni 19.94 mm ile 12.53 mm, meyve boyu 17.43 mm ile 10.48 mm arasında değişmiştir. SÇKM oranı % 15.84 ile % 9.12, pH değeri 4.12 ile 2.48 ve titre edilebilir asitlik % 1.12 ile % 0.58 arasında değişmiştir.

Gurlen ve ark (2020), Bolu ilinde doğal olarak yetişen *C. monogyna* ve *C. tanacetifolia* alıç türlerinin biyokimyasal ve bazı pomolojik özelliklerini belirlemişlerdir. Yapılan çalışmada meyve ağırlığının 3.81 g ile 0.29 g, meyve eninin 20.78 ile 6.56 mm, meyve boyunun 17.58 mm ile 8.43 mm, SÇKM değerlerinin % 32 ile % 8, pH değerlerinin 5.20 ile 3.80 ve titre edilebilir asitlik değerinin % 3.9 ile % 0.6 arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Renk ölçümlerine göre en koyu renkli meyvenin L* değeri 58.11 ölçülürken en açık renk meyveye sahip genotipte L* değeri 23.98 ölçülmüştür.

Alirezalu ve ark (2020), İran'ın farklı bölgelerinde toplanan 15 alıç genotipinin pomolojik ve fizikokimyasal özelliklerini incelemişlerdir. Çalışmada farklı alıç türleri kullanılmıştır. Alıç genotipleri arasında meyve yüzey renginin sarıdan siyaha (sarı, sarı-turuncu, kırmızı, turuncu, mor, mor-siyah ve siyah) değiştiğini belirtmişlerdir. En yüksek L* değerini 37.36 ile *C. azarolus* var. *aronia*,

en yüksek a^* değeri 40.63 ile *C. atrasanguniea*, en yüksek b^* değeri 56.93 *C. azarolus* var *aronia* türlerinde ölçülmüştür. Meyvelerde en yüksek SÇKM oranı % 23.33 iken en düşük % 14.99, en yüksek, pH değeri 4.35 iken en düşük 3.03, titre edilebilir asit en yüksek % 1.7 iken en düşük % 0.75 olarak ölçülmüştür.

2.2. Alıç Türlerinin Kimyasal Özellikleri Üzerine Yapılan Çalışmalar

Bitkilerin metobolizmasının birincil ve ikincil olarak bölündüğü bilinmektedir. Canlılar için ortak olan ve hücrelerin bakımı için gerekli olan maddeler (lipitler, proteinler, karbonhidratlar ve nükleik asitler) birincil metoplazmadan kaynaklanır. Diğer taraftan, çeşitli biyosentetik yollardan kaynaklanan ve belirli organizma gruplarıyla sınırlı olan maddeler ikincil (sekonder) metabolizmanın sonucudur (Giada, 2013). Sekonder metabolitler, küçük molekülerdir ve bitkilerin hayat evreleri için bulunmaları zorunlu değildir. Bazen önemsenmeyecek oranda bulunurlar. Bunlar, renk maddeleri, glikozitler, streotler, tanen, fenoller ve flavanoidler gibi maddelerdir (Özderin, 2014).

Fenolik bileşikler bitkilerdeki en büyük ve yaygın, sekonder metabolit gruplarından biridir. Fenolik bileşikler, fizyoloji ve hücrel metobolizma için gereklidir. Bitkilerde duyuşal özellikler (renk, aroma, tat ve burukluk), tozlaşma, zararlılara karşı direnç, hasat ve büyümeden sonra tohumun çimlenme süreçleri, gelişme ve üreme gibi pek çok işlevlerde bulunurlar (Giada, 2013).

Gıdaların içerdığı fenolik bileşikler, çeşitli hastalıkların önlenmesi yoluyla insan sağlığının korunması ve güçlendirici etkileriyle ilgi çekicidirler. Ayrıca, farmakolojik özelliklerinden dolayı terapötik amaçla da kullanılırlar (Giada, 2013).

Son yıllarda yapılan çalışmalar, flavanoidler gibi fenolik bileşiklerin, metabolik sendrom, kanser, beyin sağlığı ve bağışıklık sistemi üzerinde olumlu etkilerinin olduğunu göstermiştir (Abuashwashi ve ark, 2016).

Türkoğlu ve ark (2005), Van ve ilçelerinde yetişen 49 alıç genotipi ile yaptıkları çalışmada, Vitamin C oranının 86.15 mg/100 g ile 15.38 mg/100 g arasında değiştiğini ve türler arasında farklılık olduğunu ifade etmişlerdir.

Sahloul ve ark (2009), Tunus'ta 3 farklı lokasyonda yetişen, *C. azarolus* L. genotipinin meyvelerinde fizikokimyasal analizler yapmışlardır. Analiz sonuçlarına göre, Vitamin C 35.9 mg 100 g⁻¹ ile 27.1 mg 100 g⁻¹, toplam fenol 1477.3 mg 100 g⁻¹ ile 498.5 mg 100 g⁻¹, toplam şekerin 17.0 mg/g ile 5.3 mg/g aralığında olduğunu belirlemişlerdir. Yapılan çalışmada kırmızı yüzey rengine sahip meyvelerin, sarı renkli meyvelere göre daha yüksek fenolik madde içeriğine sahip olduğu görülmüştür.

Edwards ve ark (2012), Alıç türlerine ait fitokimyasal özellikleri belirlemek amacıyla farklı alıç türlerine ait 9 genotipi kullanmışlardır. Yapılan çalışmada, glukoz 72,0 mg/g ile 2.98 mg/g, früktoz 134.3 mg/g ile 1.97 mg/g ve sakaroz 151.9 ile 0.3 mg/ g aralığında bulunmuştur.

Abuashwashi ve ark (2016), İspanya'da doğal olarak yetişen *C. monogyna* alıç türüne ait çiçeklerde fenolik profil ve toplam fenolik madde içeriğini belirlemek amacıyla çalışma yürütmüşlerdir. Toplam fenolik madde miktarının 204.29 mg GAE/g ile 132.14 mg GAE/g aralığında olduğunu bildirmişlerdir. Metanol ekstraktı kullanılarak yapılan, HPLC analizlerinde 16 tane polifenolik bileşen tanımlamışlardır. Yapılan çalışmada coğrafi kökenlerine bakılmaksızın, genotiplerin fenolik içerikleri ve bileşimleri arasında büyük farklılıklar olduğunu bildirmişlerdir.

Son yıllarda, Asya ve Avrupa menşeli alıç türlerinin meyveleri üzerinde yapılan çalışmalarda, terpenoidlerin, polifenollerin (kateşinler esas olarak epikateşin, polimerik proantosinidinler ve dimerik prosiyanidin B2, siyanidin gibi oligomerik) varlığı belirlenmiştir. Ayrıca, Asya ve Avrupa kökenli alıç türlerinin C vitamin içeriği farklı araştırmalarda 45.66 mg/100 g, 38.6 – 49.7 mg/ 100 g, 40 mg /100 g–75 mg /100 g değerleri arasında değişiklik göstermiştir (Abuashwashi, 2016).

Erçişli ve ark (2016), Malatya'da yetişen, farklı türlere ait 18 alıç genotipinde toplam fenolik içeriği belirlemek için çalışma yürütmüştür. En yüksek toplam fenolik içerik 3350 mg GAE/100 g ile *C. pseudohelephylla* türünde, en

düşük toplam fenolik miktarı ise 660 mg GAE/100 g ile *C. azarolus* türünde bulunmuştur. Yapılan çalışmada koyu kırmızı ve kırmızı renkli meyvelere sahip genotiplerde daha yüksek fenolik madde belirlenmiştir.

Çoklar ve ark (2016), *C. orientalis* alıç türlerinin fenolik profilini ve farklı çözümlerin etkilerini belirlemek için yaptıkları çalışmada, su, metanol ve metanol:su karışımı çözümleri kullanmışlardır. En yüksek toplam fenolik madde 1243.3 mg GAE/100 g ile metanol:su karışımı çözümlüde elde edilirken, en düşük toplam fenolik madde 483.7 mg GAE/100 g le su ekstraksiyonunda elde edilmiştir. Yapılan çalışmada, gallik asit, protokateşuik asit, prosiyanidin B1, kateşin, prosiyanidin B2, epikateşin, klorojenik asit, kafeik asit, epigallokateşingallat, rutin ve kamferol-3-glukozit fenolik bileşikler tespit edilirken, en yüksek fenolik bileşen miktarı metanol:su karışımı çözümlüde elde edilmiştir.

Gürsoy (2016), Van ve ilçelerinde yetişen 4 farklı tür ve 18 alıç genotipi ile yaptıkları çalışmada alıç meyvelerinin glikoz, fruktoz, sakkaroz ve maltoz içeriğini belirlemişlerdir. Alıç türlerinde en yüksek fruktoz 17.16 g/100 g ile *C. orientalis* var. *orientalis*, en düşük fruktoz içeriği 6.95 g/100 g *C. meyeri pojark* türlerinde elde edilmiştir. Glikoz 9.89 g/100 g ile 5.22 g/100 g aralığında bulunurken en yüksek *C. orientalis* var. *orientalis* türünde olduğu görülmüştür. Sakkaroz ise 4.96 g/100 g ile 0.012 g/100 g aralığında en yüksek *C. meyeri pojark* türünde belirlenmiştir. Maltoz ise bütün türlerde düşük oranda bulunmuştur.

Çoklar ve ark. (2017), olgunlaşmanın, alıç meyveleri üzerindeki fizikokimyasal etkilerini belirlemek için çalışma yürütmüşlerdir. Çalışmada, alıç meyveleri olgunlaşmamış, yarı olgun ve tam olgun olmak üzere üç farklı dönemde hasat edilip ve meyvelerin toplam fenolik madde içeriği metanol ekstraktında belirlenmiştir. Olgunlaşmanın ilerlemesiyle birlikte toplam fenolik madde miktarının artışı tespit edilmiştir. 1. hasat döneminde toplam fenolik içeriği 818.30 mg/100 g iken 3. hasat döneminde 1957.4 mg/100 g olarak ölçülmüştür. Olgunlaşma ile birlikte gallik asit oranında artış olmazken, klorojenik asit ve kafeik asit miktarında artış olduğu belirlenmiştir.

Bardakçı ve ark (2019), Alıç taksonundan fitokimyasal kompozisyonu ve antioksidan potansiyeli belirlemek için, Artvin florasında yabani olarak yetişen alıç türleri ile çalışma yürütmüşlerdir. Çalışmada, *C. monogyna*, *C. orentalis*, *C. pontica*, *C. rhipidophylla* ve *C. turcicus* türlerine ait meyveler kullanılmıştır. Türlerin toplam fenolik maddesi *C. monogyna* türünde 391 mg GAE/g, *C. orientalis* 361 mg GAE/g, *C. pontica* 361.39 mg GAE/g, *C. rhipidophylla* 360.81 mg GAE/g ve *C. turcicus* türünde ise 398.48 mg GAE/g olarak bulunmuştur. Ayrıca, LC-MS/MS ile yapılan analizlerde alıç meyvelerinde vitexin, quercetin, chlorogenic asit, apigenin-7-0-glucoside, epicatechin, hyperoside ve luteolin tanımlanmıştır.

Gürten (2020), farklı alıç türleri ile yaptıkları çalışmada, türlere ait fenolik kompozisyonunu belirlemişlerdir. Alıç genotiplerinin meyvelerinde gallic, kateşin, klorojenik, kafeik, syringic, p-coumaric, ferulik, o-coumaric, p-coumaric, vanillic, rutin ve quercetin fenolik bileşenleri tanımlamışlardır. Catechin 51.393 mg 100g⁻¹ ile 4.140 mg 100g⁻¹, rutin 10.029 mg 100g⁻¹ ile 1.019 mg 100g⁻¹, Quercetin 1.823 mg 100g⁻¹ ile 0.108 mg 100g⁻¹ ve caffeic 4.407 mg 100g⁻¹ ile 0.624 mg 100g⁻¹ aralığında belirlenmiştir.

Alirezalu (2020), İran'ın farklı bölgelerinde toplanan 15 alıç türüne ait meyvelerinin fizikokimyasal özelliklerini araştırmışlardır. Yapılan çalışmada, toplam fenol en yüksek *C. pentagyna* türünde (69.12 mg GAE/g) ve en düşük *C. turkestanica* türünde (21.19 mg GAE/g) bulunmuştur. Chlorogenic asit 1.16 mg/g ile 0.03 mg/g, vitexin 0.31 mg/g ile 0.06 mg/g, rutin 2.68 mg/g ile 0.12 mg/g hyperoside 2.94 mg/g ile 0.87 mg/g, isoquercetin 1.56 mg/g ile 0.24 ve quercetin 0.06 mg/g ile 0.03 mg/g aralığında bulunmuştur.

2.3. Moleküler Markör Tekniklerinin Alıç Türlerinde Kullanımı Üzerine Yapılan Çalışmalar

Li ve Quiros (2001), tarafından geliştirilen SRAP markörleri ilk önce lahana türlerinde, daha sonra ise kabak (Ferriol ve ark, 2003), çim (Budak ve ark,

2004), pamuk ve diğer bitki türlerinde genetik çeşitlilik çalışmalarında kullanılmıştır. Ancak ülkemiz ve dünyada *Crataegus* türlerinde SRAP markörleri ile yapılan genetik çeşitlilik çalışmaları bulunmamaktadır.

Albarouki ve ark (2007), *Crataegus* cinsine ait 5 farklı türden oluşan genotiplerde, trnL-trnF ve psbA-trnH bölgelerini kullanarak filogenetik ilişkilerin belirlenmesi için çalışma yürütmüşlerdir. *C. azarolus* türünün sekansı (269 bp), *C. monogyna*, *C. leavigita*, *C. rhipidophylla* sekanslarıyla karşılaştırıldığında, 3 adet nükleotit insersiyon (ekleme) ve 1 adet nükleotit delesyon (çıkarma) bölgeleri, *C. nigra* sekansı diğer türlerin sekanslarıyla karşılaştırıldığında ise 5 nükleotitlik insersiyon ve 15 nükleotitlik delesyon, bölgelerine sahip olduğu saptanmıştır. *C. nigra* türünün çalışmada yer alan diğer üyelerden farklı olduğu ve *C. sinaica*'nın ana ebeveyninin *C. monogyna* olduğu bildirilmiştir. Ayrıca, trnL-trnF ve psbA-trnH cpDNA bölgelerinin *Crataegus* cinsinde bölüm düzeyinde ayırmada uygun, tür seviyesinde ayırmada yetersiz olduğunu ifade etmişlerdir.

Lo ve ark (2009b), Doğu Asya ve Kuzeybatı Amerika Orjinli *Crataegus* türleri arasındaki genetik ilişkiyi, diploid, poliploidi ve *Crataegus* taksonlarının tarihsel gelişim ve evrimi hakkında bilgi edinmek için 72 alıç türü ile çalışma yürütmüşlerdir. Bu amaçla 4 kloroplast DNA bölgesi ve 5 çekirdek DNA bölgesi kullanmışlardır. Doğu Asya ve Kuzeybatı Amerika orjinli *Crataegus* türleri arasındaki genetik ilişkinin antik trans-Beriangian hareketlerine dayandığını, Avrupa orjinli türlerin retikülasyon ve poliploide sayesinde hızlı bir şekilde farklılaştığını ve Doğu Asya orjinli türler arasında küçük internal farklılaşmalar olduğunu bildirmişlerdir.

Rajeb ve ark (2010), Tunus'ta 9 *C. azaralus* var. *aronia* genotipinde RAPD markörlerini kullanarak moleküler karakterizasyon çalışmaları yürütmüşlerdir. Dokuz adet RAPD primerinden, toplamda 105 bant elde edilmiştir ve bantların 81'inin polimorfik olduğu belirlenmiştir. RAPD primerlerine dayanan veriler, popülasyonlar içinde düşük düzeyde bir varyasyon olduğunu göstermiştir.

Yılmaz ve ark (2010), Malatya ilinin farklı bölgelerinde doğal olarak yetişen 17 alıç genotipinde, RAPD markörlerini kullanarak genetik benzerliği araştırmışlardır. *Crataegus* cinsine ait farklı türlerin yer aldığı çalışmada, 10 adet RAPD primeri kullanılmış ve 72 polimorfik bant elde edilmiştir. UPGMA metodu ile elde edilen dendrograma göre, genotipler 4 ana grup ve 1 dış gruba ayrılmışlardır. Yapılan çalışmada, Malatya ilinde yetişen alıç genotipleri arasında % 88 oranında polimorfizm olduğunu bildirmişlerdir.

Serçe ve ark (2010), Hatay il ve ilçelerinde yetişen farklı alıç türleri arasında genetik çeşitliliği belirlemek için çalışma yürütmüşlerdir. Yapılan çalışmada 3 farklı türü temsilen 15 genotip yer almıştır. 19 RAPD primeri kullanılarak yapılan analizlerde, 76'sı polimorfik olmak üzere toplamda 107 bant elde edilmiştir. UPGMA metoduna göre dendrogram oluşturulmuş ve genotipler 3 alt grup içerisinde yer almıştır. 1. alt grupta *C. aronia* var. *aronia*, 2. alt grupta *C. aronia* var. *dentata* ve 3. alt grupta *C. monogyna* subsp. *azarella* ve *C. orientalis* var. *orientalis* türlerinin yer aldığını bildirmişlerdir.

MirAli ve ark (2011), Suriye'nin farklı bölgelerinde yetişen alıç türlerine ait genetik ilişkiyi belirlemek için ISSR, CAPS ve cpDNA markörleri ile çalışma yürütmüşlerdir. Yapılan çalışmada 4 farklı türü temsil eden 49 genotip yer almış ve CAPS, 22 cpDNA ve 90 endonükleaz kullanılarak yapılan analizlerde amplifikasyon ürün ve polimorfizm saptanmamıştır. ISSR analizlerinde ise, 20 primer kullanılmış, uzunlukları 100 ile 1100 arasında değişen, 206 polimorfik bant elde edilmiştir. Elde edilen veriler ile UPGMA yöntemine göre dendrogram oluşturulmuş ve genetik benzerlik indeksinin 0.05 ile 0.30 arasında olduğu belirlenmiştir.

Beigmohamadi ve ark (2011), yapılan çalışmada 5 farklı alıç türünde, RAPD markörlerini kullanarak genetik çeşitliliği araştırmışlardır. 9 RAPD primerinin kullanıldığı araştırmada, 76 bant polimorfik olmak üzere toplamda 101 bant elde etmişlerdir. Elde edilen bant büyüklüklerinin 200 ile 2000 bp arasında, polimorfizm yüzdesinin % 62,5 ile % 90,9 arasında değiştiğini belirlemişlerdir.

Filogenetik dendrogram UPGMA metodu ile oluşturulmuştur ve çalışmada yer alan 5 farklı tür, 2 alt gruba ayrılmıştır. *C. meyeri*, *C. monagyna*, *C. pentogyna* bir grup içerisinde, *C. aronia*, *C. pontica* ikinci grup içerisinde yer almıştır.

Rahmani ve ark (2015), İran'da yetişen 164 *C. pontica* genotipi arasındaki genetik ilişkiyi incelemek amacıyla, ISSR, IRAP ve SCoT markörleriyle çalışma yürütmüşlerdir. IRAP, ISSR ve SCoT analizlerinde sırasıyla 126, 254 ve 199 bant elde edilmiştir ve bu bantların polimorfizm oranı % 90.48, % 93.37, % 83.78 olarak belirlenmiştir. ISSR primerleri ile yapılan çalışmada en yüksek polimorfik bant UBC-820 ile UBC-823 primerlerinden elde edilmiştir. UPGMA yöntemine göre elde edilen dendrogramda, genotiplerin 3 alt gruba ayrıldığı ve alt grupların her zaman lokasyonlara göre bir dağılım göstermediği belirlenmiştir.

Khiari ve ark (2015), Tunus'un 9 farklı iklim ve coğrafi bölgesinde yetişen *C. azaralus* var. *aronia* genotiplerinin genetik çeşitliliğini ve popülasyonun yapısını belirlemek için çalışma yürütmüşlerdir. 86 alıç genotipi, 9 SSR markörleri ile incelenmiştir. Yapılan çalışmada sonucunda, bütün popülasyonda heterozigotluk oranının düşük, genetik çeşitlilik oranının yüksek olduğunu ve yüksek genetik çeşitliliğe sahip, çevresel baskı altında olan *C. azarole* genotiplerinin *ex situ* muhafaza altına alınması gerektiğini bildirmişlerdir.

Moghadam ve ark (2016), İran'ın farklı bölgelerinde yetişen *C. pontica*, *C. monogyna*, *C. microphyla*, ve *C. pentagyna* olmak üzere farklı alıç türlerine ait 30 genotipte, RAPD markörleri kullanılarak genetik çeşitliliği araştırmışlardır. Yapılan çalışmada 10 RAPD primeri kullanılmış ve 58 polimorfik bant elde edilmiştir. RAPD primerleri arasında polimorfizm bilgi içeriğinin 0.79 ile 0.64 arasında değiştiği ve ortalama 0.72 olduğu belirlenmiştir. Elde edilen verilere göre, genotipler 3 ana grup altında toplanmıştır.

Fang ve ark (2017), Çin'de doğal olarak yetişen *C. songorica* Koch genotiplerinin, genetik kaynaklarının korunması ve rasyonel kullanımı hakkında temel bilgiler edinmek amacıyla fenotipik özellikleri ve ISSR markörleri ile genetik ilişkileri değerlendirmişlerdir. Araştırmada, 5 farklı popülasyonu temsilen

92 genotip yer almıştır. 12 ISSR primerlerinden uzunlukları 100 ile 2000 bp arasında değişen toplam 303 bant elde edilmiştir. Popülasyon içinde gen çeşitliliği, toplam popülasyon genetik çeşitliliği, genetik farklılaşma katsayısı ve gen akışı sırasıyla 0.2779, 0.3235, 0.1408 ve 3.0511 olarak belirlenmiştir. Yapılan çalışmada, *C. songorica* Koch genotipleri arasında hem fenotip hem de moleküler düzeyde yüksek seviyede genetik çeşitlilik olduğu ve bu çeşitliliğin bölgesel ilişki gösterdiği belirlenmiştir.

Keleş (2018), Yozgat ili ve çevresinde doğal olarak yetişen 78 adet alıç genotipi arasındaki genetik ilişkiyi ISSR markörleri ile araştırmıştır. Yürütülen çalışmada 14 ISSR primeri kullanılmış ve 100'i polimorfik olmak üzere toplamda 103 bant elde edilmiştir. Primerlerin polimorfizm oranının % 75 ile % 100 arasında değiştiğini, ortalama polimorfizm oranının % 97.42 olduğunu belirlemişlerdir. UPGMA yöntemine göre oluşturulan dendrogramın 2 ana gruba ve alt gruplara ayrıldığını bildirmişlerdir. Çalışmada yer alan genotipler arasında geniş varyasyon tespit edilmiştir.

Emami ve ark (2018), İran'ın farklı bölgelerinde yetişen 201 alıç genotipinde genetik çeşitliliği belirlemek için, ISSR, SCoT ve SSR markörlerini kullanmışlardır. Yapılan çalışmada, 13 ISSR, 13 SCoT ve 11 SSR primer çifti kullanılmıştır. ISSR primerlerinden 115'i polimorfik olmak üzere toplam 130 bant, SCoT primerleri ile yapılan analizlerde ise 116'sı polimorfik olmak üzere 132 bant elde etmişlerdir. SSR primerleri ile yapılan çalışmalarda ise 76 polimorfik bant belirlenmiştir. Yapılan çalışmalarda 9 SSR primer çiftinin yüksek oranda polimorfizm gösterdiği ve bu primerlerin genetik çeşitliliği belirleme çalışmalarında başarı ile kullanılacağını bildirmişlerdir.

Güney ve ark (2018), elma ve armut genotiplerinde kullanılan SSR primerlerinin, alıç türlerine uygulanabileceğini tespit etmek için, Yozgat il ve çevresinde yetişen 91 alıç genotipinde çalışma yürütmüşlerdir. Araştırmada, 32 SSR primer çifti kullanılmış ve primer çifti başına 2 ile 21 arasında değişen bant elde edilmiştir. Polimorfizm bilgi içeriğinin 0.60, çalışmada yer alan genotipler

arasında benzerlik indeksinin 0.38 ile 1.00 arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Araştırmacılar yapılan çalışma sonucunda, Rosaceae familyası içerisinde aktarılabiliğe sahip SSR markörlerinin oldukça başarılı bir şekilde kullanılabileceğini bildirmişlerdir.

Ma ve ark (2019), yeni nesil sekanslama tekniklerinden faydalananak, alıç türlerinde genetik çeşitlilik çalışmalarında kullanılabilecek EST-SSR primerleri geliştirmişlerdir. Yapılan çalışmada 300 primer çifti tasarlanmış ve bunların 239 tanesi skorlanabilir bantlar vermiştir. Yapılan çalışmada tasarlanan EST-SSR primer çiftlerinin agronomik potansiyele sahip alıç genotiplerinin sınıflandırma, tanımlama çalışmalarında başarıyla kullanılabileceğini ve gelecekte yapılacak çalışmalara temel oluşturacağını bildirmişlerdir.

Zhang ve ark (2020), Çin'in önemli ve ekonomik türlerinden biri olan *C. kansuensis* türünün kloroplast genom dizisini, yeni nesil dizileme yöntemleriyle belirlemişlerdir. Yapılan çalışmada, kloroplast genom uzunluğunun 159,384 bp, tekrar dizilerinin (IRA ve IRB) uzunluğunun 26,384 bp, büyük kopya bölgesi (LSC) uzunluğunun 87,815 bp, küçük kopya bölgesi (SSC) uzunluğunun 19,282 bp olduğunu saptamışlardır. Ayrıca, *C. kansuensis* kloroplast genomunun 79 protein kodlayan gen, 30 tRNA, 4 rRNA, dahil olmak üzere 113 gen içerdiğini bildirmişlerdir.

Gürten ve ark (2020), Bolu il ve çevresinde yetişen 25 alıç genotipinde genetik çeşitliliği belirlemek amacıyla iPBS resrotranspozon markörleri ile çalışma yürütmüşlerdir. Yapılan çalışmada 5 primer kullanılıp, 65 polimorfik bant elde edilmiştir. Primerlerin polimorfizm oranının % 95.59 olduğu belirlenmiştir. Yapılan çalışmada yer alan genotiplerin tür bazında gruplara ayrıldığı ve iPBS markörlerinin alıç genotipleri arasında genetik çeşitliliği belirleme çalışmalarında faydalı olacağını belirtmişlerdir.

3. MATERYAL METOD

3.1. Materyal

Tez çalışmasında bitkisel materyal olarak, ülkemiz florasında doğal olarak yetişen ve Tarım ve Orman Bakanlığı Tarımsal Araştırmalar Genel Müdürlüğü Kayısı Araştırma Enstitü Müdürlüğü Ülkesel Alıç Koleksiyon Bahçesi'nde bulunan, *Crataegus* cinsine ait 65 genotip kullanılmıştır. Ayrıca, kimyasal ve pomolojik analizlerde kıyaslama yapmak amacıyla takson dışı *Rosaceae* familyasından 3 elma (*Malus*) ve Rhamnaceae familyasından 3 hünnap (*Ziziphus jujuba*) genotipi yer almıştır. Çalışmanın bitkisel materyallini oluşturan genotipler, kareleme sistemine göre B4, B6, B7, B8, C5 ve C6 kareleri içerisinde yer alan Malatya, Bingöl, Kahramanmaraş, Gaziantep, Mersin, Aksaray ve Gümüşhane illerinde yapılan survey çalışmalarıyla belirlenip, örnekler alınmıştır.

Ülkesel Alıç Koleksiyon Bahçesi'nde yetiştirilen 12 alıç genotipi çalışma içerisinde yer almıştır. Bu genotipler, Tarımsal Araştırmalar Genel Müdürlüğü desteği ile yürütülen; "Alıç Genetik Kaynaklarının Toplanması, Muhafazası ve Değerlendirilmesi" isimli proje çalışmalarında belirlenmiştir. Mersin (40 -1-1, 40-1-2, 45-1, 46-1-1 ve 46-1-2 nolu genotipler), Hatay (50-1 ve 50-2 nolu genotipler) ve Malatya (5, 6, 7, 8 ve 9 nolu genotipler) illerinde yapılan survey çalışmalarıyla tespit edilip, aşı ile çoğaltılmışlardır.

Araştırma materyalini oluşturan genotiplerde fenolojik gözlem, pomolojik ve kimyasal analizler yapılmıştır. Ayrıca bu genotiplerde moleküler karakterizasyon çalışmaları yürütülmüştür. Araştırmada incelenen genotiplere ait genotip numaraları, taksonomisi, lokasyon ve yükselti değerleri çizelge 3.1'de sunulmuştur.

Çizelge 3.1. Araştırma materyalinin genotip numaraları, taksonomisi, lokasyon ve yükselti değerleri

No	Genotip No	Taksonlar	Lokasyonlar ve Yükselti
1	5 No	<i>Crataeges monogyna</i> var. <i>lasiocarpa</i> (Lange) K.I.Chr.	Kayısı Araştırma Ens. Md. Alıç Koleksiyon Parseli Malatya İli Battalgazi ilçesi; 998 m
2	6 No	<i>Crataeges monogyna</i> var. <i>lasiocarpa</i> (Lange) K.I.Chr.	Kayısı Araştırma Ens. Md. Alıç Koleksiyon Parseli Malatya İli Battalgazi ilçesi; 998 m
3	7 No	<i>Crataeges monogyna</i> var. <i>lasiocarpa</i> (Lange) K.I.Chr.	Kayısı Araştırma Ens. Alıç Koleksiyon Parseli Malatya İli Battalgazi ilçesi; 998 m
4	8 No	<i>Crataeges monogyna</i> var. <i>lasiocarpa</i> (Lange) K.I.Chr.	Kayısı Araştırma Ens. Md. Alıç Koleksiyon Parseli Malatya İli Battalgazi ilçesi; 998 m
5	9 No	<i>Crataeges monogyna</i> var. <i>lasiocarpa</i> (Lange) K.I.Chr.	Kayısı Araştırma Ens. Md. Alıç Koleksiyon Parseli Malatya İli Battalgazi ilçesi; 998 m
6	7 - 1	<i>Carataegus monogyna</i> Jacq. subsp. <i>azarella</i> (Gris)	Malatya ili Akçadağ ilçesi; Sultansuyu mevkii; 924 m
7	8 - 1	<i>Crataegus orientalis</i> Pallas ex Bieb. <i>orientalis</i>	Malatya ili Hekimhan ilçesi; Erecek mevkii; 1673 m
8	8 - 5	<i>Crataegus orientalis</i> Pallas ex Bieb. <i>orientalis</i>	Malatya ili Hekimhan ilçesi; Erecek mevkii; 1671m
9	8 - 6	<i>Crataegus</i> spp.	Malatya ili Hekimhan ilçesi; Erecek mevkii; 1674 m

Çizelge 3.1.'in devamı

No	Genotip No	Taksonlar	Lokasyonlar ve Yükseltiler
10	8 - 7	<i>Crataegus aronia</i> L. Bosc. Ex. DC. var. <i>aronia</i>	Malatya ili, Hekimhan ilçesi, Erecek mevkii; 1617 m
11	16 - 1	<i>Crataegus aronia</i> L. Bosc. Ex. DC.	Malatya ili, Yeşilyurt ilçesi, Seyituşağı mevkii 1359 m
12	16 - 4	<i>Crataegus</i> spp.	Malatya ili, Yeşilyurt ilçesi, Seyituşağı mevkii 1355 m
13	16 - 6	<i>Crataegus</i> spp.	Malatya ili, Yeşilyurt ilçesi, Seyituşağı mevkii 1373 m
14	16 - 7	<i>Crataegus</i> spp.	Malatya ili Yeşilyurt ilçesi; Seyituşağı mevkii 1375 m
15	17 - 1	<i>Crataegus aronia</i> L. Bosc. var. <i>dentata</i> Browicz	Malatya ili Arguvan ilçesi; Eymir mekkii 1219 m
16	18 - 1	<i>Crataegus pontica</i> C. Koch.	Malatya ili Arguvan ilçesi; Kızık mekkii 1423 m
17	18 - 2	<i>Crataegus aronia</i> L. Bosc. Ex. DC. var. <i>aronia</i>	Malatya ili Arguvan ilçesi; Kızık mekkii 1424 m
18	18 - 7	<i>Crataegus x sinacia</i> Boiss.	Malatya ili Arguvan ilçesi; Güngören mevkii 1375 m

Çizelge 3.1.'in devamı

No	Genotip No	Taksonlar	Lokasyonlar ve Yükselti
19	20 - 1	<i>Crataegus meyeri</i> Pojark	Malatya ili, Hekimhan ilçesi; 1671 m
20	20 - 2	<i>Crataegus</i> spp.	Malatya ili, Hekimhan ilçesi; 1671 m
21	20 - 3	<i>Crataegus</i> spp.	Malatya ili Hekimhan ilçesi; 1571 m
22	20 - 4	<i>Crataegus azarolus</i> var. <i>azarolus</i> L.	Malatya ili, Hekimhan ilçesi; 1571 m
23	37 - 1	<i>Crataegus pentagyna</i> Walds & Kit. Ex. Willd.	Bingöl ili, Merkez, Ağaçeli mevkii 1592 m
24	37 - 2	<i>Crataegus pentagyna</i> Walds & Kit. Ex. Willd.	Bingöl ili, Merkez, Ağaçeli mevkii 1344 m
25	40 - 1 - 1	<i>Crategus orientalis</i> Pallas ex Bieb. var. <i>obtusata</i> Browicz	Kayısı Araştırma Ens. Alıç Koleksiyon Parseli Malatya İli Battalgazi ilçesi; 998 m
26	40 - 1 - 2	<i>Crategus orientalis</i> Pallas ex Bieb. var. <i>obtusata</i> Browicz	Kayısı Araştırma Ens. Alıç Koleksiyon Parseli Malatya İli Battalgazi ilçesi; 998 m
27	43 - 1	<i>Crategus orientalis</i> Pallas ex Bieb. var. <i>obtusata</i> Browicz	Mersin ili Silifke ilçesi; Balandız mevkii; 1007 m

Çizelge 3.1.'in devamı

No	Genotip No	Taksonlar	Lokasyonlar ve Yükselti
28	45 - 1	<i>Crataegus sinacia</i> BOISS.	Kayısı Araştırma Ens. Alıç Koleksiyon Parseli Malatya İli Battalgazi ilçesi; 998 m
29	46 - 1 - 1	<i>Crataegus aronia</i> L. Bose ex. DC.	Kayısı Araştırma Ens. Alıç Koleksiyon Parseli Malatya İli Battalgazi ilçesi; 998 m
30	46 - 1 - 2	<i>Crataegus aronia</i> L. Bose ex. DC.	Kayısı Araştırma Ens. Alıç Koleksiyon Parseli Malatya İli Battalgazi ilçesi; 998 m
31	50 - 1	<i>Crataegus orientalis</i> Pallas ex Bieb. var. <i>obtusata</i> Browicz	Kayısı Araştırma Ens. Alıç Koleksiyon Parseli Malatya İli Battalgazi ilçesi; 998 m
32	50 - 2	<i>Crataegus orientalis</i> Pallas ex Bieb. var. <i>obtusata</i> Browicz	Kayısı Araştırma Ens. Alıç Koleksiyon Parseli Malatya İli Battalgazi ilçesi; 998 m
33	55 - 1	<i>Crataegus</i> spp.	Malatya Akçadağ ilçesi; Resuluşağı mevkii 1551 m
34	56 - 1	<i>Crataegus microphylla</i> C. Koch.	Malatya Akçadağ ilçesi; Resuluşağı mevkii 1521 m
35	57 - 1	<i>Crataegus monogyna</i> Jacq. var. <i>lasiocarpa</i> (Lange). K.I.Chr.	Malatya Akçadağ ilçesi; Doğanlar mevkii 1524 m
36	58 - 1	<i>Crataegus x sinacia</i> Boiss.	Malatya Akçadağ ilçesi; Muratlı mevkii 1179 m

Çizelge 3.1.'in devamı

No	Genotip No	Taksonlar	Lokasyonlar ve Yükselti
37	59 - 1	<i>Crataegus longipes</i> Pojark	Malatya Akçadağ ilçesi; Muratlı mevkii 1122 m
38	63 - 1	<i>Crataegus microphylla</i> C. KOCH	Gümüşhane Merkez; Develi mevkii 826 m
39	63 - 2	<i>Crataegus</i> spp.	Gümüşhane Merkez; Develi mevkii 826 m
40	64 - 2	<i>Crataegus X bornmuelleri</i> Zabel	Gümüşhane ili Alucra ilçesi; Samat mevkii 1124 m
41	65 - 1	<i>Crataegus tanacetifolia</i> (Lam.) Pers.	Gümüşhane ili Alucra ilçesi; Samat mevkii 1132 m
42	66 - 1	<i>Crataegus tanacetifolia</i> (Lam.) Pers.	Gümüşhane ili Alucra ilçesi; Bozköy mevkii 1136 m
43	70 - 1	<i>Crataegus monogyna</i> var. <i>lasiocarpa</i> (Lange) K.I.Chr.	Aksaray ili Merkez; Yenipınar, Kütüklü mevkii 928 m
44	70 - 2	<i>Crataegus monogyna</i> var. <i>lasiocarpa</i> (Lange) K.I.Chr.	Aksaray ili Merkez; Yenipınar, Kütüklü mevkii 932 m
45	72 - 1	<i>Crataegus orientalis</i> Pallas	Aksaray ili Güzelyurt ilçesi; Ilısu mevkii 913 m

Çizelge 3.1.'in devamı

No	Genotip No	Taksonlar	Lokasyonlar ve Yükselti
46	72 - 2	<i>Crataegus orientalis</i> Pallas	Aksaray ili Güzelyurt ilçesi; Ilısu mevkii 914 m
47	81 - 1	<i>Crataegus azorolus</i> L. var. <i>aronia</i>	Gaziantep ili Merkez; Kuzeyşehir mevkii 914 m
48	81 - 2	<i>Crataegus azorolus</i> L. var. <i>aronia</i>	Gaziantep ili Merkez; Kuzeyşehir mevkii 920 m
49	81 - 3	<i>Crataegus azorolus</i> L. var. <i>aronia</i>	Gaziantep ili Merkez; Kuzeyşehir mevkii 918 m
50	82 - 1	<i>Crataegus</i> spp..	Gaziantep ili Merkez; Kuzeyşehir mevkii 900 m
51	88 - 1	<i>Crataegus azorolus</i> L. var. <i>aronia</i>	Kahramanmaraş ili Pazarcık ilçesi; Araban mevkii 1438 m
52	88 - 2	<i>Crataegus azorolus</i> L. var. <i>aronia</i>	Kahramanmaraş ili Pazarcık ilçesi; Araban mevkii 1420 m
53	90 - 1	<i>Crataegus azarolus</i> var. <i>pontica</i> (C .Koch) K.I.Chr.	Malatya ili Arapgir ilçesi; Eski Arapgir mevkii 994 m
54	90 - 2	<i>Crataegus azarolus</i> var. <i>pontica</i> (C .Koch) K.I.Chr.	Malatya ili Arapgir ilçesi; Eski Arapgir mevkii 1187 m

Çizelge 3.1.'in devamı

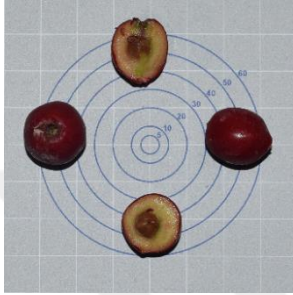
No	Genotip No	Taksonlar	Lokasyonlar ve Yükselti
55	91 - 1	<i>Crataegus</i> spp.	Malatya ili Arapgir ilçesi; Gözeli mevkii 1414 m
56	91 - 2	<i>Crataegus azarolus</i> var. <i>azarolus</i> L.	Malatya ili Arapgir ilçesi; Gözeli mevkii 1411 m
57	91 - 3	<i>Crataegus longipes</i> Pojark	Malatya ili Arapgir ilçesi; Gözeli mevkii 1412 m
58	92 - 1	<i>Crataegus orientalis</i> Pallas ex Bieb. <i>orientalis</i>	Malatya ili Arapgir ilçesi; Merkez 1386 m
59	97 - 1	<i>Crataegus monogyna</i> Jacq.	Malatya ili Doğanşehir ilçesi; Dedeyazı mevkii 1328 m
60	97 - 2	<i>Crataegus azarolus</i> var. <i>aronia</i> L.	Malatya ili Doğanşehir ilçesi; Polatderesi mevkii 1215 m
61	99 - 1	<i>Crataegus monogyna</i> Jacq. subsp. <i>monogyna</i> Jacq.	Malatya ili Pötürge ilçesi; Nohutlu mevkii 1510 m
62	99 - 2	<i>Crataegus azarolus</i> var. <i>azarolus</i> L.	Malatya ili Pötürge ilçesi; Nohutlu mevkii 1527 m
63	99 - 3	<i>Crataegus longipes</i> Pojark	Malatya ili Pötürge ilçesi; Nohutlu mevkii 1527 m

Çizelge 3.1.'in devamı

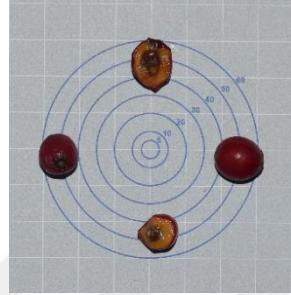
No	Genotip No	Taksonlar	Lokasyonlar ve Yükseltiler
64	99 - 4	<i>Crataegus orientalis</i> Pall. ex M.Bieb. subsp. <i>szovitsii</i> (Pojark.) K.I.Chr	Malatya ili Pötürge ilçesi; Nohutlu mevkii 1524 m
65	99-5	<i>Crataegus azarolus</i> var. <i>azarolus</i> L.	Malatya ili Pötürge ilçesi; Nohutlu mevkii 1524 m
66	Bingöl(Elma)	<i>Malus</i> Rosaceae	Bingöl ili Merkez; Ağaçeli mekkii 1344 m
67	Bannazı 1 (Elma)	<i>Malus</i> Rosaceae	Malatya ili Merkez; Banazı mekkii 1004 m
68	Bannazı 2 (Elma)	<i>Malus</i> Rosaceae	Malatya ili Merkez; Banazı mekkii 1007 m
69	Hünnap 1	<i>Ziziphus jujuba</i> Rhamnaceae	Kayısı Araştırma Ens. Hünnap Adaptasyon Parseli Malatya İli Battalgazi ilçesi; 998 m
70	Hünnap 2	<i>Ziziphus jujuba</i> Rhamnaceae	Kayısı Araştırma Ens. Hünnap Adaptasyon Parseli Malatya İli Battalgazi ilçesi; 998 m
71	Hünnap 3	<i>Ziziphus jujuba</i> Rhamnaceae	Kayısı Araştırma Ens. Hünnap Adaptasyon Parseli Malatya İli Battalgazi ilçesi; 998 m

Araştırmada yer alan genotiplerin yetiştiği bölgelere, çiçeklenme (Mayıs - Haziran) ve meyve olgunlaşma dönemlerinde (Eylül-Ekim) arazi gezileri yapılmıştır. Belirlenen genotiplerden, çiçek, sürgün, yaprak ve meyve örnekleri alınmıştır. Alınan çiçek, sürgün, yaprak ve meyve örnekleri tür teşhislerinde, meyve örnekleri pomolojik ve kimyasal analizlerde, yaprak örnekleri moleküler

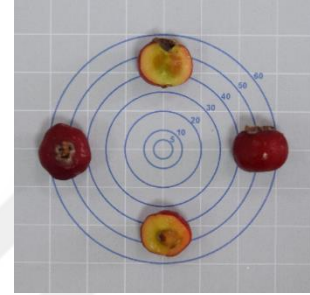
karakterizasyon çalışmalarında kullanılmıştır. Meyveler, ağacı temsilen 4 yönünden toplanmıştır. Meyve ve yaprak örnekleri laboratuvara soğutmalı koşullarda taşınmıştır. Çalışmada kullanılan bitkisel materyallerin meyvelerine ait görüntüler Şekil 3.1’de sunulmuştur.



5 No



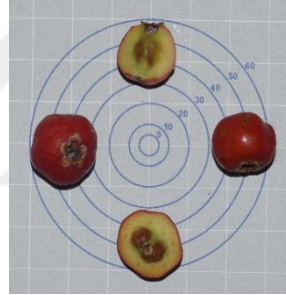
6 No



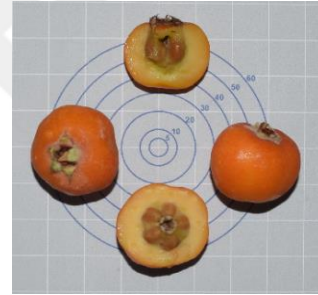
7 No



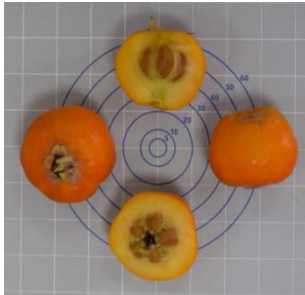
7 - 1



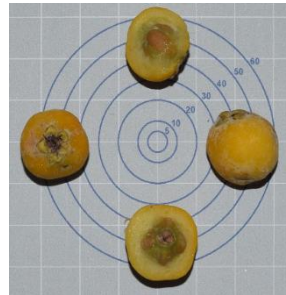
8 No



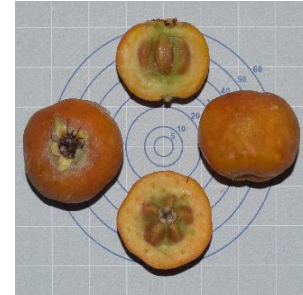
8 - 1



8 - 5

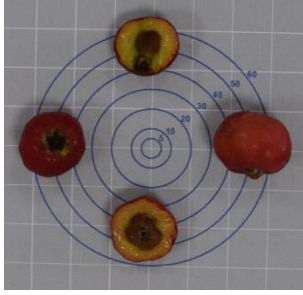


8 - 6

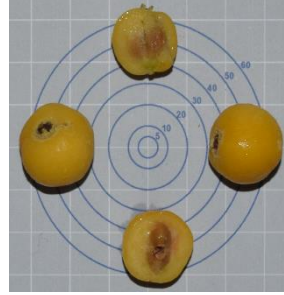


8 - 7

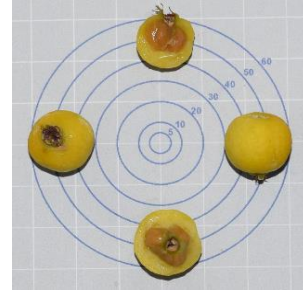
Şekil.3.1.’in devamı



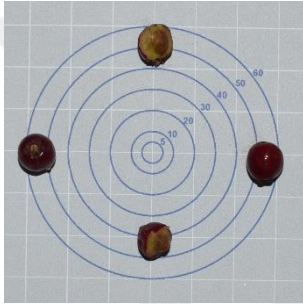
9 No



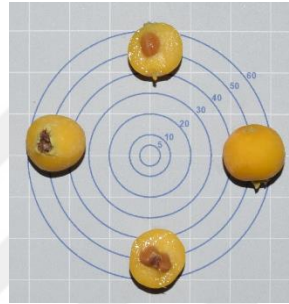
16 - 1



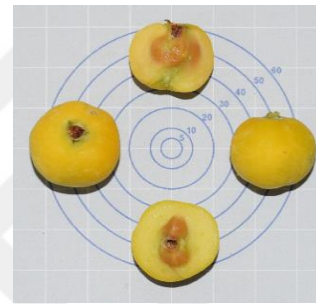
16 - 4



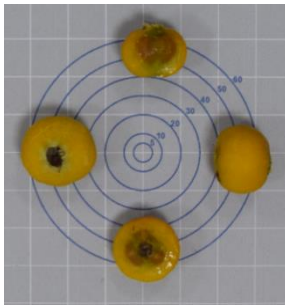
16 - 6



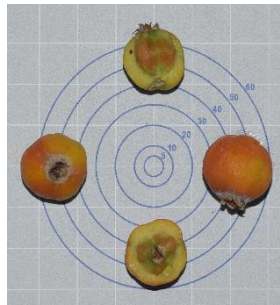
16 - 7



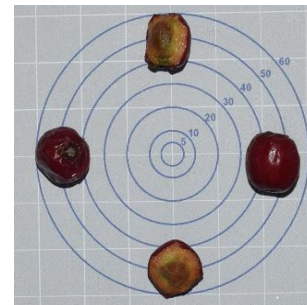
17 - 1



18 - 1

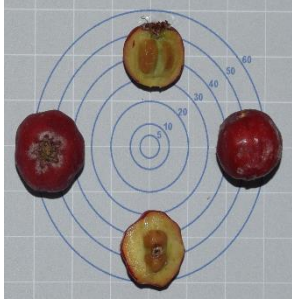


18 - 2

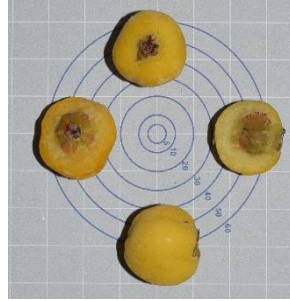


18 - 7

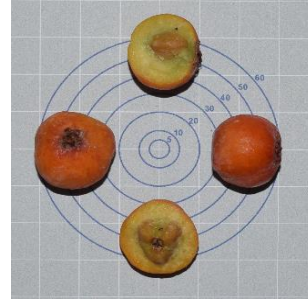
Şekil.3.1.'in devamı



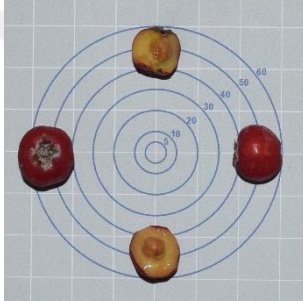
20 - 1



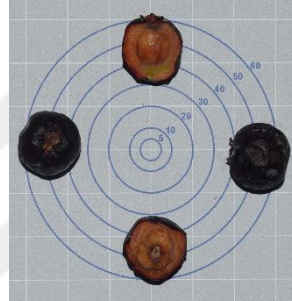
20 - 2



20 - 3



20 - 4



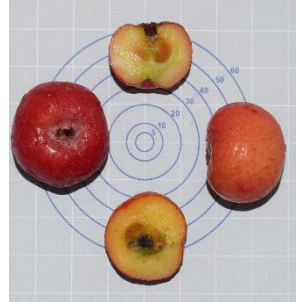
37 - 1



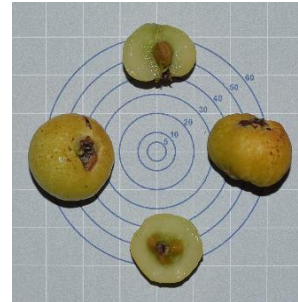
37 - 2



40 - 1 - 1

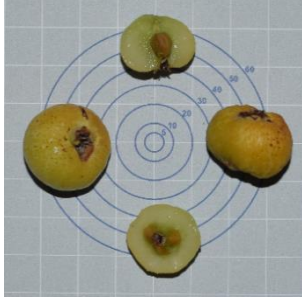


40 - 1 - 2

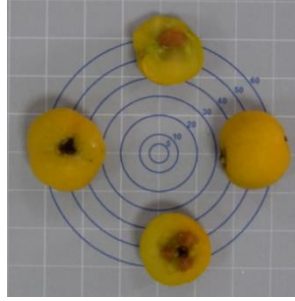


43 - 1

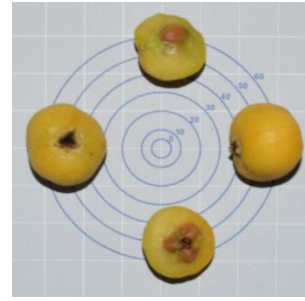
Şekil.3.1.'in devamı



45 - 1



46 - 1 - 1



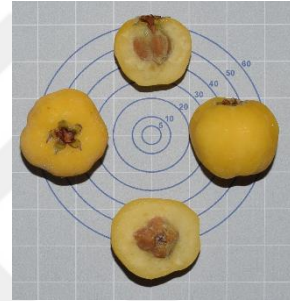
46 - 1 - 2



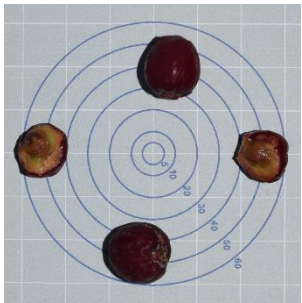
50 - 1 - 1



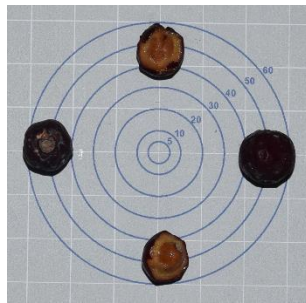
50 - 1 - 2



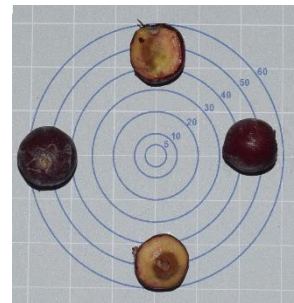
55 - 1



56 - 1

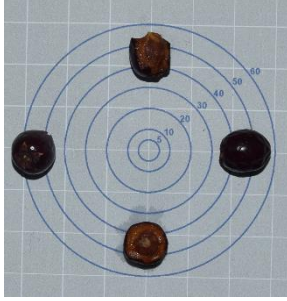


57 - 1



58 - 1

Şekil.3.1.'in devamı



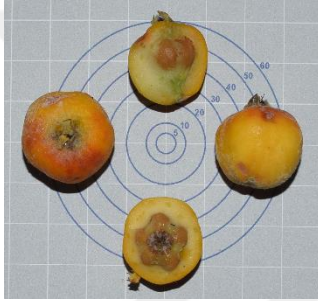
59 – 1



63 – 1



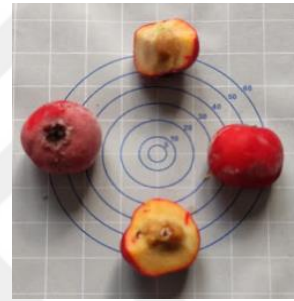
63 – 2



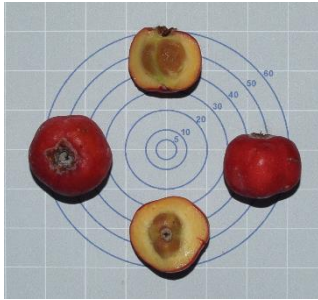
66 – 1



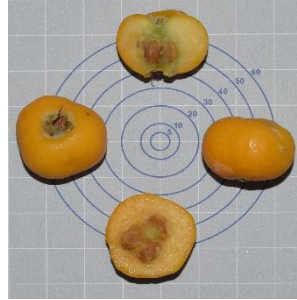
70 – 1



70 – 2



72 – 1

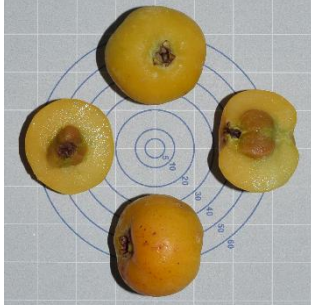


72 – 2



81 – 1

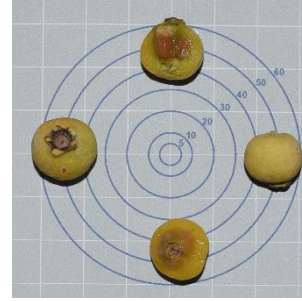
Şekil.3.1.'in devamı



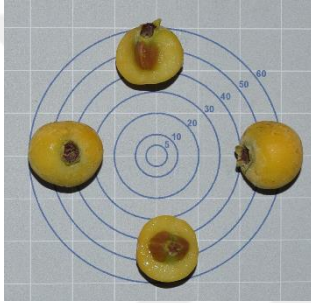
81 – 2



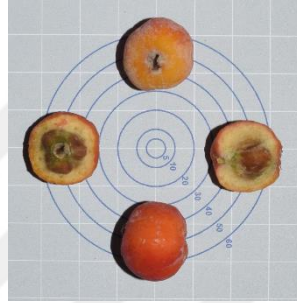
81 – 3



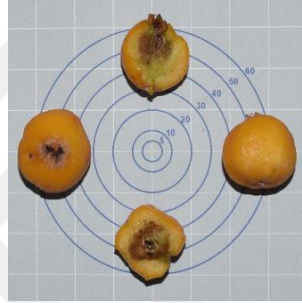
88 – 1



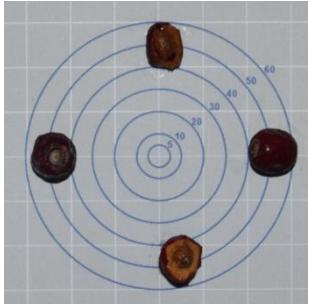
88 – 2



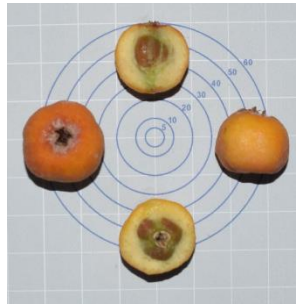
90 – 1



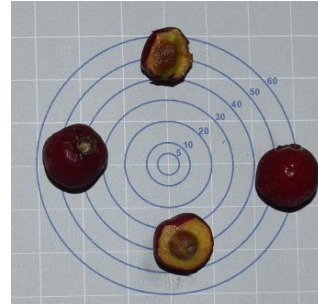
90 – 2



91 – 1



91 – 2

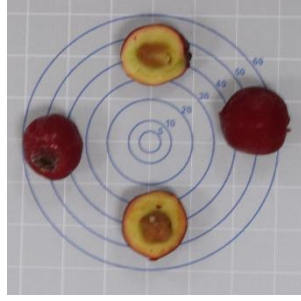


91 – 3

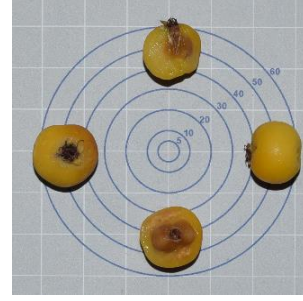
Şekil.3.1.'in devamı



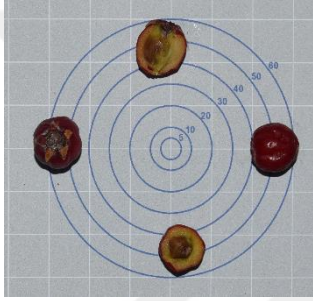
92 – 1



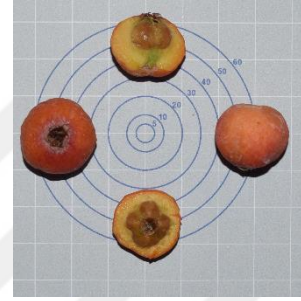
97 – 1



97 – 2



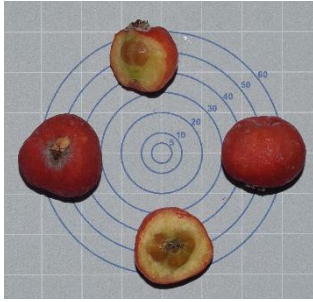
99 – 1



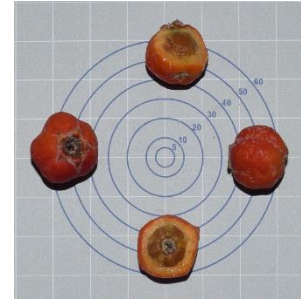
99 – 2



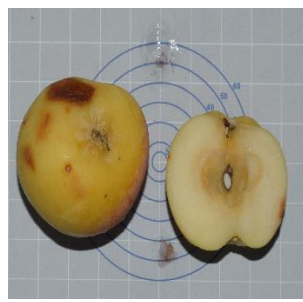
99 – 3



99 – 4

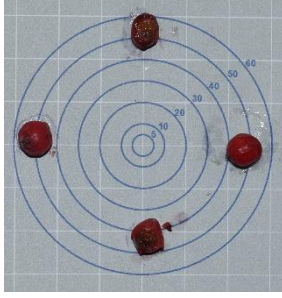
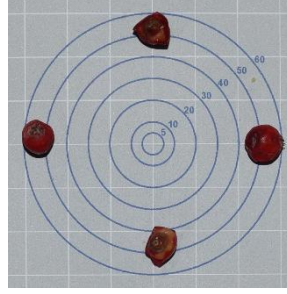
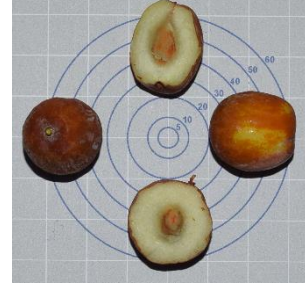
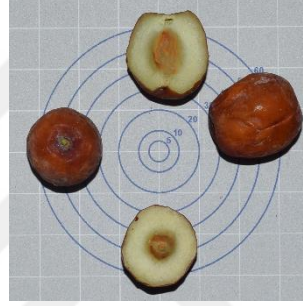


99 – 5



Bingöl Elma

Şekil.3.1.'in devamı

**Bannazı 1****Bannazı 2****Hünnap 1****Hünnap 2****Hünnap 3**

Şekil. 3.1. Çalışmada kullanılan bitkisel materyallerin meyvelerine ait görüntüler

Genotiplerin yetiştiği bölgelere ait habitat ve koordinat bilgileri kayıt altına alınmış ve toplanan her örneğin fotoğrafları çekilmiştir. Tez çalışmasında yer alan fotoğrafların tamamı, survey çalışmalarında çekilen fotoğraflardır. Çalışmada yer alan bazı genotiplerin koordinat bilgileri Şekil 3.2, Şekil 3.3. ve Şekil 3.4.'te sunulmuştur.



Şekil. 3.2. Alıç Koleksiyon Parsel’inde yer alan genotiplerin konumu



Şekil. 3.3. Malatya ili Hekimhan ilçesinde yer alan genotiplerin konumu



Şekil. 3.4. Bingöl ili Ağaçeli mevkie yetişen genotiplerin konumu

3.2. Metod

3.2.1. Tür Tespitleri

Toplanan bitki örnekleri, herbaryum hazırlama tekniklerine uygun şekilde kurutulup, herbaryumlar hazırlanmıştır. Herbaryumlar, mikroskop ve çıplak göz ile incelenmiştir. Meyve iriliği-rengi, çekirdek sayısı, çiçeklerin rengi-şekli, kalix kalıntıları, yaprak rengi-şekli ve genotiplere ait habituslar değerlendirilmiştir. Alıç türleri ile yapılan çalışmalar ve Türkiye’de doğal yetişen alıç türlerinin tanı anahtarı dikkate alınarak, tür teşhisleri Prof. Dr. Tuncer Taşkın tarafından yapılmıştır.

Türkiye’de doğal yetişen alıç türlerinin tanı anahtarı aşağıda verilmiştir (Yıldız, 2018).

1. Dişi organ boyuncuğu (2-) 3-5
2. Meyve soluk turuncudan hafifce kırmızıya*C. peshmenii*
2. Meyve siyah, sarımsı, turuncu veya kırmızı
3. Meyve kırmızıdan koyu kırmızıya*C. turcicus*
3. Meyve siyah, siyahımsı mor, sarımsı, turuncu veya kırmızı, tüysüz

4. Meyve siyah *C. pentagyna*
4. Meyve sarımsı, turuncu veya kırmızı
5. Yaprak dişleri salgı bezesiz..... *C. orientalis*
5. Yaprak dişleri salgı bezeli
6. Yapraklar 1,5–2,5 (-5)cm..... *C. tanacetifolia*
6. Yapraklar 3-5 cm..... *C. x bornmuelleri*
1. Dişi organ boyuncuğu 1-3
7. Dişi organ boyuncuğu 2-3
8. Meyve sarımsı veya turuncu *C. azarolus*
8. Meyve kırmızı veya siyahımsı mor
9. Meyve siyahımsı mor..... *C. caucasica*
9. Meyve kırmızı..... *C. yaltirikii*
7. Dişi organ boyuncuğu 1-2 (-4)
10. Meyve (1-)2(-4) çekirdekli..... *C. x rubrinervis*
11. Meyve 1 (-2) çekirdekli
11. Çiçekli sürgünlerin ucuna yakın yapraklar 4-5 cm *C. heterophylloides*
12. Çiçekli sürgünlerin ucuna yakın yapraklar 2,5 – 4,2 cm *C. longipes*
10. Meyve kırmızı ya da turuncumsu-kırmızı
13. Yapraklar bölmeli..... *C. monogyna*
13. Yapraklar bölmeli değil
15. Yaprak ayası lobları salgı tüylü *C. x yosgatica*
15. Yaprak ayası lobları salgı tüysüz
16. Çiçek kurulu tüysüz
15. Meyve yumurtamsı-eliptik..... *C. x sinaica*
17. Meyve küremsi veya hafifce ters yumurtamsı
18. Meyve çekirdeği 1-2 adet..... *C. ambigua*
18. Meyve çekirdeği 2-3 adet..... *C. christensenii*
16. Çiçek kurulu tüylü..... *C. meyeri*
14. Dişi organ boyuncuğu 1
19. Yapraklar 1-3 cm *C. microphylla*
19. Yapraklar genellikle 3 cm uzun

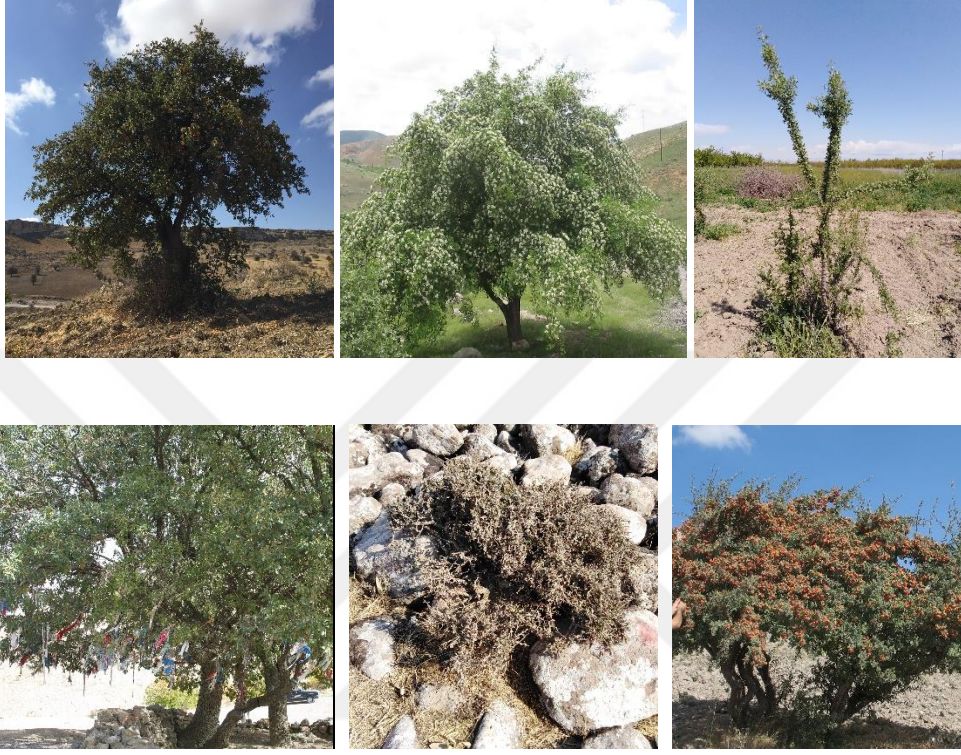
20. Meyve koyu mor
21. Yaprakların taban lobları arası boşlukları derin..... *C.× browicziana*
21. Yaprakların taban lobları arası derin değil*C. rhipidophylla*
20. Meyve kırmızı, kahverengimsi-kırmızı veya bilinmiyor
22. Çiçekli sürgünler üzerindeki yapraklar genellikle 5 loblu*C. monogyna*
22. Çiçekli sürgünler üzerindeki yapraklar genellikle 3 loblu
23. Çiçekli sürgünlerin tüm kulakçıkları veya çoğu düz veya hemen hemen düz
..... *C. sinaica*
23. Çiçekli sürgünlerin tüm kulakçıklar ya da çoğu, hemen hemen düzensiz testere
dişli*C. pseudoheterophylla*
24. Stiluslar 3-5 ; meyve 3-5 endokarpli
25. Infloresens gevşek; pedunkul ve pediseller uzun
26. Yaprak tabanı turunkat veya geniş kuneat*C. pentagyna*
26. Yaprak tabanı dar kuneat veya kuneat*C. davisii*
25. Infloresens sık pedinkul ve pediseller kısa
27. Yaprak salgı tüyü – testere dişli
28. Yaprak 1,5- 2,5(-5 cm), seyrek , villoz, yeşil *C. tanacetifolia*
28. Yaprak 3-5 cm, sık, gri-villoz*C x bornmuelleri*
27. Yaprak salgı tüysüz
29. Meyve kırmızımsı- turuncu; endokarplar (4)-5; kaliks meyvede geriye
dönük.....*C.orientalis*
29. Meyve kırmızı; endokarplar (2-)3-4; kaliks meyvede araya
yayılmı.....*C. szovitsii*
24. Stiluslar 1-3; meyve 1-3 endokarpli
30. Dallar dikensiz; meyve 15-25 mm çapında..... *C. pontica*
30. Dallar dikenli; meyve 12-18 mm çapında *C. aronica*
31. Stiluslar 1-2; 1-2 endokarpli 32. Yaprak alttaki loplari parçalanmış
33. Çiçekler 8-15 mm çapında*C. monogyna subsp. azarella*
33. Çiçekler yaklaşık 17 mm çapında *C. stevenii*
32. Yaprak loplari parçalanmamış
31. Stiluslar 2; meyve 2 endokarpli

34. Infloresans çıplak; yapraklar çıplak
 35. Meyve ovoid- elipsoid;*C. sinacia*
 35. Meyve küremsi..... *C. atrosanguinea*
 34. Infloresans ve yapraklar(alt yüzeyleri tüylü)
 36. Meyve ovoid küremsi.....*C. meyeri*
 36. Meyve elipsoid*C. dikmensis*
 31. Stilus 1; meyve 1 endokarpli
 37. Yapraklar 1-3 cm meyve dik sepalli*C. microphylla*
 37. Yaprak genellikle 3 cm den uzun, meyve geriye dönmüş sepalli
 38. Meyve koyu mor*C. curvisepala*
 38. Meyve kırmızı, kahverengimsi kırmızı veya rengi bilinmiyor
 39. Yapraklar genellikle 5 loplu üst loplar genellikle dar yarıklı *C. monogyna*
 39. Yapraklar 3 loblu veya loblar dişlerle yer değiştirmiş
 40. Yaprak alt yüzü yeşil*C. sinacia*
 40. Yapraklar alt yüzü mavimsi yeşil.....*C. pseudoheterophylla*

Herbaryum örnekleri Şekil.3.5'te ve araştırmada yer alan genotiplere ait ağaç formu görüntüleri Şekil.3.6'da sunulmuştur.



Şekil. 3.5. Herbaryum örnekleri



Şekil. 3.6. Survey gezileri sırasında belirlenen genotiplere ait ağaç formları

3.2.2. Fenolojik Gözlemler

3.2.2.1. Çiçeklenme ve Meyve Olgunlaşma Tarihleri

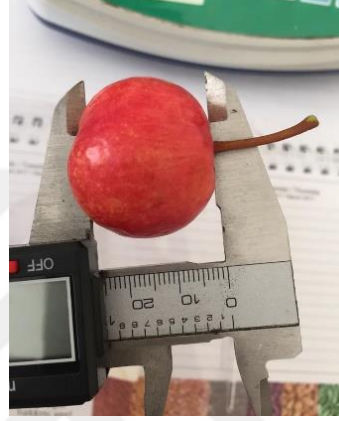
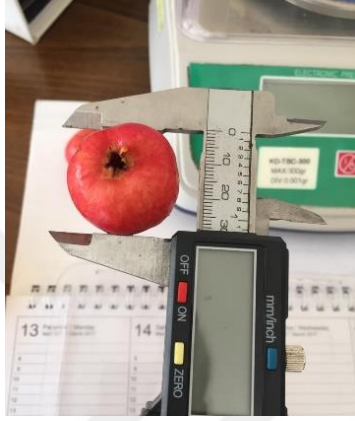
Çalışmada yer alan alıç genotiplerine ait çiçek açma ve meyve olgunlaşma tarihleri gözlemsel olarak belirlenmiştir. Alıç meyvelerinin olgunlaşmasına dair kriterler olmadığı için, meyvelerin kendilerine özgü renk, tat ve aromayı kazandıkları tarihler olgunlaşma tarihi olarak kabul edilmiştir. Farklı meyve rengine sahip alıç genotiplerinin olgunlaşma dönemlerindeki görüntüleri Şekil 3.7’de gösterilmiştir.



Şekil. 3.7. Olgunlaşma dönemindeki alıç meyveleri

3.2.3. Pomolojik Özellikler**3.2.3.1. Meyve Boyutları (mm)**

Meyvelerin en ve boy ölçümleri alınmış, ölçümler 0,01 mm'ye duyarlı kumpasla (Tronic) yapılmıştır (Şekil 3.8).



Şekil 3.8. Meyve en ve boy ölçümleri

3.2.3.2. Meyve Ağırlığı (g)

Çalışmada yer alan alıç genotiplerine ait meyvelerin ağırlığı, 0,01 g'a duyarlı terazi (Shimadzu AUX-220) ile ölçülmüştür.

3.2.3.3. Çekirdek Ağırlığı (g)

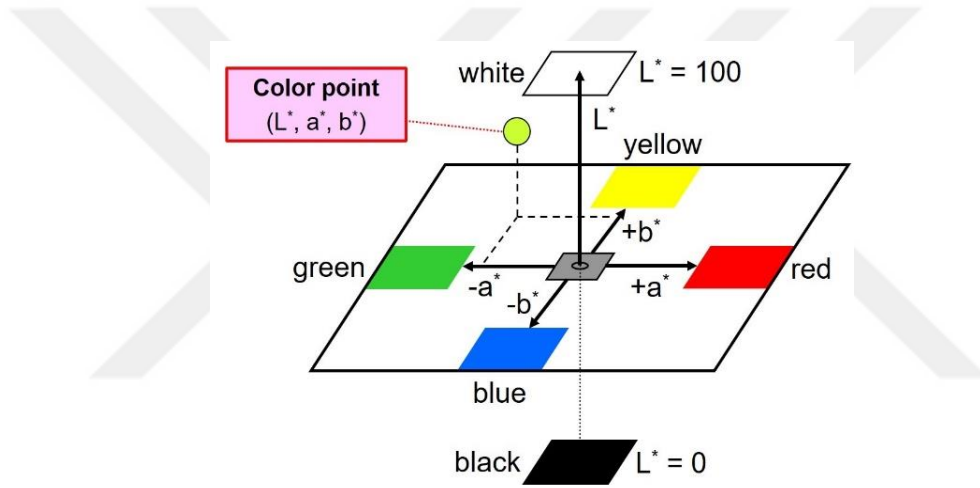
Meyve çekirdeklerinin ağırlığı, 0,01 g'a duyarlı terazi (Shimadzu AUX-220) ile ölçülmüştür.

3.2.3.4. Meyve Et / Çekirdek Oranı (%)

Meyvelere ait, meyve eti ağırlığının, çekirdekli bütün meyvenin ağırlığa oranı şeklinde hesaplanmıştır. Sonuçlar, % olarak ifade edilmiştir.

3.2.3.5. Renk Tayini

Proje çalışmaları kapsamında değerlendirilen alıç genotiplerine ait meyvelerin renk ölçümleri Minolta CR-200 renk tayin cihazı ile yapılmıştır. $L^*a^*b^*$ renk tayin sisteminde nesnelerin rengi birbirine dik üç eksen ile ifade edilir. L^* değeri renklerin parlaklıklarında oluşan değişimi gösterir. a^* ve b^* değerleri ise yatay düzlemde iki eksen kullanılarak tanımlanır. a^* değeri yeşilden kırmızıya doğru olan renk değişimini, b^* değeri ise sarı ile mavi arasında ki renk değişimini ifade eder. Şekil 3.9.'da L^* , a^* , b^* değerleri gösterilmiştir.



Şekil 3.9. L^*, a^*, b^* değerleri renk skalası

3.2.4. Kimyasal Analizler

3.2.4.1. pH

Örneklerden elde edilen meyve suyunda, cam elektrotlu dijital pH metre (Thermo Orion 2 Star) ile pH değerlerinin ölçümü yapılmıştır.

3.2.4.2. Suda Çözünür Kuru Madde (SÇKM %)

Örnekler laboratuvarında meyve sıkacağı yardımıyla sıkılıp, elde edilen meyve suyunda SÇKM içeriği el refraktometresi (Atago) ile % olarak belirlenmiştir.

3.2.4.3. Titre Edilebilir Asitlik (%)

Her uygulamaya ait meyve örneklerinden elde edilen meyve suyundan 10 mL alınıp, saf su ile 100 mL'ye tamamlanmıştır. pH metrede 8.1 değeri okunana kadar 0.1 N NaOH çözeltisi ile titre edilmiştir (Şekil 3.10). Sonuç malik asit cinsinden % olarak aşağıdaki formüle göre hesaplanmıştır.

Asitlik (%) = [NaOH Faktörü x NaOH derişimi x NaOH sarfiyatı x malik asit sabiti (0.0075) x 100] / Alınan meyve suyu miktarı (ml) değeri olarak belirtilmiştir.



Şekil. 3.10. Alıç meyve sularının titrasyonu

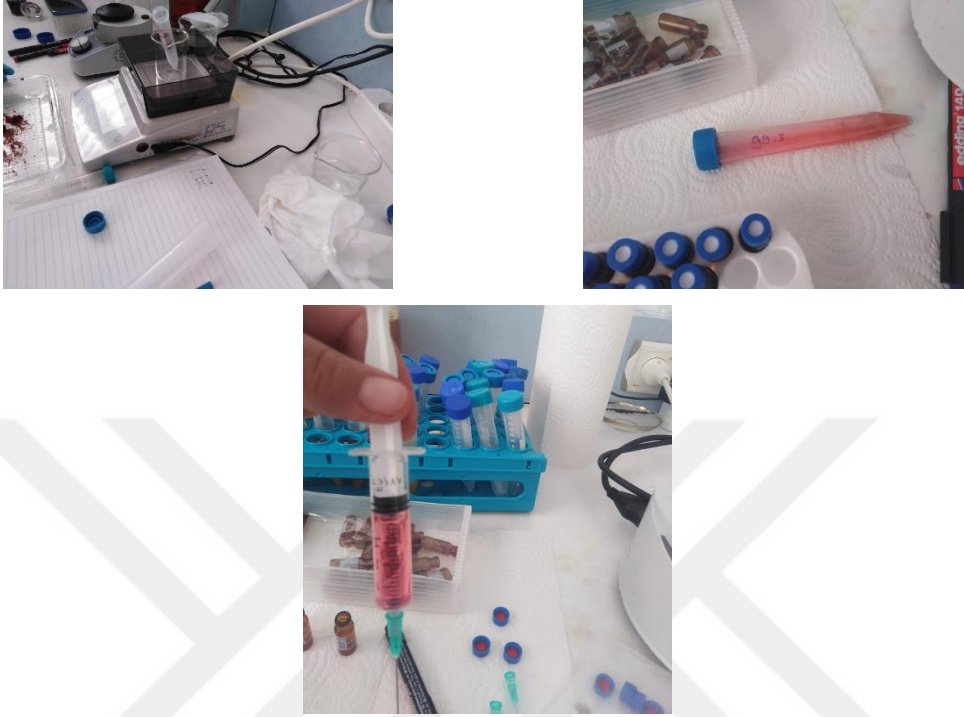
3.2.4.4. Meyvelerde C Vitamin Analizleri (mg/100 g)

2.5 g tartılan örnekler, alüminyum folyo ile sarılı 50 mL'lik santrifüj tüpleri içerisine alınmıştır. Örnekler, 5 mL %6'lık (W/V) metafosforik asit (Sigma,

M6285, %33.5) çözeltisi içinde 15 saniye süre ile dakikada 24000 devirde homojenize edilmiştir. Homojenizasyon işleminden hemen sonra, 1 °C sıcaklıkta dakikada 14000 devirde 10 dk. süre ile santrifüj edilmiştir. Üst faz sıvısından bir miktar alınarak 0.45 µm'lik filtreden geçirilip, HPLC (Shimadzu marka yüksek basınçlı sıvı kromatografi sistemi) cihazına enjekte edilmiştir. Mobil faz olarak, pH 2.2'ye ayarlanmış ultra saf su kullanılmıştır. Okumalar HPLC– DAD sisteminde yapılmıştır (Cemeroğlu, 2007).

3.2.4.5. Meyvelerde Şeker Bileşenleri Analizleri (g/100 g)

Araştırmada, alıç meyvelerinde şeker analizleri fruktoz, glikoz ve sakkaroz standartlarından faydalanılarak yapılmıştır. Meyve ekstraktları, 0.5 g kapaklı deney tüpüne alınmıştır. Deney tüplerinin üzerine 5 mL saf su eklenip, vorteks yardımı ile karıştırılmıştır. Örnekler, 6500 rpm'de 5 dk santrifüj edildikten sonra üst fazdan bir miktar alınıp 0.45 µm'lik membran filtreden geçirilmiştir. Filtre edilmiş meyve süzüntülerinde, HPLC-RID Shimadzu marka yüksek basınçlı sıvı kromatografi sistemi) sistemi yardımıyla glikoz, fruktoz ve sakkaroz miktarı belirlenmiştir. Yapılan şeker bileşenleri analizlerinde, mobil faz olarak asetonitril:su (73:27) karışımı kullanılmıştır. Ekstraktların şeker analizine hazırlanması Şekil 3.11'de sunulmuştur.



Şekil. 3.11. Meyve süzöntülerinin hazırlanması

3.2.4.6. Toplam Fenolik İçeriğın Belirlenmesi (mg GAE/100 g)

Alıç örneklerinin toplam fenolik madde içeriğinin belirlenmesinde Folin–Ciocalteu metodu kullanılmıřtır ve elde edilen sonuçlar gallik asit eřdeğeri olarak ifade edilmiřtir. Meyve örneklerinden hazırlanan ekstraktlardan 50 µL alınıp üzerine 950 µL su eklenmiřtir. Daha sonra, çözeltilerin üzerine 1 mL Folin–Ciocatue çözeltisi eklenerek ve 3 dk bekletilmiřtir. Bu süre sonunda 1 mL %2’lik Na₂CO₃ çözeltisi eklenmiř ve çözeltiler karanlık ortamda 1 saat bekletilmiřtir. Çözeltilerin absorbsanları 760 nm dalga boyunda (Shimadzu marka UV - 1208) ölçölmüřtür (Hwang ve ark., 2001). Ölçüm aşaması Şekil 3.12’de sunulmuřtur.



Şekil. 3.12. Çözelti absorbanslarının spektrofotometrik ölçümleri

3.2.4.7. Fenolik Bileşenlerin HPLC' de Tayini (mg/100g)

Araştırmada yer alan alıç meyvelerinin fenolik bileşenlerinin belirlenmesi çalışmalarında, HPLC-DAD sisteminden (Shimadzu marka, DAD dedektörü, C18 250 x 4.6 mm 5µm partikül çapına sahip kolon) faydalanılmıştır. Meyvelerden hazırlanan ekstraktlardan 1 mL alınıp, 0,45 µm'lik filtreden geçirilmiştir ve HPLC'ye enjekte edilmiştir. Mobil faz A % 4.5 formik asit ve mobil faz B asetonitril olmak üzere iki ayrı mobil faz kullanılmıştır. Yapılan analizlerde gradientli elusyon uygulanmıştır. Fenolik bileşenlerin HPLC'de belirlenmesi analizlerinde uygulanan gradient programı ve koşulları çizelge 3.2.'de sunulmuştur.

Çizelge 3.2. HPLC sisteminde kullanılan gradient programı ve koşulları

Analiz Süresi (dk)	Çözgen (B)	Akış Hız (mL/dk)	Sıcaklık (°C)	Dalga Boyu (Å)
0,01	0	1	30	
7	5	1	30	271, 273,
12	15	1	30	278, 279
20	40	1	30	325, 354
25	100	1	30	
30	100	1	30	
40	5	1	30	

3.2.5. Moleküler Analizler

Çalışmada yer alan 65 alıç genotipinin moleküler karakterizasyon çalışmaları, ISSR, SRAP ve SSR markörleri ile gerçekleştirilmiştir. Bu amaç ile survey çalışmalarında belirlenmiş olan genotiplerden yaprak örnekleri alınmıştır. Alınan yaprak örnekleri, etiketlenmiş olarak falkon tüplerinin içerisine yerleştirilmiştir ve soğutmalı koşullarda muhafaza edilerek laboratuvara taşınmıştır.

3.2.5.1 Genotiplerin DNA izolasyonu

Araştırmada yer alan genotiplerin DNA izolasyon çalışmaları, Malatya Kayısı Araştırma Enstitü Müdürlüğü Moleküler Biyoloji laboratuvarında yürütülmüştür. Yaprakların ezilme işlemi roller press aletiyle gerçekleştirilmiştir. DNA izolasyonlarında faydalanan tampon çözeltinin içeriği çizelge 3.3'te sunulmuştur.

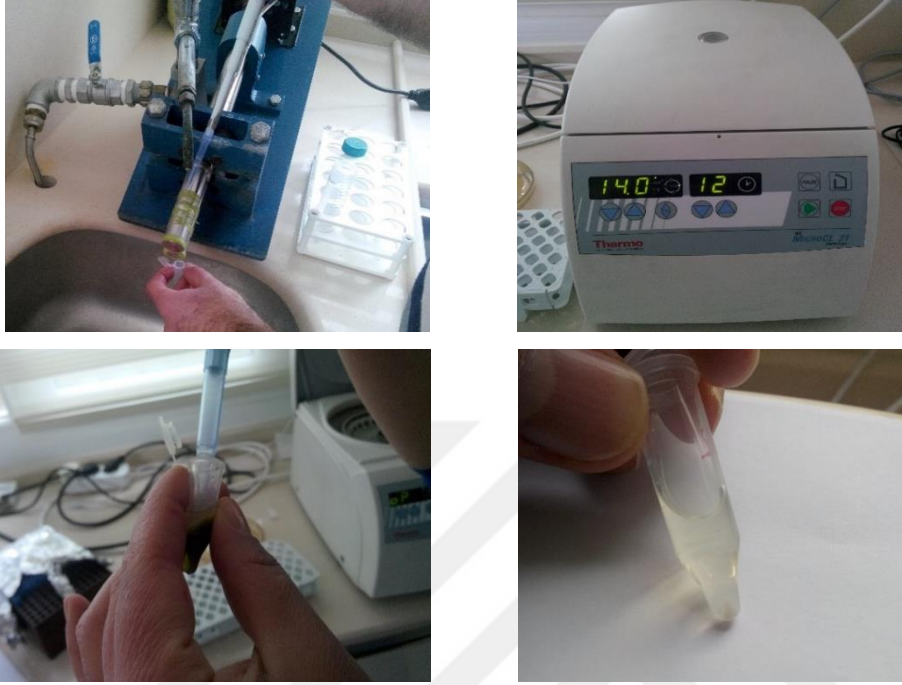
Çizelge 3.3. DNA izolasyon yönteminde kullanılan ekstraksiyon bufferın içeriği

Solüsyon	Konsantrasyon
CTAB	%2
NaCl (5 M)	1,4 M
EDTA (0,5 M, pH 8,0)	0,2 M
Tris-HCL (1 M, pH 8,0)	0,1 M
Beta-mercaptoethanol	1.2 µl

Parçalanmış yaprak ve ekstraksiyon buffer karışımı ependorf tüplere alınmıştır.

- Hazırlanan tüpler, 57 °C' ye kadar ısıtılmış su banyosunda 1 saat inkube edilmiştir. Bu zaman içerisinde, tüpler 3-4 kez ters yüz edilerek karıştırılmıştır.
- Her tüpe 600 µl cloroform:octanol (24:1) ilave edilerek, ters yüz etmek suretiyle karıştırılmıştır. Karıştırılan tüpler 5 dk. 14.000 rpm'de santrifüj (MicroCL 21) edilmiştir.
- Bu işlemden sonra, süpernatant üzerine -20 °C'de muhafaza edilen 550 µl isopropanol ilave edilmiş ve özenli bir şekilde karıştırılmıştır.
- Hazırlanan tüpler, 2 saat süreyle – 20 °C'de muhafaza edilmiştir. Bu zaman dilimi tamamlandıktan sonra, 2 dk 14.000 rpm'de santrifüj edilmiştir.
- Santrifüj işleminden sonra süpernatant dikkatli şekilde tüpte uzaklaştırılmıştır. Tüplerin içerisinde kalan pellet ise 15 dk. kurumaya bırakılmıştır.
- Pellet kuruduktan sonra üzerine 100 µl TE (Tris-EDTA) ilave edilip çözülmesi sağlanmıştır.
- Her tüpe önce 4 µl RNAase A ilave edilip 15 dk bekletilmiş ve daha sonra 500 µl EtOH (%100) eklenmiştir. Dikkatlice karıştırılan tüpler, 1 saat -20 °C'de bekletilmiştir.
- Tüpler 2 dk. 14 rpm'de santrifüj edildikten sonra süpernatant tüpten uzaklaştırılmış ve pellet 15 dk kurumaya bırakılmıştır.
- Kuruyan pelletin, 200 µl TE (Tris-EDTA) ilave edilerek çözünmesi sağlanmıştır.
- Tüpler 30 saniye 2000 rpm'de santrifüj edilip, PCR çalışmalarında kullanılmak üzere -20 °C'de muhafaza altına alınmıştır.

DNA izolasyon çalışmalarına ait görüntüler Şekil 3.13'te sunulmuştur.



Şekil. 3.13. DNA izolasyon aşamaları

3.2.5.2. DNA Kalite ve Kantitesinin Belirlenmesi

İzole edilen DNA'lardan 1 μ l örnek alınarak, spektrofotometre (DS-11+ Spectrophotometer) yardımıyla DNA'ların miktar ve kaliteleri belirlenmiştir. (Şekil 3.14)



Şekil. 3.14. DNA kalite ve kantitesinin ölçüm aşamasında yer alan spektrofotometre cihazı

3.2.5.3. ISSR Analizleri

ISSR markörleri ile yapılan moleküler karakterizasyon çalışmaları, Malatya Kayısı Araştırma Enstitü Müdürlüğü Moleküler Biyoloji Laboratuvarında yapılmıştır. Analizler Sensequest marka PCR cihazında yürütülmüştür. Toplam hacim 25 µl olacak şekilde reaksiyon karışımı hazırlanmıştır. Çizelge 3.4'te analizlerde kullanılan PCR reaksiyon ve döngü koşulları sunulmuştur.

Çizelge 3.4. ISSR analizleri PCR reaksiyon koşulları

Kullanılan Kimyasallar	Her Örnek İçin Kullanılan Miktar (µl)
PCR Master Mix 2X	12,5
ddH ₂ O	8,65
MgCl ₂ (50 mM)	0,25
ISSR Primerleri (10mM)	0,5
DNA Tag Polimeraz (5 U/ µl)	0,1
DNA (50 ng/ µl)	3

PCR Döngü Koşulları

95 °C 3 dk	Ön denatürasyon	} 35 Döngü
95 °C 45 sn	DNA'nın çift iplikliğinin ayrılması denatürasyon	
55 °C 1 dk	Primer bağlanması annealing	
72 °C 45 sn	Yeni iplikğin yazılımı extension	
72 °C 7 dk	Son yazılım	
4 °C ∞		

3.2.5.3.(1). PCR Çalışmalarında Kullanılan ISSR Primerleri

Çalışmada, University of British Columbia tarafından üretilen ISSR primerlerinden faydalanılmıştır. Primerleri polimorfizm bakımından test etmek amacıyla 8 alıç genotipi, 48 primer ile ön tarama işlemine tabi tutulmuştur. Polimorfizm oranı yüksek olan 14 ISSR primeri analizlerde kullanılmıştır. Çizelge 3.5'te çalışmalarda yer alan ISSR primerleri ve baz dizilimleri verilmiştir.

Çizelge 3.5. ISSR primerleri ve baz dizilimleri

Primer Adı	Baz Dizilimi (5'-3')	Primer Adı	Baz Dizilim (5'-3')
UBC808	AGA GAG AGA GAG AGA GC	UBC824	TCT CTC TCT CTC TCT CG
UBC810	GAG AGA GAG AGA GAG AT	UBC826	ACA CAC ACA CAC ACA CC
UBC811	GAG AGA GAG AGA GAG AC	UBC828	TGT GTG TGT GTG TGT GA
UBC815	CTC TCT CTC TCT CTC TG	UBC 834	AGA GAG AGA GAG AGA GT
UBC816	CAC ACA CAC ACA CAC AT	UBC835	AGA GAG AGA GAG AGA GC
UBC818	CAC ACA CAC ACA CAC AG	UBC843	CTC TCT CTC TCT CTC TA
UBC820	GTG TGT GTG TGT GTG TC	UBC850	GTG TGT GTG TGT GTG TC

3.2.5.3.(2). Agaroz Jel Elektroforezi

PCR ürünleri, GelRed Dropper boya ilave edilen % 2'lik agaroz jelde 3 saat süreyle, 90 volt elektrik akımı altında, elektroforezde (EC 100XL2) koşturulmuştur. UV ışın altında görüntüleri alabilmek için GelRed Dropper ile boyama yapılmıştır. Jel görüntüleme cihazı ile (Quantum Vilber Lourmat) UV ışınları altında görüntüler alınmıştır.

3.2.5.4. SRAP Analizleri

SRAP markörleri ile yürütülen moleküler karakterizasyon çalışmaları, Malatya Kayısı Araştırma Enstitü Müdürlüğü Moleküler Biyoloji Laboratuvarında yapılmıştır. SRAP analizleri Li ve Quiros'un (2001) geliştirmiş olduğu yönteme göre yapılmıştır (Şekil 3.15). Toplam hacim 25 µl olacak şekilde reaksiyon karışımı hazırlanmıştır (Çizelge 3.6).

Çizelge 3.6. SRAP analizlerinde kullanılan kimyasallar ve miktarları

Kullanılan Kimyasallar	Her Örnek İçin Kullanılan Miktar (µl)
PCR Master Mix 2X	15,625
ddH ₂ O	3,000
MgCl ₂ (50 mM)	1,250
Taq DNA Polimeraz (5 U/ µl)	0,125
F + R primer (10mM)	2,500
DNA (50 ng/ µl)	2,000

PCR Döngü Programı

PCR döngüsü aşağıda belirtilen şekilde (Li ve Quiros, 2001)'a göre yapılmıştır.

94 °C	2 dk	Ön denatürasyon	
94 °C	1 dk	DNA'nın çift iplikliğinin ayrılması	denatürasyon
37 °C	1 dk	Primer bağlanması	annealing
72 °C	2 dk	Yeni iplikğin yazılımı	extension
94 °C	1dk	DNA'nın çift iplikliğinin ayrılması	denatürasyon
50 °C	1dk	Primer bağlanması	annealing
72 °C	2dk	Yeni iplikğin yazılımı	extension
72 °C	5 dk	Son yazılım	
4 °C	∞		

5 Döngü

35 Döngü



Şekil. 3.15. SRAP analizleri PCR ve elektroforez çalışmaları

3.2.5.4.(1). PCR Çalışmalarında Kullanılan SRAP Primerleri

Çalışma kapsamında 5 forward (ileri) ve 6 reverse (geri) primerlerinin 30 farklı kombinasyonları denenerek, amplifikasyonu sağlayan 7 primer kombinasyonları SRAP analizlerinde kullanılmıştır. SRAP analizlerinde kullanılan primerler ve baz dizinleri Çizelge 3.7’de sunulmuştur.

Çizelge 3.7. SRAP analizlerinde kullanılan forward ve reverse primerleri ve baz dizilimleri

Forward (İleri) Primerleri		Reverse (Geri) Primerleri	
Primer Adı	Baz Dizilimi (5'-3')	Primer Adı	Baz Dizilimi (5'-3')
me1	TGA GTC CAA ACC GGA TA	em4	GAC TGC GTA CGA ATT TGA
me11	TGA GTC CAA ACC GGA AC	em6	GAC TGC GTA CGA ATT GCA
me12	TGA GTC CAA ACC GGA GA	em7	GAC TGC GTA CGA ATT CAA
me13	TGA GTC CAA ACC GGA AG	em8	GAC TGC GTA CGA ATT CAC
		em9	GAC TGC GTA CGA ATT CAG
		em13	GAC TGC GTA CGA ATT CTG

3.2.5.4.(2). Agaroz Jel Elektroforezi

PCR ürünleri, GelRed Dropper boya ilave edilen %2,5'luk agaroz jele yüklenmiştir ve 3.5 saat süreyle, 110 volt elektrik akımı altında elektroforezde koşturulmuştur. UV ışın altında görüntüleri alabilmek için boyama GelRed Dropper ile boyama yapılmıştır. Jel görüntüleme cihazı ile (Quantum Vilber Lourmat) UV ışınlar altında görüntüler alınmıştır.

3.2.5.5. SSR Analizleri

Çalışmada yer alan SSR analizleri, Çukurova Üniversitesi Ziraat Fakültesi, Bahçe Bitkileri Bölümü, Moleküler Genetik Laboratuvarında yürütülmüştür.

PCR reaksiyonları toplam hacim 20 µl olacak şekilde hazırlanmış ve PCR ürünlerinin görüntüleri alınırken, Li – Cor jel sistemi kullanılmıştır. Hazırlanan PCR reaksiyonlarının DNA amplifikasyonları termalcyler cihazında (Eppendorf)

gerçekleştirilmiştir. SSR analizlerinin PCR reaksiyonlarında kullanılan kimyasallar Çizelge 3.8.'de sunulmuştur.

Çizelge 3.8. SSR analizlerinde kullanılan kimyasallar ve miktarları

Kullanılan Kimyasallar	Her örnek için kullanılan miktar (µl)
PCR Master Mix 2X	8,00
MgCl ₂	0,50
ddH ₂ O	5,00
M13 primer (Forward&Reverse)	0,50
F + R primer	1,00
DNA (5ng)	5,00
Tag DNA polimeraz	0,05

PCR Döngü Programı:

95°C 5dk	Ön denatürasyon	}	35
95°C 1dk	DNA'nın çift iplikliğinin ayrılması denatürasyon		
55°C 30sn	Primer bağlanması annealing		
Döngü			
72°C 1d	Yeni iplikğin yazılımı extension	}	
72°C 6 dk	Son yazılım		
4°C ∞			

3.2.5.5.(1). PCR Çalışmalarında Kullanılan SSR Primerleri

SSR analizlerin de Lo. ve ark.,(2009) ve Khiari ve ark., (2015) tarafından *Crataegus* türlerinin genetik çeşitliliği belirlemek için kullandıkları ve başarılı sonuçlar aldıkları 8 SSR primer çifti (CH01F02, CH05G11, CH04G04, CH05D11, CH05G07, CH03C02, CH01F07, CH03A02) kullanılmıştır. Araştırmada yer alan primerler ve baz dizimleri Çizelge 3.9.'da sunulmuştur.

Çizelge 3.9. SSR primerleri ve baz dizilimleri

Forward ve Reverse Primerleri	Baz dizilimleri (5' – 3')
CH01F02	F: ACCACATTAGAGCAGTTGAGG
	R: CTGGTTTGTTCCTCCAGC
CH05G11	F: GCAAACCAACCTCTGGTGAT
	R: AAAGTGTTCACGACGCTA
CH04G04	F: AGTGGATGATGAGGATGAGG
	R: GCTAGTTGCACCAAGTTCACA
CH05D11	F: CACAACCTGATATCCGGGAC
	R: GAGAAGGTCGTACATTCCTCAA
CH05G07	F: CCCAAGCAATATAGTGAATCTCAA
	R: TTCATCTCCTGCTGCAAATAAC
CH03C02	F: TCACTATTTACGGGATCAAGCA
	R: GTGCAGAGTCTTTGACAAGGC
CH01F07	F: CCCTACACAGTTTCTCAACCC
	R: CGTTTTTGGAGCGTAGGAAC
CH03A02	F: TTGTGGACGTTCTGTGTTGG
	R: CAAGTTCAACAGCTCAAGATGA

3.2.5.5.(2). Poliakrilamid Jel Hazırlığı

PCR ürünlerinin koşturulması için % 6,5'lik poliakrilamid jel hazırlanmıştır. Jelin hazırlanmasında yer alan kimyasallar ve miktarları Çizelge 3.10'da sunulmuştur.

Çizelge 3.10. Poliakrilamid jelde kullanılan kimyasallar ve miktarları

Kimyasal	Miktar
Üre	8.4 g
%50 LongRangerAkrilamide	2.4 ml
10X TBE Buffer	2.0 ml
TEMED	15 µl
Amonyum Persulfat (APS-%10)	150 µl

3.2.5.5.(3). Li-Cor Elektroforez Koşulları

Polimerizasyonu tamamlanan poliakrilamid jel Li-Cor elektroforez (Li-Cor DNA analyzer 4200-Biosciences) cihazına yerleştirilmiştir. Cihazda, 1000 V, 35 mA, 25 W, 45 °C’de 30 dk. ön ısıtma yapılmıştır. Her örneğe eşit miktarda formamide buffer ilave edilip, PCR’da 95 °C’de 4 dk. denatüre edilmiştir. Denatüre edilen örneklerden 1 µl alınarak jele yüklenmiştir. Bu esnada cihazın çalışma koşulları, 1500 V, 35 mA, 50 W, 48 °C olacak şekilde ayarlanmıştır ve 1,5 saat koşturulmuştur. Poliakrilamid jel hazırlıkları Şekil 3.16’da sunulmuştur.



Şekil. 3.16. Poliakrilamid jelin hazırlama

3.2.6. Verilerin Değerlendirilmesi:

Projede yer alan genotiplerin pomolojik ve kimyasal analiz verilerinin istatistiksel değerlendirilmesinde, Temel Koordinatlar Analizi, Temel Bileşenler Analizi ve kimyasal – pomolojik özellikler arasındaki korelasyon hesaplamaları, SAS adlı bilgisayar paket programı kullanılarak yapılmıştır.

ISSR, SSR ve SRAP primerleri ile PCR ve elektroforez işlemleri yapılan genotiplerin elde edilen jel görüntülerinde bantlar, var (1) ve yok (0) şeklinde skorlanmış ve veriler NTSYSpc 2.11V (Rohlf, 2004) isimli bilgisayar paket programında değerlendirilmiştir. Her primer kombinasyonu için toplam bant sayısı (TBS), polimorfik bant sayısı (PBS) ve polimorfizm oranları belirlenmiştir. Ayrıca bu primerlerle ilgili olarak, polimorfizm bilgi içeriği (PBİ) aşağıdaki formüle göre hesaplanmıştır (Smith ve ark, 1997). Formüle göre $f_i = i$ bandının frekansıdır. $PBI = 1 - \sum f_i^2$. Polimorfizm oranı aşağıdaki formül yardımıyla bulunmuştur.

Polimorfizm Oranı (%) = (Polimorfik Bant Sayısı / Toplam Bant Sayısı) X 100.

4. BULGULAR VE TARTIŞMA

Tez çalışmasında yer alan farklı türlere ait 65 alıç genotipinde 2019 yılında fenolojik gözlem, pomolojik ve kimyasal analizler yapılmıştır. Yapılan fenolojik gözlem, pomolojik ve kimyasal analizlerde kıyaslama yapmak amacıyla Rosaceae familyasından 3 elma (*Malus*) ve Rhamnaceae familyasından 3 hünnap (*Ziziphus jujuba*) genotipi yer almıştır. Çalışmada yer alan alıç genotipleri arasındaki akrabalık ilişkilerinin belirlenmesi için ISSR, SRAP ve SSR markörlerinden faydalanılarak analizler yapılmıştır. Çalışmalar sonucunda elde edilen veriler, istatistiksel olarak değerlendirilmiştir.

4.1. Fenolojik Gözlemler

Çiçeklenme ve meyve olgunlaşma tarihlerini belirlemek için, genotiplerin yetiştiği bölgelere Nisan-Mayıs ve Eylül-Ekim aylarında tekrarlanan arazi gezileri yapılmıştır. Ayrıca, Kayısı Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü Alıç Koleksiyon Parselinde yer alan alıç genotipleri ve hünnap adaptasyon parselinde yer alan genotiplerde düzenli olarak incelenip, çiçek açma ve meyve olgunlaşma tarihleri gözlemlenmiştir. Gençlik kısırlığı döneminde olan 82-1 nolu genotipten çiçek açma ve meyve olgunlaşma tarihleri, kurumaya başlamış olan 64-2, 65-1 nolu genotiplerden ise meyve olgunlaşma tarihleri belirlenememiştir.

Alıç genotipleri arasında en erken çiçek açma 05-05-2019 tarihinde 7-1 nolu genotipte (*C. monogyna*), 8-5-2019 tarihinde 7 nolu genotipte (*C. monogyna*), en geç çiçek açma tarihleri ise 11-06-2019 tarihinde 99-4 (*C. orientalis*) ve 99-5 nolu genotiplerde (*C. azarolus*) gözlenmiştir. En erken meyve olgunlaşma ise 18-09-2019 tarihinde 20-4 nolu (*C. azarolus*), 19-09-2019 tarihinde 5, 6 ve 7 nolu genotiplerde (*C. monogyna*) gözlemlenmiştir. En geç meyve olum ise 28-10-2019 tarihinde 97-2 nolu (*Crataegus azarolus*), 24-10-2019 tarihinde 88-1 ve 88- 2 (*Crataegus azarolus*) nolu genotiplerde belirlenmiştir.

Çalışmada yer alan alıç genotipleri arasında, çiçek açma ve meyve olgunlaşma tarihleri açısından türlerin etkisi olduğu gibi, aynı türler arasında da farklılıklar olduğu belirlenmiştir. Bu durum çalışmada yer alan genotiplerin farklı ekolojilerde yetiştirmelerinden kaynaklanmaktadır. Genotiplerin çiçek açma ve meyve olgunlaşma tarihleri Çizelge 4.1.'de sunulmuştur.

Çizelge 4.1. Genotiplere ait 2019 yılı fenolojik verileri

No	Genotip No	Çiçek Açma Tarihi	Meyve Olgunlaşma Tarihi
1	5 No	13-05-2019	19-09-2019
2	6 No	13-05-2019	19-09-2019
3	7 No	08-05-2019	19-09-2019
4	8 No	22-05-2019	26-09-2019
5	9 No	22-05-2019	28-09-2019
6	7 - 1	05-05-2019	22-09-2019
7	8 - 1	30-05-2019	27-09-2019
8	8 - 5	30-05-2019	27-09-2019
9	8 - 6	30-05-2019	27-09-2019
10	8 - 7	30-05-2019	27-09-2019
11	16 - 1	16-05-2019	01-10-2019
12	16 - 4	16-05-2019	04-10-2019
13	16 - 6	16-05-2019	24-09-2019
14	16 - 7	16-05-2019	01-10-2019
15	17 - 1	22-05-2019	01-10-2019
16	18 - 1	22-05-2019	27-09-2019
17	18 - 2	22-05-2019	27-09-2019
18	18 - 7	22-05-2019	27-09-2019
19	20 - 1	30-05-2019	25-09-2019
20	20 - 2	30-05-2019	27-09-2019
21	20 - 3	30-05-2019	27-09-2019
22	20 - 4	30-05-2019	18-09-2019
23	37 - 1	11-05-2019	20-10-2020
24	37 - 2	11-05-2019	20-10-2020
25	40 - 1 - 1	02-06-2019	27-09-2019
26	40 - 1 - 2	02-06-2019	27-09-2019
27	43 - 1	02-06-2019	22-09-2019
28	45 - 1	13-05-2019	20-09-2019

Çizelge 4.1.'ün devamı.

No	Genotip	Çiçek Açma Tarihi	Meyve Olgunlaşma Tarihi
29	46 – 1 - 1	02-06-2020	01-10-2020
30	46 – 1 - 2	02-06-2020	01-10-2020
31	50-1	02-06-2019	26-09-2019
32	50 - 2	02-06-2019	26-09-2019
33	55 - 1	12-05-2019	01-10-2019
34	56 - 1	12-05-2019	27-09-2019
35	57 - 1	12-05-2019	27-09-2019
36	58 - 1	12-05-2019	27-09-2019
37	59 - 1	12-05-2019	01-10-2019
38	63 - 1	03-06-2019	25-09-2019
39	63 - 2	03-06-2019	28-09-2019
40	64 - 2	03-06-2019	-
41	65 - 1	03-06-2019	-
42	66 - 1	20-05-2019	28-09-2019
43	70 - 1	03-06-2019	01-10-2019
44	70 - 2	06-06-2019	01-10-2019
45	72 - 1	06-06-2019	01-10-2019
46	72 - 2	06-06-2019	01-10-2019
47	81 - 1	23-05-2019	30-09-2019
48	81 - 2	23-05-2019	30-09-2019
49	81 - 3	23-05-2019	30-09-2019
50	82 - 1	-	-
51	88 - 1	23-05-2019	24-10-2019
52	88 - 2	24-05-2019	24-10-2019
53	90 - 1	24-05-2019	04-10-2019
54	90 - 2	22-05-2019	04-10-2019
55	91 - 1	22-05-2019	02-10-2019
56	91 - 2	22-05-2019	02-10-2019
57	91 - 3	22-05-2019	02-10-2019
58	92 - 1	22-05-2019	02-10-2019
59	97 - 1	22-05-2019	23-09-2019
60	97 - 2	27-05-2019	28-10-2019
61	99 - 1	31-05-2019	02-10-2019
62	99 - 2	09-06-2019	06-10-2019

Çizelge 4.1'ün devamı.

No	Genotip No	Çiçek Açma Tarihi	Meyve Olgunlaşma Tarihi
63	99 - 3	31-05-2019	02-10-2019
64	99 - 4	11-06-2019	06-10-2019
65	99-5	11-06-2019	06-10-2019
66	Bingöl Elma	11-05-2019	09-09-2019
67	Banazı 1	12-05-2019	04-10-2019
68	Bannazı 2	12-05-2019	04-10-2019
69	Hünnap 1	03-06-2019	16-09-2019
70	Hünnap 2	03-06-2019	16-09-2019
71	Hünnap 3	03-06-2019	16-09-2019

4.2. Pomolojik Analizler

Tez çalışmasında yer alan ve meyve temin edilebilen 62 alıç, 3 elma ve 3 hünnap genotiplerine ait meyvelerde; meyve ağırlığı (g), meyve boyutları (mm), çekirdek ağırlığı (g), meyve et/çekirdek oranı (%) ve $L^*a^*b^*$ değerleri belirlenmiştir. 82-1, 64-2, 65-1 nolu genotiplerden meyve temin edilemediği için, genotiplere ait analizler yapılamamıştır. Yapılan analizler sonucunda elde edilen veriler sırasıyla tez içerisine aktarılmış, tartışmaları yapıp, veriler istatistiksel olarak değerlendirilmiştir.

4.2.1. Meyve Ağırlığı (g)

Taze tüketilen meyvelerde meyve ağırlığı, iriliği önemli kalite kriterlerinden birisidir. Araştırmada yer alan genotipler meyve ağırlığı bakımından incelenmiş ve istatistiksel değerlendirmede aradaki farklılıklar önemli bulunmuştur ($P<0.05$).

Alıç genotipleri arasında en yüksek meyvye ağırlığı 13,7 g ile 50-2 (*C. orientalis*) ve 13.64 g ile 50-1 (*C. orientalis*) nolu genotiplerde belirlenmiştir. Bu genotipleri sırasıyla 9.47 g ile 81-1 (*C. azorolus*) 9.32 g ile 81-2 (*C. azorolus*) ve 8,92 g ile 81-3 (*C. azorolus*) nolu genotipler takip etmiştir. En düşük meyve ağırlıkları ise 0.46 g ile 7-1 (*C. monogyna*), 0.61 g ile 45-1 (*C. sinacia*), 0.63 g ile 6 (*C. monogyna*) nolu genotiplerde ölçülmüştür.

Türkoğlu ve ark (2005), Van ilinde yetişen 49 alıç türünü incelemiş, meyve ağırlıklarının en yüksek 2.34 g ile *C. orientalis* türünde, en düşük ağırlığın ise 0.71 g ile *C. monogyna* türünde olduğunu bildirmişlerdir. Yanar ve ark (2010), Malatya ilinde doğal olarak yetişen alıç genotiplerinin meyve ağırlığının 4.19 g (*C. x bornmuelleri*) ile 1.36 g (*C. meyeri*) arasında yer aldığını, Balta ve ark (2015), farklı alıç türleriyle yaptıkları çalışmada meyve ağırlığının sırasıyla 4.99 g (*C. tanacetifolia*), 3.48 g (*C. orientalis*), 3.31 g (*C. pontica*), 2.63 g (*C. aronia*) ve 1.36 g ile (*C. meyeri*) aralığında değiştiğini bildirmişlerdir. Tez çalışmasında elde edilen en yüksek meyve ağırlığı değerlerinin, diğer araştırmacıların verilerinden daha yüksek olduğu görülmektedir. Ancak *C. orientalis*. var. *obtusata* türü içerisinde yer alan 50-1 ve 50-2 nolu genotipler alıç koleksiyon parselinde, *C. azorolus* L. var. *aronia*, türü içerisinde yer alan 81-1, 81-2 ve 81- 3 nolu genotipler ise çiftçi bahçesinde kültürel işlemleri yapılarak yetiştirilmektedir. Aynı türe ait diğer genotiplerden daha ağır meyvelere sahip olmalarında bu faktörün etkili olduğu düşünülmektedir. Meyve ağırlığı ve boyutları arasındaki farklılıklar çevresel etkiler, tür ve genotipler arasındaki farklılıkların sonucu olabilir (Türkoğlu 2005). Çizelge 4.2’de araştırmada yer alan genotiplere ait meyve ağırlıkları sunulmuştur.

Çizelge 4.2. Meyve ağırlıkları (g)

No	Meyve ağırlık (g)	No	Meyve ağırlık (g)
5 no	2.29 ± 0.11 opqr	57-1	0.73 ± 0.07 alb1c1
6 No	0.63 ± 0.09 b1c1	58-1	1.1 ± 0.12 xyza1
7 No	0.91 ± 0.01 yza1b1	59-1	0.73 ± 0 alb1c1
8 No	1.82 ± 0.14 stuv	63-1	0.88 ± 0.08 yza1b1c1
9 No	2.13 ± 0.17 pqrs	63-2	3.73 ± 0.2 kl
7-1	0.46 ± 0.01 c1d1e1	66-1	4.82 ± 0.2 j
8-1	5.74 ± 0.41 fg	70-1	1.44 ± 0.18 vwx
8-5	5.23 ± 0.37 hij	70-2	3.23 ± 0.18 m
8-6	3.39 ± 0.18 lm	72-1	5.53 ± 0.23 gh
8-7	5.65 ± 0.33 gh	72-2	4.81 ± 0.12 j
16-1	2.55 ± 0.24 nop	81-1	9.47 ± 0.26 d
16-4	1.81 ± 0.8 stuvw	81-2	9.32 ± 0.12 de

Çizelge 4.2'nin devamı.

Genotip	Meyve ağırlık (g)	Genotip	Meyve ağırlık (g)
16-6	1.8 ± 0.16 stuvw	81-3	8.92 ± 0.42 e
16-7	1.16 ± 0.11 xyz	88-1	1.39 ± 0.04 wx
17-1	3.48 ± 0.27 lm	88-2	1.82 ± 0.06 stuv
18-1	2.3 ± 0.17 opq	90-1	2.77 ± 0.16 n
18-2	2 ± 0.1 qrst	90-2	1.48 ± 0.09 uvwx
18-7	0.92 ± 0.16 yza1b1	91-1	1.23 ± 0.02 xy
20-1	1.98 ± 0.19 qrst	91-2	2.67 ± 0.26 no
20-2	5.07 ± 0.12 ij	91-3	1.22 ± 0.04 xy
20-3	3.56 ± 0.28 lm	92-1	3.28 ± 0.16 m
20-4	1.09 ± 0.17 xyza1	97-1	1.88 ± 0.03 rstu
37-1	1.66 ± 0.26 tuvw	97-2	1.87 ± 0.03 qrstu
37-2	0.75 ± 0.09 za1b1c1	99-1	1.9 ± 0 yza1b1c1
40-1-1	5.1 ± 0.22 ij	99-2	2.68 ± 0.23 no
40-1-2	5.38 ± 0.08 ghı	99-3	2.04 ± 0.1 qrst
43-1	6.15 ± 0.27 f	99-4	2 ± 0.09 qrst
45-1	0.61 ± 0.07 b1c1d1	99-5	2.01 ± 0.17 qrst
46-1-1	2.71 ± 0.32 no	Bin. E.	21.89 ± 0.44 b
46-1-2	2.58 ± 0.19 no	Ban. 1	0.18 ± 0 e1
50-1	13.64 ± 0.9 c	Ban. 2	0.2 ± 0 d1e1
50-2	13.7 ± 0.63 c	Hün. 1	5.78 ± 0.2 fg
55-1	4.07 ± 0.16 k	Hün. 2	25.9 ± 1.11 a
56-1	0.59 ± 0.11 b1c1d1e1	Hün. 3	5.4 ± 0.17 ghı

*Aynı sütunda aynı harf ile temsil edilen ortalamalar arasındaki fark 0.05 düzeyinde önemli değildir.

4.2.2. Meyve Boyutları (mm)

Araştırmada yer alan genotiplere ait meyvelerin en ve boy ölçümleri mm cinsinden ölçülmüştür ve genotipler arasında istatistiksel açıdan önemli farklılıklar bulunmuştur ($P<0.05$). Alıç genotipleri arasında en yüksek meyve boyu 24.09 mm ile 43-1 (*C. orientalis*) nolu genotipte, en düşük meyve boyu 7.98 mm ile 16-6 (*Crataegus* spp.) nolu genotiplerde ölçülmüştür. En yüksek meyve eni 30.33 mm ile 50-2 (*C. orientalis*) nolu genotipte, en düşük meyve eni 6.84 mm ile 16-6 (*Crataegus* spp.) nolu genotiplerde belirlenmiştir.

Yanar ve ark (2011), meyve boyunun 18.07 ile 10.06 mm, meyve eninin 20.39 mm ile 9.88 mm arasında, Okatan ve ark (2017), meyve boyunun 17.43 mm ile 10.48 mm, meyve eninin 19.94 mm ile 12.53 mm arasında değiştiğini bildirmişlerdir. En yüksek meyve en ve boy ölçümlerinin diğer araştırmacıların elde ettiği verilerden daha yüksek olduğu görülmektedir. Genotiplere ait meyve boy ölçümleri Çizelge 4.3'te, en ölçümleri ise Çizelge 4.4'te yer almaktadır

Çizelge 4.3. Meyve boyu (mm)

Genotip	Meyve Boyu (mm)	Genotip	Meyve Boyu (mm)
5 no	14.52 ± 0.38 qrst	57-1	10.57 ± 0.13 h1ı1
6 No	11.53 ± 0.27 c1d1e1f1	58-1	11.65 ± 0.29 c1d1e1f1
7 No	9.2 ± 0.13 k1	59-1	9.85 ± 0.42 j1
8 No	13.46 ± 0.35 v wx	63-1	12.38 ± 0.27 za1b1
9 No	12.98 ± 0.9 xyz	63-2	15.54 ± 0.14 mno
7-1	8.97 ± 0.13 k1	66-1	16.34 ± 0.25 k
8-1	18.84 ± 0.73 efg	70-1	13.05 ± 0.25 xy
8-5	18.97 ± 0.28 ef	70-2	15.16 ± 0.51 nopq
8-6	15.59 ± 0.13 lmn	72-1	14.29 ± 0.13 rstu
8-7	17.24 ± 0.5 j	72-2	15.19 ± 0.34 nop
16-1	14.25 ± 0.42 stu	81-1	18.25 ± 0.61 ghi
16-4	11.82 ± 0.51 b1c1d1e1	81-2	20.25 ± 0.13 d
16-6	7.98 ± 0.23 l1	81-3	22.05 ± 0.36 c
16-7	11.29 ± 0.4 e1f1g1	88-1	11.97 ± 0.33 a1b1c1d1
17-1	14.53 ± 0.51 qrst	88-2	13.3 ± 0.35 wx
18-1	13.47 ± 0.92 vwx	90-1	14.91 ± 0.6 opqr
18-2	11.62 ± 0.42 c1d1e1f1	90-2	14.32 ± 0.09 rstu
18-7	10.57 ± 0.25 h1ı1	91-1	8.82 ± 0.39 k1
20-1	12.16 ± 0.47 a1b1c1	91-2	13.76 ± 1 uvw
20-2	18.6 ± 0.22 fgh	91-3	11.67 ± 0.55 c1d1e1f1
20-3	15.96 ± 0.05 klm	92-1	14.61 ± 0.18 pqrst
20-4	10.36 ± 0.56 ı1j1	97-1	14.86 ± 0.21 pqrs
37-1	11.42 ± 0.21 d1e1f1g1	97-2	12.59 ± 0.1 yza1
37-2	10.78 ± 0.5 g1h1ı1	99-1	10.59 ± 0.45 h1ı1
40-1-1	18.02 ± 0.39 hı	99-2	16.2 ± 0.86 kl
40-1-2	17.81 ± 0.16 ij	99-3	13.3 ± 0.53 wx
43-1	24.09 ± 0.14 b	99-4	14.42 ± 0.16 rst
45-1	11.09 ± 0.27 f1g1h1	99-5	13.42 ± 0.36 wx
46-1-1	14.26 ± 0.56 stu	Bin. E.	34.08 ± 0.6 a
46-1-2	14.08 ± 0.25 tuv	Ban. 1	6.7 ± 0.25 m1
50-1	23.79 ± 0.41 b	Ban. 2	7.04 ± 0.19 m1
50-2	23.26 ± 0.25 b	Hün. 1	18.57 ± 0.2 e
55-1	17.74 ± 0.08 ij	Hün. 2	33.93 ± 0.16 a
56-1	11.31 ± 0.45 e1f1g1	Hün. 3	24.31 ± 8.38 e

*Aynı sütunda aynı harf ile temsil edilen ortalamalar arasındaki fark 0.05 düzeyinde önemli değildir.

Çizelge 4.4. Meyve eni (mm)

Genotip	Meyve Eni (mm)	Genotip	Meyve Eni (mm)
5 No	12,34 ±0,14 y	57-1	10.21 ±0.44 b1
6 No	9.76 ±0.18 b1c1d1	58-1	11.25 ±0.33 a1
7 No	9.15 ±0.06 d1e1f1	59-1	8.79 ±0.46 f1
8 No	15.29 ±0.43 rstu	63-1	9.39 ± 0.36 c1d1e1f1
9 No	15.32 ±0.25 rstu	63-2	18.36 ±0.02 l
7-1	7.54 ±0.18 g1h1	66-1	18.56 ±0.24 kl
8-1	22.02 ±0.7 gh	70-1	13.28 ±0.36 x
8-5	22.13 ±0.36 g	70-2	17.22 ±0.45 no
8-6	15.96 ±0.37 pqrs	72-1	18.93 ±0.7 jkl
8-7	20.81 ±0.95 i	72-2	19.57 ±0.48 j
16-1	15.93 ±0.69 pqrs	81-1	21.35 ±0.47 h1
16-4	12.5 ±0.69 y	81-2	23.2 ±0.68 f
16-6	6.84 ±0.13 h1i1	81-3	27.47 ±0.73 e
16-7	12.11 ±0.85 yz	88-1	12.44 ±0.57 y
17-1	17.22 ±0.97 no	88-2	13.97 ±0.85 wx
18-1	15.37 ±0.26 qrst	90-1	16.65 ±0.41 op
18-2	13.29 ±0.43 x	90-2	14.96 ±0.23 tuv
18-7	9.36 ± 0.11 c1d1e1f1	91-1	7.73 ±0.16 g1
20-1	13.93 ±0.65 wx	91-2	15.58 ±0.32 qrst
20-2	19.16 ±0.43 jk	91-3	11.16 ±0.59 a1
20-3	18.24 ±0.17 lm	92-1	15.38 ±0.46 qrst
20-4	11.48 ±0.25 za1	97-1	14.29 ±0.27 vw
37-1	11.4 ±0.39 za1	97-2	14.19 ±0.4 w
37-2	10.05 ±0.34 b1c1	99-1	9.65 ± 0.24 b1c1d1e1
40-1-1	21.13 ±0.26 i	99-2	18.28 ±0.73 lm
40-1-2	20.81 ±0.16 i	99-3	15.2 ±0.52 stu
43-1	29.43 ±0.15 d	99-4	15.87 ±0.69 qrs
45-1	8.96 ±0.07 e1f1	99-5	14.56 ±0.38 uvw
46-1-1	15.58 ±0.38 qrst	Bin. E.	37.18 ±0.61 a
46-1-2	16.03 ±0.49 pqr	Ban. 1	5.57 ±0.09 j1
50-1	30.11 ±0.73 cd	Ban. 2	6.68 ±0.03 i1
50-2	30.33 ±0.64 c	Hün. 1	16.11 ±0.07 pq
55-1	19.82 ±1.55 i	Hün. 2	31.44 ±0.63 b
56-1	9.48 ±0.54 b1c1d1e1f1	Hün. 3	17.56 ±0.37 mn

*Aynı sütunda aynı harf ile temsil edilen ortalamalar arasındaki fark 0.05 düzeyinde önemli değildir.

4.2.3. Çekirdek ağırlığı (g)

Çizelge 4.5'te verilen genotiplere ait meyve çekirdek ağırlığı verilerine göre, genotipler arasında çekirdek ağırlığı bakımından istatistiksel açıdan önemli farklılıklar görülmüştür ($P<0.05$). Alıç genotipleri arasında çekirdek ağırlıkları bakımından en yüksek değerler 1.77 g ile 50-1 (*C. orientalis*) ve 1.74 g ile 50-2 nolu (*C. orientalis*) genotiplerden elde edilirken, en düşük değerler 0.07 g ile 7-1 (*C. monogyna*), 0.1 g ile 45-1 (*C. sinacia*), 57-1 (*C. monogyna*), 56 -1 nolu (*C. microphylla*) ve 99-1 (*C. monogyna*) nolu genotiplerden elde edilmiştir.

Farklı araştırmacılar tarafından yapılan çalışmalarda, alıç meyvelerine ait çekirdek ağırlıklarının 0.13 g ile 0.75 g (Gündoğdu ve ark, 2014), 0.32 g ile 0.9 g (Balta ve ark. 2015), ve 0.1 g ile 1.2 g (Gürten, 2020) arasında değiştiği bildirilmiştir. Elde edilen sonuçların, diğer araştırmacıların verileriyle uyumlu olduğu görülmektedir.

Çizelge 4.5. Meyve çekirdek ağırlığı (g)

Genotip	Çekirdek Ağırlığı (g)	Genotip	Çekirdek Ağırlığı (g)
5 no	0.2 ± 0 klm	57-1	0.1 ± 0 hijk
6 No	0.16 ± 0.02 klmno	58-1	0.3 ± 0.1 klm
7 No	0.2 ± 0.1 klm	59-1	0.2 ± 0 klm
8 No	0.4 ± 0 ghij	63-1	0.2 ± 0 klm
9 No	0.53 ± 0.12 fg	63-2	0.6 ± 0.17 ef
7-1	0.07 ± 0.01 mno	66-1	0.6 ± 0 ef
8-1	0.6 ± 0.1 ef	70-1	0.2 ± 0.1 klm
8-5	0.7 ± 0 de	70-2	0.63 ± 0.12 ef
8-6	0.8 ± 1 d	72-1	1.13 ± 0.12 c
8-7	0.7 ± 0.17 de	72-2	0.8 ± 0 d
16-1	0.4 ± 0 ghij	81-1	0.8 ± 0 d
16-4	0.3 ± 0 hijk	81-2	0.73 ± 0.12 de
16-6	0.3 ± 0 hijk	81-3	0.7 ± 0.2 de
16-7	0.29 ± 0.02 ijkl	88-1	0.5 ± 0.1 fg
17-1	0.4 ± 0.1 ghij	88-2	0.7 ± 0.1 de
18-1	0.6 ± 0.1 ef	90-1	0.7 ± 0.1 de
18-2	0.5 ± 0 fg	90-2	0.5 ± 0 fg
18-7	0.18 ± 0.01 klmn	91-1	0.3 ± 0 hijk
20-1	0.3 ± 0 hijk	91-2	0.6 ± 0 ef
20-2	0.7 ± 0.17 de	91-3	0.25 ± 0.01 kl
20-3	0.3 ± 0 hijk	92-1	0.7 ± 0.17 de

Çizelge 4.5'in devamı.

Genotip	Çekirdek Ağırlığı (g)	Genotip	Çekirdek Ağırlığı (g)
20-4	0.3 ± 0 hijk	97-1	0.4 ± 0.1 ghij
37-1	0.5 ± 0.1 fg	97-2	0.2 ± 0 klm
37-2	0.3 ± 0 hijk	99-1	0.1 ± 0 mno
40-1-1	0.45 ± 0.01 g	99-2	0.3 ± 0.17 hijk
40-1-2	0.44 ± 0.01 g	99-3	0.4 ± 0.1 ghij
43-1	0.6 ± 0 ef	99-4	0.26 ± 0.04 jkl
45-1	0.1 ± 0.01 mno	99-5	0.2 ± 0.17 klm
46-1-1	0.44 ± 0.09 gh	Bingöl	0.3 ± 0.1 hijk
46-1-2	0.43 ± 0.05 ghi	Bannazı 1	0.03 ± 0 o
50-1	1.77 ± 0.07 b	Bannazı 2	0.65 ± 0 no
50-2	1.74 ± 0.08 b	Hünnap 1	1.24 ± 0.09 c
55-1	0.7 ± 0.2 de	Hünnap 2	3.78 ± 0.1 a
56-1	0.1 ± 0 mno	Hünnap 3	1.23 ± 0.54 c

* Aynı sütunda aynı harf ile temsil edilen ortalamalar arasındaki fark 0.05 düzeyinde önemli değildir.

4.2.4. Meyve Et/Çekirdek Oranı (%)

Meyve et/çekirdek oranları bakımından genotipler arasında istatistiksel bakımından önemli farklılıklar bulunmuştur. Çizelge 4.6'da yer almaktadır. Meyve et/çekirdek oranı bakımından en yüksek değerler % 92 ile 81-2 (*C. azorolus*) ve 81-3 nolu (*C. azorolus*) genotiplerden, en düşük değerler ise % 59.67 ile 37-2 nolu (*C. pentagyna*) ve 57-1 nolu (*C. monogyna*) genotiplerden belirlenmiştir.

Türkoğlu ve ark (2004), meyve et/çekirdek oranının *C. orientalis* türüne ait genotiplerde % 75.92 ile % 91.82, *C. monogyna* ait genotiplerde % 73.03 ile % 84, 48 arasında değiştiğini, Yavıç ve ark (2016), alıç genotiplerine ait meyve eti oranının % 77.86 ile % 85.99 arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Türlerle göre meyve et çekirdek oranlarının *C. aronia* türünde % 85.22 ile % 80.50, *C. pontica* türünde % 80.95 ile % 76.62, *C. meyeri* türünde % 74.29 ile % 72.6 arasında değiştiğini bildirmişlerdir.

Çizelge 4.6. Meyve et/çekirdek oranı

Gen.	Meyve/Et Çek.Oranı (%)	Gen.	Meyve/Et Çek.Oranı (%)
5 no	91.31 ± 0.58 bc	57-1	59.67 ± 10.97 d1
6 No	74.33 ± 5.03 vwxyz	58-1	81.67 ± 2.08 ijklmnopqrst
7 No	78 ± 11 opqrstuvwxyz	59-1	73 ± 0 xyz
8 No	77.67 ± 1.53 pqrstuvwxyz	63-1	77.33 ± 1.56 rstuvwxyz
9 No	74.33 ± 6.81 vwxyz	63-2	84 ± 4.36 efghijklmno
7-1	83.67 ± 2.89 fghijklmnop	66-1	87.67 ± 0.58 bcdefghi
8-1	90 ± 1 bcde	70-1	86.67 ± 5.03 bcdefghij
8-5	86.67 ± 0.58 bcdefghij	70-2	80.67 ± 4.73 jklmnopqrstu
8-6	76.33 ± 3.21 stuvwxyz	72-1	79.33 ± 2.52 lmnopqrstuvw
8-7	87.67 ± 3.29 bcdefghi	72-2	83.33 ± 0.58 fghijklmnopq
16-1	84.33 ± 1.53 defghijklmn	81-1	91.33 ± 0.58 bc
16-4	83.33 ± 0.58 fghijklmnopq	81-2	92 ± 1 b
16-6	83.33 ± 1.53 fghijklmnopq	81-3	92 ± 2 b
16-7	75 ± 1 uvwxyz	88-1	65 ± 6 b1c1d1
17-1	88.67 ± 2.52 bcdefg	88-2	61.67 ± 4.04 c1d1
18-1	73.67 ± 5.51 wxyz	90-1	74.67 ± 4.73 uvwxyz
18-2	75 ± 1 uvwxyz	90-2	66.33 ± 1.53 a1b1c1
18-7	80 ± 4.36 klmnopqrstuv	91-1	75.67 ± 0.58 tuvwxzy
20-1	84.67 ± 1.15 defghijklm	91-2	77.33 ± 2.08 rstuvwxyz
20-2	86 ± 3.46 bcdefghijk	91-3	79.33 ± 0.58 lmnopqrstuvw
20-3	91.33 ± 0.58 bc	92-1	78.67 ± 4.93 mnopqrstuvw
20-4	72.33 ± 4.16 yza1	97-1	78.67 ± 5.51 mnopqrstuvw
37-1	69.67 ± 8.14 za1b1	97-2	89 ± 0 bcdef bcdef
37-2	59.67 ± 5.77 d1	99-1	88 ± 1.73 bcdefgh
40-1-	91 ± 0 bc	99-2	88.67 ± 6.66 bcdefg
40-1-	91.67 ± 0.58 b	99-3	85.33 ± 4.04 cdefghijkl
43-1	90.33 ± 0.58 bcd	99-4	86.67 ± 2.08 bcdefghij
45-1	84.33 ± 1.15 defghijklmn	99-5	90 ± 8.66 bcde
46-1-	83.67 ± 3.51 fghijklmnop	Bing	98.67 ± 0.58 a
46-1-	83 ± 1.73 fghijklmnopqr	B.1.	83 ± 0 fghijklmnopqr
50-1	87 ± 0 bcdefghi	B.2.	75 ± 0 uvwxyz
50-2	87.33 ± 0.58 bcdefghi	H.1.	78.33 ± 1.15 nopqrstuvwxyz
55-1	82.67 ± 5.03 ghijklmnopqr	H.2.	85.33 ± 0.58 cdefghijkl
56-1	82.33 ± 3.21 hijklmnopqrs	H.3.	77 ± 1 rstuvwxyz

*Aynı sütunda aynı harf ile temsil edilen ortalamalar arasındaki fark 0.05 düzeyinde önemli değildir.

4.2.5. Meyve Rengi

Araştırmada yer alan genotiplerin renk analiz sonuçları değerlendirildiğinde, istatistiksel açıdan önemli farklar belirlenmiştir ($P<0.05$). Çizelge 4.7’de L^* değerleri, 4.8’de a^* değerleri ve 4.9’da b^* değerleri sunulmuştur.

Minolta L^* değeri en yüksek sırasıyla 76.42 ile 16-4 nolu (*Crataegus* spp.) ve 75.62 ile 16-1 (*Crataegus aronia*) nolu genotiplerden elde edilirken, en düşük değerler 14,15 ile 7-1 (*C.monogyna*) ve 18.9 ile 16-6 (*Crataegus* spp.) nolu genotiplerden elde edilmiştir. L^* değeri yüksek genotiplerin diğer alıç genotiplerinden daha parlak olduğu belirlenmiştir.

Minolta a^* değerleri en yüksek 45.72 ile 70-2 (*C. monogyna*) nolu genotipte, en düşük ise -8.01 ile 17-1 (*C. aronia*) nolu genotiplerde belirlenmiştir.

Minolta b^* değerleri ise en yüksek 39.44 ile 8-6 nolu (*Crataegus* spp.) 38.27 ile 72-2 nolu (*C. orientalis*) genotiplerde, en düşük değerler ise 0.12 ile 37-1, 37-2 nolu (*C. pentagyna*.) ve 3.29 ile 56-1 nolu (*C. orientalis*) genotiplerde tespit edilmiştir.

Li ve ark (2015), alıç meyvelerinin olgunlaşma periyodu boyunca renk değişimlerini araştırmışlar ve meyve yüzey renginin yeşilden parlak kırmızıya dönüştüğünü, $L^*a^*b^*$ değerlerinin hızlı bir şekilde değiştiğini bildirmişlerdir. Olgunlaşma periyodu boyunca L^* değerinin 54.65’den 33.52’ye, a^* değerinin 11.55’den 17.25’e, b^* değerinin 17.22’den 14.42’ye değiştiğini bildirmişlerdir. Alirezalu (2020), farklı alıç türleri ile yaptığı çalışmada, *C. monogyna* türünün L^* değerinin 7.37, a^* değerinin 33.95, b^* değerinin 12.55 *C. pentagyna* türünün L^* değerinin 0.17, a^* değerinin 0.36, b^* değerinin 0.14 olduğunu bildirmiştir. Gürten (2020), *C. monogyna* türünün L^* değerinin 36.08 ile 23.98, a^* değerinin 41.94 ile 27.8 ve b^* değerinin 23.09 ile 7.06 arasında değiştiğini belirlemiştir. Çalışmamızda yer alan alıç genotiplerinin meyvelerine ait renk analiz değerlerinin, araştırmacıların çalışmalarıyla uyumlu olduğu, tür ve genotiplere göre renk analiz sonuçlarının büyük değişkenlik gösterdiği belirlenmiştir.

Çizelge 4.7. L* değeri

Genotip	L* Değeri	Genotip	L* Değeri
5 No	30.63 ± 2.42 xyza1	57-1	23.87 ± 1.58 e1f1g1h1
6 No	27.05 ± 5.29 b1c1d1e1	58-1	25.42 ± 1.9 d1e1f1g1
7 No	27.47 ± 4.5 a1b1c1d1	59-1	22.56 ± 1.62 f1g1h1
8 No	35.36 ± 5.47 wxy	63-1	27.55 ± 1.12 za1b1c1d1
9 No	35.36 ± 5.47 stuv	63-2	70.98 ± 1.11 cdefg
7-1	14.15 ± 3.15 j1	66-1	72.01 ± 0.49 cd
8-1	59.34 ± 2.06 mn	70-1	30.32 ± 2.02 xyza1b1
8-5	61.88 ± 0.74 klm	70-2	36.67 ± 2.31 st
8-6	61.36 ± 2.69 m	72-1	71.86 ± 1.28 cde
8-7	68.29 ± 2.35 fghi	72-2	71.12 ± 2.32 cdefg
16-1	75.62 ± 1.68 ab	81-1	71.65 ± 0.71 cde
16-4	76.42 ± 1.84 a	81-2	67.27 ± 2.09 hij
16-6	18.9 ± 4.35 ı1	81-3	72.08 ± 2.93 cd
16-7	71.31 ± 1.57 cdef	88-1	65.63 ± 2.79 ij
17-1	74.24 ± 1.05 abc	88-2	68.67 ± 1.11 efghi
18-1	65.92 ± 0.86 ij	90-1	57.8 ± 1.22 no
18-2	55.78 ± 0.35 o	90-2	64.91 ± 1.57 jkl
18-7	29.33 ± 0.83 yza1b1c1	91-1	22.95 ± 1.17 f1g1h1
20-1	30.16 ± 2.49 xyza1b1	91-2	61.8 ± 1.6 lm
20-2	72.26 ± 1.09 cd	91-3	25.74 ± 0.7 d1e1f1
20-3	59.71 ± 3.89 mn	92-1	47.94 ± 1.19 pq
20-4	32.53 ± 2.15 vwxy	97-1	30.28 ± 0.72 xyza1b1
37-1	21.77 ± 0.7 h1ı1	97-2	67.83 ± 1.75 ghij
37-2	22.23 ± 2.1 g1h1	99-1	30.83 ± 1.21 wxyz
40-1-1	35.89 ± 1.09 stu	99-2	50.9 ± 2.47 p
40-1-2	37.94 ± 0.7 s	99-3	29.63 ± 1.74 yza1b1c1
43-1	69.24 ± 1.04 defgh	99-4	45.55 ± 1.9 qı
45-1	27.34 ± 1 a1b1c1d1e1	99-5	42.75 ± 1.01 r
46-1-1	34.1 ± 0.84 tuvw	Bin. E.	72.53 ± 2.01 bcd
46-1-2	34.11 ± 0.23 tuvw	Ban. 1	26.75 ± 2.48 c1d1e1
50-1	64.91 ± 0.4 jkl	Ban. 2	30.32 ± 2.46 xyza1b1
50-2	65.4 ± 0.62 ıjk	Hün. 1	31.43 ± 0.49 wxy
55-1	73.32 ± 1.65 abc	Hün. 2	33.19 ± 1.06 uvwx
56-1	25.71 ± 1.15 d1e1f1	Hün. 3	31.48 ± 1.49 wxy

*Aynı sütunda aynı harf ile temsil edilen ortalamalar arasındaki fark 0.05 düzeyinde önemli değildir.

Çizelge 4.8. a* değeri

Genotip	a* değeri	Genotip	a* değeri
5 no	36.55 ± 1 cdefg	57-1	24.26 ± 1.73 mno
6 No	37.78 ± 1.51 bcdef	58-1	27.8 ± 1.78 kl
7 No	34.96 ± 2.46 fghi	59-1	22.13 ± 1.69 nop
8 No	29.95 ± 2.03 k	63-1	40.4 ± 1.45 b
9 No	28.16 ± 1.98 kl	63-2	1.17 ± 0.56 a1b1c1d1
7-1	16.05 ± 1.92 q	66-1	2.24 ± 0.36 za1b1c1
8-1	22.78 ± 1.94 mnop	70-1	38.1 ± 2.59 bcde
8-5	19.89 ± 0.66 p	70-2	45.72 ± 0.97 a
8-6	7.24 ± 0.53 vwx	72-1	8.32 ± 0.99 uvw
8-7	14.66 ± 0.27 q	72-2	8.96 ± 0.77 tuv
16-1	1.04 ± 0.07 a1b1c1d1	81-1	0.01 ± 0.31 c1d1
16-4	-4.21 ± 0.24 e1f1	81-2	0.23 ± 0.16 b1c1d1
16-6	16.44 ± 0.96 q	81-3	1.46 ± 0.63 za1b1c1d1
16-7	3.18 ± 0.31 yza1b1	88-1	0.46 ± 0.13 a1b1c1d1
17-1	-8.01 ± 0.98 g1	88-2	1.33 ± 2.32 za1b1c1d1
18-1	5.67 ± 0.7 wxy	90-1	23.09 ± 0.93 mno
18-2	13.5 ± 0.95 qrs	90-2	0.65 ± 1.48 stu
18-7	36.92 ± 0.4 cdefg	91-1	30.41 ± 2.72 jk
20-1	22.13 ± 2.31 nop	91-2	11.5 ± 1.08 rst
20-2	21.37 ± 0.86 op	91-3	28.98 ± 0.78 k
20-3	4.28 ± 1.46 xyz	92-1	33.13 ± 2.11 ij
20-4	36.28 ± 2.63 defgh	97-1	33.2 ± 1.74 ij
37-1	3.24 ± 0.86 yza1b1	97-2	0.49 ± 1.14 yza1
37-2	16.53 ± 0.74 q	99-1	35.21 ± 1.56 defghi
40-1-1	38.14 ± 1.72 bcd	99-2	33.13 ± 0.97 ij
40-1-2	35.03 ± 0.82 efghi	99-3	29.32 ± 3.11 k
43-1	-5.78 ± 1.19 f1g1	99-4	33.42 ± 1.52 hij
45-1	34.39 ± 2.52 ghi	99-5	39.6 ± 1.27 bc
46-1-1	8.71 ± 0.07 tuvw	Bin. E.	1.15 ± 3.5 a1b1c1d1
46-1-2	7.57 ± 0.4 uvw	Ban. 1	24.6 ± 1.53 mn
50-1	-1.15 ± 5.56 d1e1	Ban. 2	25.82 ± 1.05 lm
50-2	-5.49 ± 0.26 f1g1	Hün. 1	10.6 ± 8.71 stu
55-1	3.28 ± 0.53 yza1b1	Hün. 2	14.42 ± 0.6 qr
56-1	10.51 ± 1.23 stu	Hün. 3	15.44 ± 0.94 q

* Aynı sütunda aynı harf ile temsil edilen ortalamalar arasındaki fark 0.05 düzeyinde önemli değildir.

Çizelge 4.9. b* değeri

Genotip	b*	Genotip	b*
5 no	11.84 ± 1.41 stuvw	57-1	5.27 ± 0.85 za1b1
6 No	12.07 ± 2.32 rstuvw	58-1	6.4 ± 0.88 yza1
7 No	10.6 ± 1.2 vwx	59-1	4.14 ± 0.42 a1b1
8 No	14.32 ± 1.79 opqr	63-1	11.56 ± 0.93 stuvw
9 No	12.3 ± 0.45 qrstuvw	63-2	37.13 ± 1.21 abcd
7-1	5 ± 0.4 a1b1	66-1	35.48 ± 0.7 cdef
8-1	6.28 ± 1.22 yza1	70-1	11.85 ± 1.15 stuvw
8-5	34.24 ± 0.77 f	70-2	17.23 ± 1 n
8-6	39.44 ± 0.15 a	72-1	37.91 ± 1.48 abc
8-7	31.28 ± 0.5 g	72-2	38.27 ± 1.75 ab
16-1	37.48 ± 1.78 abc	81-1	35.51 ± 1.16 cdef
16-4	37.19 ± 0.07 abcd	81-2	34 ± 0.51 f
16-6	5.15 ± 0.23 za1b1	81-3	36.74 ± 1.4 bcde
16-7	37.56 ± 1.74 abc	88-1	30.63 ± 1.82 gh
17-1	35.64 ± 0.54 cdef	88-2	34.33 ± 0.78 ef
18-1	37.03 ± 0.29 abcd	90-1	29.84 ± 1.18 ghı
18-2	28.35 ± 3.52 hij	90-2	34.87 ± 0.92 def
18-7	11.43 ± 0.12 tuvw	91-1	8.56 ± 1.08 xy
20-1	12.13 ± 0.92 rstuvw	91-2	31.27 ± 0.57 g
20-2	16.17 ± 1.99 no	91-3	7.47 ± 0.59 yz
20-3	26.18 ± 1.47 jk	92-1	21.69 ± 0.75 lm
20-4	13.15 ± 1.03 pqrstu	97-1	11.32 ± 0.88 tuvw
37-1	0.12 ± 0.02 b1	97-2	34.34 ± 1.06 ef
37-2	4.79 ± 0.32 a1b1	99-1	12.05 ± 0.88 rstuvw
40-1-1	13.87 ± 2.12 opqrs	99-2	24.03 ± 0.98 kl
40-1-2	13.75 ± 1.05 opqrst	99-3	10.78 ± 1.04 uvwx
43-1	28.96 ± 0.7 ghı	99-4	20.57 ± 0.9 m
45-1	27.67 ± 0.44 ij	99-5	24.16 ± 2.07 k
46-1-1	15.38 ± 0.44 nop	Bin. E.	30.03 ± 3.4 ghı
46-1-2	14.59 ± 0.24 opq	Ban. 1	10 ± 1.81 wx
50-1	27.67 ± 0.37 ij	Ban. 2	12.14 ± 0.63 rstuvw
50-2	27.67 ± 0.44 ij	Hün. 1	12.43 ± 0.53 qrstuvw
55-1	36.28 ± 1.57 bcdef	Hün. 2	12.9 ± 7.25 qrstuv
56-1	3.29 ± 0.45 b1	Hün. 3	12.72 ± 0.83 qrstuv

* Aynı sütunda aynı harf ile temsil edilen ortalamalar arasındaki fark 0.05 düzeyinde önemli değildir.

4.3. Kimyasal Analizler

Çalışmada yer alan 62 alıç, 3 elma ve 3 hünnap genotipine ait meyve örneklerinde kimyasal analizler yapılmıştır. Meyve temin edilemeyen 3 alıç genotipinde analizler gerçekleştirilememiştir. Kimyasal analizlerde taze meyveler kullanılıp, analizler 3 tekerrürlü yapılmıştır. Bu kapsamda pH, suda çözülür kuru madde (%), titre edilebilir asitlik (%), C vitamini (mg/100g), toplam fenolik madde miktarı (mg GAE/100), şeker bileşenleri (g/100 g) ve fenolik bileşenler (mg/100 g) analizleri yapılmıştır.

4.3.1. pH, Suda Çözülür Kuru Madde (%), Titre Edilebilir Asitlik (%) Analizleri

İncelenen genotiplerde, pH, suda çözünür kuru madde (%), titre edilebilir asitlik (%) değerleri analiz edilmiş ve değerlendirilen üç parametrede de farklılıklar istatistiksel açıdan önemli bulunmuştur.

Alıç genotipleri içerisinde en yüksek pH değerleri 4.28 ile 91-1 nolu (*C. spp.*), 4.17 ile 16-6 nolu (*Crataegus spp.*) genotiplerde tesbit edilmiştir. En düşük değerler ise, 2.96 ile 50-1 nolu (*C.orientalis*), 3.04 ile 50-2 nolu (*C.orientalis*) ve 81-2 nolu (*C. azorolus*) genotiplerinde belirlenmiştir.

Alıç genotipleri arasında SÇKM değerleri %22,40 brix ile %5,20 brix aralığında değişmektedir. En yüksek değerler %22.40 brix ile 91-1 nolu (*Crataegus spp.*), % 22.13 brix ile 16- 6 nolu (*Crataegus spp.*) genotiplerde ölçülürken, en düşük değerler %5.20 brix ile 56-1 nolu (*C. microphylla*), % 5.61 brix ile 99-3 nolu (*C. longipes*) genotiplerde ölçülmüştür.

Alıç genotipleri arasında en yüksek titre edilebilir asitlik değerleri % 2.2 ile 90-1 nolu (*C. monogyna*), % 2.09 ile 97-2 nolu (*C. azorolus*) genotiplerde, en düşük değerler ise % 0.12 ile 7 nolu (*C. monogyna*), % 0.15 ile 57-1 nolu (*C. monogyna*) genotiplerde kaydedilmiştir.

Araştırmada yer alan elma genotiplerinde. pH, SÇKM ve titre edilebilir asitlik değerleri sırasıyla 2.8-3.71, % 9.6 - 13.3 brix ve % 0.86 -% 1.1 aralığında,

hünnap genotiplerinde ise bu değerler 4.18-4.6, % 22.27-% 27.6 brix ve % 0.26- % 0.3 aralığında yer almıştır.

Yanar (2011), alıç genotipleri ile yaptığı çalışmada, en yüksek pH değerini 3.62 ile *C. monogyna* türünde, en düşük pH değerini ise 2.82 ile *C. aronia* türünde, en yüksek SÇKM değerlerini % 16 brix ile *C. aronia* var. *dentata* ve *C. aronia* var. *aronia* türlerinde, en düşük SÇKM değerlerini ise % 6.40 brix ile *C. orientalis* var. *orientalis* türleri arasında ölçmüştür. Mraihi ve ark (2015), *C. azarolus* türüne ait genotiplerde pH değerinin 4.2 ile 3.2, titre edilebilir asit oranının % 1.9 ile % 0.9, suda çözünür kuru madde miktarının % 21.8 brix ile % 16.3 brix arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Alirezalu ve ark (2020), farklı alıç türleri ile yaptıkları çalışmada, *C.pentoyna* türünde pH değerinin 3.07, titre edilebilir asitlik değerinin % 0.75, SÇKM değerinin % 14.99 brix, *C. monogyna* türünde pH değerinin 3.07, titre edilebilir asitlik değerinin % 0.97, SÇKM değerinin % 19.58 brix, *C. meyeri* türünde, pH değerinin 3.93, titre edilebilir asitlik değerinin % 0.98, SÇKM değerinin % 19.65 brix ve *C. orientalis* türünde pH değerinin 3.03, titre edilebilir asitlik değerinin % 0.77, SÇKM değerinin % 15.15 brix olduğunu belirtmişlerdir. Ayrıca, sarı renkli meyvelere sahip olan genotiplerde SÇKM değerlerinin daha yüksek olduğunu bildirmişlerdir. Farklı araştırmacıların yaptıkları çalışmaların sonuçları ile bu tez çalışmasında elde ettiğimiz pH, SÇKM ve titre edilebilir asitlik analiz verilerinin uyumlu olduğu görülmektedir. pH, SÇKM ve titre edilebilir asitlik değerlerinin türler arasında, aynı türün farklı genotipleri arasında büyük değişkenlik gösterdiği belirlenmiş ve genotip, ekolojik koşulların etkili olduğu düşünülmüştür. pH, SÇKM ve titre edilebilir asitlik verileri Çizelge 4.10.,4.11. ve 4.12.'de sunulmuştur.

Çizelge 4.10. Genotiplere ait pH değerleri

Genotip	pH		Genotip	pH		
5 no	3.6	± 0.02 ijk	57-1	4	± 0.01 d	
6 No	3.77	± 0.01 efg	58-1	3.23	± 0.01 tuvw	
7 No	3.78	± 0.01 efg	59-1	4.01	± 0.01 d	
8 No	3.49	± 0.02 lmn	63-1	4.01	± 0.02 d	
9 No	3.5	± 0.02 klm	63-2	3.36	± 0.53 opqrs	
7-1	3.45	± 0.01 mno	66-1	3.26	± 0.02 stuvw	
8-1	3.06	± 0.01 b1	70-1	3.82	± 0.02 ef	
8-5	3.07	± 0.01 b1	70-2	3.3	± 0.01 qrstu	
8-6	3.46	± 0.01 mno	72-1	3.11	± 0.02 yza1b1	
8-7	3.22	± 0.01 tuvw	72-2	3.1	± 0.02 za1b1	
16-1	3.07	± 0.22 a1b1	81-1	3.32	± 0.01 qrstu	
16-4	3.22	± 0.01 uvwxy	81-2	3.04	± 0.06 b1c1	
16-6	4.17	± 0.02 c	81-3	3.82	± 0.01 e	
16-7	3.33	± 0.01 pqrst	88-1	3.7	± 0.02 ghi	
17-1	3.21	± 0.02 uvwxy	88-2	3.42	± 0.02 mnop	
18-1	3.43	± 0.01 mnop	90-1	3.19	± 0.01 wxyz	
18-2	3.29	± 0.01 rstuvw	90-2	3.32	± 0.01 qrstu	
18-7	3.99	± 0.03 d	91-1	4.28	± 0.02 b	
20-1	3.4	± 0.01 mnopq	91-2	3.33	± 0.02 pqrst	
20-2	3.25	± 0.03 tuvw	91-3	3.71	± 0.01 g	
20-3	3.39	± 0.04 nopqr	92-1	3.3	± 0.01 rstuv	
20-4	3.46	± 0.02 mno	97-1	3.6	± 0.01 hijk	
37-1	3.22	± 0.01 tuvw	97-2	3.28	± 0.01 stuvw	
37-2	3.74	± 0.01 efg	99-1	3.7	± 0.02 ghi	
40-1-1	3.2	± 0.01 vwxyz	99-2	3.3	± 0.01 rstuv	
40-1-2	3.22	± 0.03 tuvw	99-3	3.45	± 0.01 mno	
43-1	3.44	± 0.03 mno	99-4	3.25	± 0.01 tuvw	
45-1	3.39	± 0.02 nopq	99-5	3.59	± 0.01 jkl	
46-1-1	3.26	± 0.02 stuvw	Bin. E.	2.8	± 0.01 d1	
46-1-2	3.17	± 0.01 xyza1	Ban. 1	3.71	± 0.02 fg	
50-1	2.96	± 0.02 c1	Ban. 2	3.43	± 0.02 mno	
50-2	3.04	± 0.02 b1c1	Hün. 1	4.18	± 0.01 bc	
55-1	3.11	± 0.02 za1b1	Hün. 2	4.6	± 0.01 a	
56-1	3.69	± 0.02 ghij	Hün. 3	4.22	± 0.01 bc	

*Aynı sütunda aynı harf ile temsil edilen ortalamalar arasındaki fark 0.05 düzeyinde önemli değildir.

Çizelge 4.11. Genotiplere ait suda çözünür kuru madde değerleri (%)

Genotip	SÇKM (%)	Genotip	SÇKM (%)
5 no	10.9 ± 0.23 opqr	57-1	9.6 ± 1.39 tuvw
6 No	12.8 ± 0.4 klm	58-1	11.47 ± 0.23 nop
7 No	7.2 ± 0.8 a1b1c1	59-1	10.93 ± 1.22 opqr
8 No	6.4 ± 0 c1d1	63-1	15.6 ± 0.4 fg
9 No	6.8 ± 0.4 b1c1	63-2	10.13 ± 0.23 rst
7-1	8 ± 0.8 yza1	66-1	10 ± 0.4 rstu
8-1	10.67 ± 0.83 pqrs	70-1	18.53 ± 1.01 c
8-5	8.4 ± 0 xyz	70-2	9.73 ± 0.23 stuv
8-6	12.27 ± 0.23 lmn	72-1	14.27 ± 0.23 hı
8-7	6.8 ± 0.8 b1c1	72-2	12.93 ± 0.23 jkl
16-1	10 ± 1.06 rstu	81-1	17.33 ± 0.46 e
16-4	16.27 ± 0.46 f	81-2	14.67 ± 0.83 gh
16-6	22.13 ± 1.67 c	81-3	6.67 ± 0.46 b1c1
16-7	9.07 ± 0.61 uvwx	88-1	15.6 ± 0.4 fg
17-1	10.53 ± 0.23 pqrst	88-2	17.47 ± 0.23 e
18-1	13.73 ± 1.4 hijk	90-1	13.87 ± 0.23 hij
18-2	10.93 ± 0.23 opqr	90-2	8.8 ± 0.8 vwxy
18-7	11.73 ± 0.23 no	91-1	22.4 ± 0.8 c
20-1	9.6 ± 0.8 tuvw	91-2	9.73 ± 0.61 stuv
20-2	10.53 ± 0.23 pqrst	91-3	10.93 ± 0.46 opqr
20-3	9.73 ± 0.61 stuv	92-1	8.53 ± 0.46 xyz
20-4	11.47 ± 0.23 nop	97-1	6.93 ± 0.46 b1c1
37-1	16 ± 0.4 f	97-2	16.53 ± 0.23 ef
37-2	7.6 ± 0 za1b1	99-1	8.27 ± 0.92 xyz
40-1-1	10.67 ± 0.23 pqrs	99-2	13.6 ± 0.8 ijk
40-1-2	11.47 ± 0.61 nop	99-3	5.61 ± 1.37 d1e1
43-1	10.93 ± 0.61 opqr	99-4	11.2 ± 0.4 opq
45-1	7.6 ± 0 za1b1	99-5	10.4 ± 0.8 qrst
46-1-1	11.87 ± 0.27 mno	Bin. E.	9.6 ± 0.4 tuvw
46-1-2	10 ± 0.4 rstu	Ban. 1	10 ± 0.69 rstu
50-1	8.67 ± 0.83 wxy	Ban. 2	13.33 ± 0.61 ijk
50-2	8.53 ± 0.23 xyz	Hün. 1	24.8 ± 0.8 b
55-1	10.53 ± 0.23 pqrst	Hün. 2	22.27 ± 0.23 c
56-1	5.2 ± 0.4 e1	Hün. 3	27.6 ± 0 a

* Aynı sütunda aynı harf ile temsil edilen ortalamalar arasındaki fark 0.05 düzeyinde önemli değildir.

Çizelge 4.12. Genotiplere ait titre edilebilir asitlik değerleri (%)

Genoti	Asitlik (%)	Genotip	Asitlik (%)
5 no	0.43 ± 0.05	xyza1	57-1 0.15 ± 0.04
6 No	0.46 ± 0.03	wxyz	58-1 0.22 ± 0.02
7 No	0.12 ± 0.01	h1	59-1 0.19 ± 0.03
8 No	0.31 ± 0.04	b1c1d1	63-1 0.32 ± 0.06
9 No	0.51 ± 0.03	uvwx	63-2 1.29 ± 0.06
7-1	0.24 ± 0.03	c1d1e1f1	66-1 0.8 ± 0.03
8-1	0.95 ± 0.08	hij	70-1 0.77 ± 0.03
8-5	0.77 ± 0.03	mno	70-2 0.7 ± 0.06
8-6	0.47 ± 0.07	vwx	72-1 1.91 ± 0.03
8-7	0.47 ± 0.04	vwx	72-2 1.56 ± 0.04
16-1	0.9 ± 0.05	ijk	81-1 0.57 ± 0.08
16-4	2.02 ± 0.08	b	81-2 0.87 ± 0.08
16-6	0.2 ± 0.04	e1f1g1h1	81-3 0.24 ± 0.03
16-7	0.46 ± 0.03	wxyz	88-1 0.78 ± 0.07
17-1	1.27 ± 0.03	ef	88-2 1.23 ± 0.24
18-1	0.9 ± 0.02	ijk	90-1 2.2 ± 0.06
18-2	0.9 ± 0.07	ijk	90-2 0.64 ± 0.06
18-7	0.39 ± 0.04	za1b1	91-1 0.54 ± 0.06
20-1	0.39 ± 0.04	za1b1	91-2 0.91 ± 0.05
20-2	0.62 ± 0.21	qrst	91-3 0.2 ± 0.04
20-3	1.01 ± 0.05	gh	92-1 0.59 ± 0.05
20-4	0.46 ± 0.07	wxyz	97-1 0.24 ± 0.03
37-1	1.53 ± 0.17	d	97-2 2.09 ± 0.03
37-2	0.68 ± 0.06	opqr	99-1 0.33 ± 0.02
40-1-1	0.57 ± 0.03	rstuv	99-2 1.3 ± 0.04
40-1-2	0.74 ± 0.04	nop	99-3 0.3 ± 0.03
43-1	0.5 ± 0.08	uvwxy	99-4 1.22 ± 0.04
45-1	0.27 ± 0.06	c1d1e1f1	99-5 0.4 ± 0.03
46-1-1	0.86 ± 0.06	jklm	Bin. E 0.86 ± 0.06
46-1-2	0.66 ± 0.08	pqrs	Ban. 1 1.11 ± 0.06
50-1	1.34 ± 0.04	e	Ban. 2 0.97 ± 0.06
50-2	0.87 ± 0.07	jklm	Hün. 1 0.27 ± 0.03
55-1	0.92 ± 0.04	hij	Hün. 2 0.26 ± 0.04
56-1	0.34 ± 0.02	a1b1c1	Hün. 3 0.3 ± 0.03

*Aynı sütunda aynı harf ile temsil edilen ortalamalar arasındaki fark 0.05 düzeyinde önemli değildir.

4.3.2. Meyvelerde C vitamin Analizleri (mg/100 g)

Araştırmada yer alan genotipler arasında C vitamini açısından istatistiksel olarak önemli farklılıklar görülmüştür (Çizelge 4.13.). Alıç genotipleri arasında C vitamini değerlerinin 19.1 mg/100 g–0.9 mg/100 g arasında değiştiği belirlenmiştir. En yüksek C Vitamini değerlerine sahip olan alıç genotipleri sırasıyla, 19.1 mg/100 g ile 91-1 nolu (*Crataegus* spp.), 15.4 mg/100 g ile 16-6 nolu (*Crataegus* spp.), 14.9 mg/100 g ile 6 nolu (*C. monogyna*) genotipler olmuşlardır. En düşük değerler ise 0.9 mg/100 g ile 20-3 nolu (*C. azarolus*), 1.0 mg/100 g ile 8-7 nolu (*C. aronia*), 16-1 nolu (*C. aronia*), 90-1 nolu (*C. azarolus*) ve 99-3 nolu (*C. longipes*) genotiplerde kaydedilmiştir. Elma genotipleri arasında C vitamini değerleri 0.81 mg /100 g ile 1.86 mg /100 g, hünnap genotipleri arasında ise 1.86 mg /100 g ile 3.39 mg /100 g arasında değişmiştir.

Alıç türlerinde C vitamini değerlerinin, literatürde geniş bir skalada yer aldığı görülmektedir. Türkoğlu ve ark (2004), alıç türlerinde C vitamini miktarının 86.15 mg/100 g – 15,38 mg/100 g arasında değiştiğini bildirmiştir. Liu ve ark (2010), 16 alıç genotipi ile yaptığı çalışmada, C vitamin değerlerinin 3.86 mg/100 g ile 4.97 mg/100 g arasında değiştiğini belirlemişlerdir. Yapılan diğer çalışmalarda C vitamini içeriği 2.751 mg/100 g ile 8.415 mg/100 g (Mateos ve ark, 2013), 2.681 mg/100 g ile 9.621 mg/100 g (Gürten, 2018) arasında değişmiştir. Yapılan bu tez çalışmasında, alıç genotiplerine ait C vitamini değerlerinin 19.1 mg /100 g – 0.9 mg /100 g değiştiği belirlenmiştir. Elde edilen C vitamini değerlerinin, diğer araştırmacıların verileri ile kıyaslandığı zaman Türkoğlu ve ark (2004)’nın çalışmasına göre daha düşük olduğu, ancak Mateos ve ark (2013), yaptıkları çalışmaya göre daha yüksek olduğu görülmektedir. Bu farklılıkların tür, genotip, farklı iklim, rakım ve yetiştirme koşulları gibi faktörlerden kaynaklandığı düşünülmektedir.

Çizelge 4.13. Genotiplere ait C vitamin değerleri (mg/100 g)

Genotip	C vitamini (mg/100 g)	Genotip	C vitamini (mg/100 g)
5 no	6 ± 1.6 klm	57-1	4.6 ± 0.1 no
6 No	14.9 ± 0.11 e	58-1	4.9 ± 0.3 mn
7 No	2.3 ± 0.3 stuv	59-1	8.0 ± 0.8 h
8 No	1.9 ± 0.3 stuvwxy	63-1	nd
9 No	1.5 ± 0.2 tuvwxy	63-2	nd
7-1	6.2 ± 0.7 jk	66-1	1.3 ± 0.2 uvwxy
8-1	nd	70-1	3.6 ± 0.2 opq
8-5	nd	70-2	nd
8-6	1.4 ± 0.2 uvwxy	72-1	2.3 ± 0.1 stu
8-7	1.0 ± 0.2 yz	72-2	1.2 ± 0.1 vwxy
16-1	1.0 ± 0.1 yz	81-1	9.9 ± 0.1 g
16-4	1.1 ± 0.1 xy	81-2	3.4 ± 0.3 pqr
16-6	15.4 ± 3.7 e	81-3	1.7 ± 0.2 tuvwxy
16-7	1.1 ± 0.1 xy	88-1	1.5 ± 0.1 tuvwxy
17-1	1.3 ± 0.2 uvwxy	88-2	1.5 ± 0.1 tuvwxy
18-1	nd	90-1	1.0 ± 0.2 xyz
18-2	1.8 ± 0.2 tuvwxy	90-2	nd
18-7	nd	91-1	19.1 ± 1.2 c
20-1	1.6 ± 0.1 tuvwxy	91-2	1.2 ± 0.1 vwxy
20-2	nd	91-3	1.5 ± 0.1 tuvwxy
20-3	0.9 ± 0.1 yz	92-1	nd
20-4	1.2 ± 0.2 wxy	97-1	12.1 ± 0.6 f
37-1	7.5 ± 0.9 hi	97-2	6.5 ± 0.6 ijk
37-2	4.3 ± 0.3 nop	99-1	2.5 ± 0.2 rst
40-1-1	1.7 ± 0.1 tuvwxy	99-2	1.7 ± 0.1 tuvwxy
40-1-2	1.6 ± 0.1 tuvwxy	99-3	1.0 ± 0.2 xyz
43-1	1.1 ± 0.1 xy	99-4	7.1 ± 0.5 hij
45-1	14.4 ± 1.6 e	99-5	2.1 ± 0.2 stuvw
46-1-1	6.1 ± 0.7 jkl	Bin. E	0.81 ± 0.2 h
46-1-2	6.5 ± 0.5 ijk	Ban. 1	1.75 ± 1.3 d
50-1	2.8 ± 0.2 qrs	Ban. 2	1.86 ± 0.4 c
50-2	5.1 ± 0.2 lmn	Hün. 1	2.26 ± 0.2 b
55-1	nd	Hün. 2	1.86 ± 0.4 c
56-1	2.2 ± 0.2 stuvw	Hün. 3	3.39 ± 0.9 a

*Aynı sütunda aynı harf ile temsil edilen ortalamalar arasındaki fark 0.05 düzeyinde önemli değildir.

4.3.3. Meyvelerde Şeker Bileşenleri Analizleri (g/100 g)

Araştırmada yer alan meyvelerin şeker bileşenleri HPLC-RID sisteminde belirlenmiş ve sonuçlar g/100 g olarak belirtilmiştir. Genotiplerin şeker bileşenleri sakkaroz, glikoz ve fruktoz standartları kullanılarak belirlenmiş ve sonuçlar istatistiksel olarak değerlendirildiğinde farklılıklar önemli bulunmuştur. Çizelge 4.14’de sakkaroz analiz sonuçları, Çizelge 4.15’de glikoz analiz sonuçları ve Çizelge 4.16’da’ fruktoz analiz sonuçları sunulmuştur.

Alıç meyvelerine ait genotiplerde, sakkaroz konsantrasyonunun 10.15 g/100 g ile 0.53 g/100 g aralığında değişmiştir. En yüksek sakkaroz konsantrasyonuna sahip genotiplerin 10.15 g/100 g ile 16-7 nolu (*Crataegus* spp.), 8.11 g/100 g ile 66-1 nolu (*C. tanacetifolia*.) genotiplerde gözlemlenmiştir. En düşük değerlere sahip olan genotipler ise 0.53 g/100 g ile 59-1 nolu (*C. longipes*), 0.93 g/100 g ile 97-1 nolu (*C. monogyna*) ve 0.96 g /100 g ile 18-7 nolu (*Crataegus x sinacia*) genotiplerdir.

Alıç genotiplerine ait meyvelerde glikoz konsantrasyonu 14.26 g/100 g ile 0.40 g/100 g arasında değişmiştir. En yüksek değerler 14.26 g/100 g ile 16-4 nolu (*Crataegus* spp.), 12.76 g/100 g ile 81-3 nolu (*C. azorolus*) genotiplerde belirlenmiştir. En düşük değerler ise 0.40 g/100 g ile 46-1-2 nolu, 0.41 g ile 46-1-1 nolu (*C. aronia*) genotiplerde tespit edilmiştir.

Alıç genotiplerine ait meyvelerde fruktoz konsantrasyonu ise 15.83 g/100 g ile 0.78 g/100 g arasında aralığında yer almaktadır. En yüksek değerler 15.83 g/100 g ile 81-3 nolu (*C. azorolus*), 14.04 g/100 g ile 88-1 nolu (*C. azorolus*), en düşük değerler ise 0.78 g/100 g ile 46-1-1 nolu ve 0.79 ile 46-1-2 nolu (*C. aronia*) genotiplerden elde edilmiştir.

Araştırmada yer alan elma genotiplerinde sakkaroz, glikoz, fruktoz konsantrasyonu sırasıyla 1.05 – 2.92 g/100g, 0.82 – 1.23 g/ 100 g, 0.13 – 4.05 g/100 g şeklinde belirlenmiştir. Hünnap genotiplerinde ise sakkaroz, glikoz, fruktoz konsantrasyonlarının sırasıyla 11.29 – 14.47 g/100g, 3.96 – 6.82 g/100 g, 4 –n7.57 g/100 g olduğu tespit edilmiştir.

Literatürde alıç meyvelerinin içerdiği şeker bileşenlerini tayin etmeye yönelik çalışmalar sınırlıdır. Edwards ve ark (2012), alıç türlerinde yaptığı şeker bileşenleri analizinde *C. azarolus* türünün sakkaroz içeriğinin 67.3–30.4 mg/g, fruktoz içeriğinin 62.4–0.3 mg/g, glikoz içeriğinin 72.6–31.9 mg/g arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Sorkun (2012), taze alıç meyvelerinde şeker bileşenlerini belirlemek için yaptığı çalışmada, fruktoz konsantrasyonunun 7.21 – 2.09 g/100 g, glikoz konsantrasyonunun 20.23–5.60 g/100 g ve sakkaroz konsantrasyonunun 7.19 – 0.05 g/100 g olduğunu rapor etmişlerdir. Gürsoy (2016), 4 farklı alıç türü ile yaptıkları çalışmada glikoz konsantrasyonunun 12.22 – 2.99 g/100 g, fruktoz konsantrasyonunun 21.81–6.05 g/100 g, sakkaroz konsantrasyonunun 5.27 – 0.005 g/100 g arasında olduğunu bildirmişlerdir.

Yaptığımız çalışmada taze meyve kullanılmıştır. Analiz sonuçlarına göre, sakkaroz konsantrasyonunun 10.15 g/100 g ile 0.53 g/100 g, glikoz konsantrasyonu 14.26 g/100 g ile 0.40 g/100 g ve fruktoz konsantrasyonu ise 15.83 g/100 g ile 0.78 g/100 g arasında değiştiği belirlenmiştir. Elde edilen veriler literatürde bildirilen, Gürsoy (2016), Sorkun (2012), Edwards ve ark (2012), sonuçlarıyla uyumludur. Çalışmada yer alan alıç genotiplerini, şeker bileşenleri konsantrasyonu açısından tür temelinde değerlendirildiğimizde; aynı türe ait genotiplerde farklı şeker bileşeni konsantrasyonları görülmektedir. Bu farklılığa genotip, ekoloji ve yetiştirme koşullarının etkili olduğu düşünülmektedir.

Çizelge 4.14. Genotiplere ait sakkaroz değerleri (g/100 g)

Genotip	Sakkaroz (g/100 g)			Genotip	Sakkaroz (g/100 g)		
5 no	nd			57-1	1.38	± 0.03	vw
6 No	nd			58-1	nd		
7 No	1.08	± 0.09	xy	59-1	0.53	± 0.04	opq
8 No	1.55	± 0.11	u	63-1	nd		
9 No	nd			63-2	3.32	± 0.04	l
7-1	1.93	± 0.19	st	66-1	8.11	± 0.05	e
8-1	2.67	± 0.12	no	70-1	1.71	± 0.02	tu
8-5	2.97	± 0.21	m	70-2	3.16	± 0.04	lm
8-6	1.55	± 0.09	uv	72-1	nd		
8-7	2.3	± 0.16	pqr	72-2	nd		
16-1	6.1	± 0.14	g	81-1	3.43	± 0.04	l
16-4	3.42	± 0.15	l	81-2	5.35	± 0.02	h
16-6	nd			81-3	4.54	± 0.06	j
16-7	10.15	± 0.15	d	88-1	5.33	± 0.04	h
17-1	3.3	± 0.32	l	88-2	5.25	± 0.04	h
18-1	4.84	± 0.19	i	90-1	4.12	± 0.05	k
18-2	1.79	± 0.07	tu	90-2	2.59	± 0.09	op
18-7	0.96	± 0.03	y	91-1	nd		
20-1	2.41	± 0.12	opqr	91-2	1.74	± 0.04	tu
20-2	2.15	± 0.38	rs	91-3	1.15	± 0.07	wxy
20-3	nd			92-1	2.34	± 0.06	pqr
20-4	1.27	± 0.06	vwx	97-1	0.93	± 0.09	y
37-1	nd			97-2	7.31	± 0.05	f
37-2	nd			99-1	2.14	± 0.06	rs
40-1-1	2.25	± 0.07	qr	99-2	3.29	± 0.1	l
40-1-2	2.33	± 0.03	pqr	99-3	1.13	± 0.06	wxy
43-1	1.17	± 0.08	wxy	99-4	2.42	± 0.07	opqr
45-1	nd			99-5	2.17	± 0.05	rs
46-1-1	6.04	± 0.07	g	Bin. E	2.92	± 0.17	mn
46-1-2	5.48	± 0.07	h	Ban. 1	nd		
50-1	2.59	± 0.11	op	Ban. 2	1.05	± 0.07	xy
50-2	2.67	± 0.06	no	Hün. 1	11.29	± 0.18	c
55-1	2.48	± 0.03	opq	Hün. 2	14.47	± 1.27	a
56-1	nd			Hün. 3	12.06	± 0.2	b

*Aynı sütunda aynı harf ile temsil edilen ortalamalar arasındaki fark 0.05 düzeyinde önemli değildir.

Çizelge 4.15. Genotiplere ait glikoz değerleri (g/100 g)

Genotip	Glikoz (g/100 g)	Genotip	Glikoz (g/100 g)
5 no	2.68 ± 0.12 z	57-1	5.83 ± 0.09 vw
6 No	1.49 ± 0.16 z	58-1	1.62 ± 0.12 z
7 No	3.48 ± 0.08 xy	59-1	5.2 ± 0.14 opq
8 No	2.74 ± 0.07 uv	63-1	1.82 ± 0.13 z
9 No	1.91 ± 0.12 z	63-2	4.79 ± 0.09 l
7-1	5.34 ± 0.06 st	66-1	7.55 ± 0.12 e
8-1	6.13 ± 0.1 no	70-1	9.21 ± 0.27 tu
8-5	5.81 ± 0.11 m	70-2	8.18 ± 0.19 lm
8-6	8.47 ± 0.07 uv	72-1	9.35 ± 0.14 z
8-7	6.59 ± 0.11 pqr	72-2	10.83 ± 0.13 z
16-1	6.61 ± 0.07 g	81-1	2.79 ± 0.13 l
16-4	14.26 ± 0.16 l	81-2	4.77 ± 0.08 h
16-6	1.1 ± 0.17 z	81-3	12.76 ± 0.15 j
16-7	10.04 ± 0.11 d	88-1	11.64 ± 0.08 h
17-1	7.22 ± 0.21 l	88-2	9.45 ± 0.13 h
18-1	9.4 ± 0.12 i	90-1	10.15 ± 0.22 k
18-2	7.41 ± 0.13 tu	90-2	7.58 ± 0.07 op
18-7	5.12 ± 0.12 y	91-1	3.08 ± 0.12 z
20-1	5.3 ± 0.12 opqr	91-2	6.73 ± 0.19 tu
20-2	9.5 ± 0.35 rs	91-3	9.37 ± 0.14 wxy
20-3	7.49 ± 0.16 z	92-1	8.86 ± 0.12 pqr
20-4	7.08 ± 0.14 vwx	97-1	5.44 ± 0.06 y
37-1	2.72 ± 0.14 z	97-2	1.38 ± 0.08 f
37-2	3.95 ± 0.15 z	99-1	6.09 ± 0.6 rs
40-1-1	8.4 ± 0.17 qr	99-2	10.25 ± 0.07 l
40-1-2	9.31 ± 0.17 pqr	99-3	5.19 ± 0.08 wxy
43-1	6.93 ± 0.08 wxy	99-4	1.88 ± 0.12 opqr
45-1	2.21 ± 0.13 z	99-5	9.37 ± 0.14 rs
46-1-1	0.41 ± 0.16 g	Bin. E	0.92 ± 0.16 mn
46-1-2	0.4 ± 0.05 h	Ban. 1	1.23 ± 0.19 z
50-1	7.36 ± 0.39 op	Ban. 2	0.82 ± 0.14 xy
50-2	7.16 ± 0.19 no	Hün. 1	4.98 ± 0.07 c
55-1	7.18 ± 0.21 opq	Hün. 2	3.96 ± 0.08 a
56-1	6.79 ± 0.3 z	Hün. 3	6.82 ± 0.06 b

*Aynı sütunda aynı harf ile temsil edilen ortalamalar arasındaki fark 0.05 düzeyinde önemli değildir.

Çizelge 4.16. Genotiplere ait fruktoz değerleri (g/100 g)

Genotip	Fruktoz (g/ 100 g)	Genotip	Fruktoz (g/100 g)
5 no	3.08 ± 0.1 d1	57-1	6.74 ± 0.08 v
6 No	1.79 ± 0.12 ı1	58-1	1.41 ± 0.28 j1
7 No	4.4 ± 0.12 a1	59-1	6.2 ± 0.1 w
8 No	3.72 ± 0.04 c1	63-1	2.22 ± 0.08 g1h1
9 No	2.03 ± 0.1 h1	63-2	5.87 ± 0.1 x
7-1	7.11 ± 0.11 u	66-1	9.27 ± 0.08 o
8-1	7.79 ± 0.36 s	70-1	11.48 ± 0.15 ı
8-5	7.27 ± 0.12 u	70-2	10.9 ± 0.2 k
8-6	11.15 ± 0.07 j	72-1	10.99 ± 0.1 jk
8-7	8.77 ± 0.07 p	72-2	12.24 ± 0.14 f
16-1	8.21 ± 0.12 r	81-1	2.63 ± 0.08 f1
16-4	13.06 ± 0.15 d	81-2	4.69 ± 0.14 z
16-6	1.19 ± 0.1 k1	81-3	15.83 ± 0.11 a
16-7	13.34 ± 0.14 c	88-1	14.04 ± 0.08 b
17-1	9.77 ± 0.27 n	88-2	13.1 ± 0.11 d
18-1	11.77 ± 0.14 gh	90-1	11.98 ± 0.11 g
18-2	9.42 ± 0.13 o	90-2	10 ± 0.03 m
18-7	6.05 ± 0.12 wx	91-1	2.85 ± 0.13 e1
20-1	6.19 ± 0.1 w	91-2	8.65 ± 0.1 pq
20-2	11.07 ± 0.13 jk	91-3	11.69 ± 0.1 hı
20-3	10.15 ± 0.11 m	92-1	12.42 ± 0.19 ef
20-4	8.46 ± 0.17 q	97-1	6.83 ± 0.16 v
37-1	3.26 ± 0.07 d1	97-2	1.78 ± 0.08 ı1
37-2	4.01 ± 0.1 b1	99-1	7.8 ± 0.21 s
40-1-1	10.46 ± 0.2 l	99-2	12.52 ± 0.08 e
40-1-2	10.9 ± 0.14 k	99-3	6.69 ± 0.14 v
43-1	7.89 ± 0.16 s	99-4	2.4 ± 0.013 g1
45-1	2.07 ± 0.12 h1	99-5	13.85 ± 0.07 b
46-1-1	0.78 ± 0.08 l1	Bin. E	4.05 ± 0.07 b1
46-1-2	0.79 ± 0.14 l1	Ban. 1	0.25 ± 0.08 m1
50-1	9.74 ± 0.11 n	Ban. 2	0.13 ± 0.04 m1
50-2	9.31 ± 0.18 o	Hün. 1	5.25 ± 0.07 y
55-1	10.42 ± 0.13 l	Hün. 2	4 ± 0.06 b1
56-1	7.88 ± 0.1 s	Hün. 3	7.57 ± 0.07 t

* Aynı sütunda aynı harf ile temsil edilen ortalamalar arasındaki fark 0.05 düzeyinde önemli değildir.

4.3.4. Toplam Fenolik Madde Miktarı (TFMM) (mg GAE/100 g)

Araştırmada yer alan genotiplerine ait meyvelerin uygun koşullarda ekstraksiyonu yapıp, elde edilen ekstrelerin TFMM değerleri ölçülmüştür ve gallik asit eşdeğeri olarak sonuçlar ifade edilmiştir. Elde edilen toplam fenolik madde miktarı açısından genotipler arasından istatistiksel açıdan önemli farklılıklar görülmüştür. Toplam fenolik madde miktarı Çizelge 4.17’de sunulmuştur.

Araştırmada yer alan alıç genotiplerine ait toplam fenolik madde miktarının 56.39 mg GAE/100 g ile 838.72 mg GAE /100 g arasında değiştiği gözlenmiştir. Alıç genotipleri arasında en yüksek değerler sırasıyla 838.72 mg GAE/100 g ile 91-1 nolu (*Crataegus* spp.), 836.98 mg GAE/100 g ile 46-1-1 nolu (*C. aronia*), ve 730.45 mg GAE /100 g ile 99-1 nolu (*C. monogyna*) genotiplerde kaydedilmiştir. Yine alıç genotipleri arasında en düşük değerler, 56.39 mg GAE/100 g ile 40-1-2 nolu (*C. orientalis*), 90.79 mg GAE/100 g ile 63-2 nolu (*Crataegus* spp.) ve 101.9 mg GAE/100 g ile 55-1 nolu (*Crataegus* spp.) genotiplerde belirlenmiştir.

Araştırmada yer alan elma genotipleri arasında toplam fenolik madde miktarının 638 mg GAE/100 g ile 1221.76 mg GAE/100 g arasında olduğu gözlemlenirken, hünnap genotiplerinde bu değerlerin 281.68 mg GAE/100 g ile 388.55 mg GAE/100 g arasında değiştiği kaydedilmiştir.

Fenolik bileşikler, sekonder metabolitler olarak bilinirler. Meyvelerin aroma, tat, renk gibi kalite ile ilgili parametrelerin oluşmasından sorumludurlar. Gıdaların içerdiği fenolik bileşikler, çeşitli hastalıkların önlenmesi yoluyla insan sağlığının korunması ve güçlendirici etkileriyle ilgi çekicidirler. Ayrıca, farmakolojik özelliklerinden dolayı terapötik amaçla da kullanılırlar (Giada, 2013). Aynı zamanda meyvelere ait fenolik bileşen içeriği ve kompozisyonu oldukça değişkendir. Bu nedenle fenolik bileşen konsantrasyonlarının bireysel olarak hesaplanması oldukça zordur. Bu yüzden toplam fenolik madde miktarının belirlenmesi kullanışlı ve daha kolay olmaktadır (Batu ve ark, 2007).

Literatürde alıç tür ve genotiplerine ait toplam fenolik madde miktarı ile ilgili çalışmalar bulunmaktadır. Çoklar (2016), alıç genotiplerinde toplam fenolik

madde miktarını belirlemek için yaptığı çalışmada; su, metanol ve metanol:su karışımından oluşan çözücülerini kullanarak en uygun çözgeni belirlemişlerdir. En yüksek toplam fenolik madde miktarını 1957.4 mg GAE/100 g ile metanol:su karışımı olan çözücünden elde etmişlerdir. Tez çalışması kapsamında, toplam fenolik madde miktarları belirlenirken çözgen olarak metanol:su karışımı kullanılmıştır.. Zhang ve ark (2001), *C. pinnatifida* türünde yaptıkları analizlerde toplam fenolik madde miktarının 290 mg GAE/100 g, Bernatoniene ve ark (2008), *C. monogyna* türünde 2640 mg GAE/100 g olduğunu bildirmişlerdir. Froehlicher ve ark (2008), farklı alıç türleri ile yürüttükleri çalışmada 1226.3 g GAE/100 g dw ile 360 mg GAE/100 g dw arasında değiştiğini ifade etmişlerdir. Sahloul ve ark (2009), 14 alıç genotipiyle yürüttükleri çalışmada toplam fenolik madde miktarlarının 498.5 mg GAE/100 g dw ile 1477.3 mg GAE/100 g dw, Ercişli ve ark (2015), 660 mg GAE/100 g ile 3460 mg GAE/100 g arasında değiştiğini ve Tüysüz ve ark (2021), alıç genotiplerinde toplam fenolik madde konsantrasyonunun 847 mg GAE/100 g olduğunu bildirmişlerdir. Yaptığımız çalışmada alıç genotiplerine ait toplam fenolik madde miktarı, 56.39 mg GAE/100 g ile 838.72 mg GAE /100 g arasında değiştiği görülmektedir. Yaptığımız çalışmada elde edilen verilerin, literatürde yer alan sonuçlar ile uyumlu olduğu görülmektedir. Ayrıca, Andjelkovic ve ark (2007), toplam fenolik madde miktarının ve içeriğinin seneden seneye değiştiğini ve yetiştirme koşulları ile yakından ilgili olduğunu bildirmişlerdir. Yapılan çalışmada toplam fenolik madde miktarı açısından türler ve genotipler arasında büyük farklılıklar belirlenmiştir. Aradaki farklılıkların bitkilerin farklı ekolojilerde yetişmeleri, tür ve genotip farklılıkları yanı sıra ekstraksiyonda kullanılan metod, çözgen, sıcaklık ve süre gibi faktörlerden de kaynaklandığı düşünülmektedir.

Çizelge 4.17. Genotiplere ait Toplam Fenolik Madde Miktarı (mg GAE/100 g)

Genotip	TFMM (mg GAE/100 g)		Genotip	TFMM (mg GAE/100 g)	
5 no	359.47 ± 10.3	no	57-1	172.13 ± 13.19	yza1
6 No	662.79 ± 32.74	f	58-1	499.26 ± 16.66	jkl
7 No	546.23 ± 128.3	ghi	59-1	721.59 ± 28.17	d
8 No	366.87 ± 47.13	no	63-1	368.81 ± 19.88	no
9 No	390.03 ± 32.72	n	63-2	90.79 ± 4.73	c1d1
7-1	440.83 ± 15.84	m	66-1	573.75 ± 22.82	g
8-1	184.01 ± 13.74	wxyz	70-1	717.33 ± 16.69	de
8-5	226.89 ± 13.74	uv	70-2	473.83 ± 19.22	klm
8-6	204.37 ± 7.55	vwxy	72-1	222.33 ± 13.56	uvwxy
8-7	214.38 ± 15.08	vw	72-2	377.04 ± 24.6	no
16-1	206.53 ± 15.75	vwxy	81-1	490.35 ± 22.38	jkl
16-4	182.88 ± 9.21	wxyz	81-2	232.58 ± 14.68	tuv
16-6	583.65 ± 15.49	g	81-3	139.79 ± 15.81	a1b1
16-7	303.17 ± 13.24	pq	88-1	214.12 ± 6.93	vw
17-1	219.92 ± 15.64	uvw	88-2	517.53 ± 16.91	hij
18-1	217.03 ± 16.26	uvw	90-1	223.41 ± 16.32	uvw
18-2	514.29 ± 29.44	ijk	90-2	384.56 ± 12.14	n
18-7	573.55 ± 24.21	g	91-1	838.72 ± 17.25	c
20-1	336.78 ± 13.41	op	91-2	142.54 ± 7.37	za1b1
20-2	142.58 ± 8.08	za1b1	91-3	556.64 ± 23.45	gh
20-3	156.87 ± 14.03	za1	92-1	nd	
20-4	462.02 ± 22.1	lm	97-1	257.93 ± 7.92	rstu
37-1	676.47 ± 16.86	ef	97-2	229.63 ± 8.51	uv
37-2	721.61 ± 21.55	d	99-1	730.45 ± 17.79	d
40-1-1	291.25 ± 12.86	qr	99-2	152.06 ± 3.4	za1
40-1-2	56.39 ± 4.32	d1	99-3	386.97 ± 28.24	n
43-1	227.75 ± 4.2	uv	99-4	180.65 ± 14.61	xyzal
45-1	581.64 ± 10.61	g	99-5	273.61 ± 16.53	qrst
46-1-1	836.98 ± 13.99	c	Bin.E	638 ± 11.05	f
46-1-2	390.59 ± 27.72	n	Ban. 1	1026.55 ± 83.14	b
50-1	210.87 ± 9.77	vwxy	Ban. 2	1221.76 ± 16.96	a
50-2	242.62 ± 18	stuv	Hün. 1	281.68 ± 13.9	qrs
55-1	101.9 ± 20.47	blcl	Hün. 2	388.55 ± 8.62	n
56-1	515.17 ± 15.34	hijk	Hün. 3	321.27 ± 61.45	pqr

*Aynı sütunda aynı harf ile temsil edilen ortalamalar arasındaki fark 0.05 düzeyinde önemli değildir.

4.3.5. Fenolik Bileşenlerin HPLC' de Tayini (mg/100g)

Araştırmada yer alan genotiplere ait meyve ekstralarının HPLC-DAD sisteminde fenolik bileşen tayinleri yapılmıştır. Analizleri yapılan genotiplerde, farklı miktarlarda olmak üzere gallik asit, kateşin, epikateşin, epigallokateşin gallat, rutin ve kafeik asit bileşenleri tespit edilmiştir. Elde edilen sonuçlar mg/100 g olarak ifade edilmiştir. Gallik asit, kateşin, epikateşin ve rutin konsantrasyon sonuçları, istatistiksel açıdan değerlendirildiğinde genotipler arasındaki farklılıklar önemli bulunmuştur. İncelenen genotiplerin meyve ekstralarında, epigallokateşin gallat ve kafeik asit konsantrasyonları sonuçları istatistiksel olarak değerlendirildiğinde fark $P \leq 0.05$ önem düzeyinde önemli bulunmamıştır. Genotiplere ait gallik asit verileri Çizelge 4.18., kateşin verileri Çizelge 4.19., epikateşin verileri Çizelge 4.20., rutin verileri Çizelge 4.21., epigallokateşin gallat verileri Çizelge 4.22. ve kafeik asit verileri Çizelge 4.23.'de sunulmuştur.

İncelenen alıç genotiplerine ait meyvelerin, gallik asit konsantrasyon sonuçlarının 0.05 mg/100 g ile 5.22 mg/100 g arasında değiştiği belirlenmiştir. En yüksek değerlere sahip genotipler sırasıyla 5.22 ile 91-1 nolu (*Crataegus* spp.), 4.34 mg/100 g ile 37-2 nolu (*C. pentagyna*), 4.23 mg/100 g ile 59-1 nolu (*C. longipes*) genotiplerdir. En düşük değerler ise, 0.05 mg/100 g ile 8-7 nolu (*C. aronia*), 0.06 mg/100 g ile 72-2 (*C. orientalis*) ve 0.09 mg/100 g ile 40-1-2 nolu (*C. orientalis*) genotiplerde analiz edilmiştir. Araştırmada yer alan elma genotiplerinin, gallik asit konsantrasyonu 0.78 mg/100 g ile 3.84 mg/100 g arasında değişirken, hünnap genotiplerinde ise 0.49 mg/100 g ile 1.26 mg/100 g aralığında değişmiştir.

Alıç genotipleri arasında kateşin konsantrasyonlarının 2.9 mg/100 g ile 143.82 mg/100 g değerleri arasında büyük değişkenlik gösterdiği belirlenmiştir. Alıç meyveleri arasında, en yüksek değerlere sahip olan genotipler 143.82 mg/100 g ile 66-1 nolu (*C. tanacetifolia*.), 141.52 mg/100 g ile 59-1 (*C. longipes*), 140.73 mg/100 g ile 6 nolu (*C. monogyna*) olarak belirlenmiştir. En düşük değerler ise 2.9 mg/100 g ile 8-7 nolu (*C. aronia*), 3.13 mg/100 g ile 40-1-2 nolu (*C. orientalis*), 4,34 mg/100 g ile 20-2 nolu (*Crataegus* spp.) genotiplerde belirlenmiştir. Elma

genotipleri arasında ise kateşin konsantrasyonu 162.31 mg/100 g ile 308.77 mg/100 g arasında değişirken, hünnap genotiplerinde ise 0.5 mg/100 g ile 11.73 mg/100 g arasında değişmiştir.

Yapılan analizlerde alıç genotiplerine ait epikateşin konsantrasyonlarının 0.07 mg/100 g ile 234.58 mg/100 g aralığında yer aldığı tespit edilmiştir. En yüksek epikateşin konsantrasyonları 234.58 mg/100 g ile 37-1 nolu (*C. pentagyna*), 60.7 mg/100 g ile 6 nolu (*C. monogyna*), 35.09 mg /100 g ile 66-1 nolu (*C. tanacetifolia*) genotiplerde gözlenmiştir. En düşük epikateşin konsantrasyonuna sahip genotipler ise 0.07 mg/100 g ile 8-1 nolu (*C. orientalis*), 0.1 mg/100 g ile 63-2 nolu (*Crataegus* spp.) ve 0.31 mg/100 g ile 40-1-2 nolu (*C. orientalis*) genotipler olmuştur. Elma genotiplerinde ise epikateşin konsantrasyonları 9.43 mg/100 g ile 58.63 mg/100 g arasında değişirken, hünnap genotiplerinde 0.27 mg/100 g ile 4.84 mg/100 g arasında değiştiği belirlenmiştir.

Alıç genotiplerinin rutin konsantrasyonunun 0.67 mg/100 g ile 61.14 mg/100 g arasında değiştiği belirlenmiştir. Sonuçlara göre en yüksek rutin konsantrasyonlarının 61.14 mg/100 g ile 16-6 nolu (*Crataegus* spp.), 49.55 mg/100 g ile 88-2 nolu (*C. azorolus*), 42.43 mg/100 g ile 92-1 nolu (*C. orientalis*), genotiplerde olduğu belirlenmiştir. En düşük değerler 0.67 mg/100 g ile 8-1 nolu (*C. orientalis*), 0.75 mg/100 g ile 99-2 nolu (*C. azarolus*) ve 1.44 mg/100 g ile 8-5 nolu (*C. orientalis*) genotiplerde ölçülmüştür. Çalışmada yer alan elma genotiplerinin rutin konsantrasyonu 1.44 mg/100 g ile 41.65 mg/100 g, hünnap genotiplerinin rutin konsantrasyonu ise 2.77 mg/100 g ile 12.74 mg/100 g arasında değiştiği belirlenmiştir.

Araştırmada yer alan genotiplere ait meyvelerin epigallokateşin gallat konsantrasyon sonuçları istatistiksel olarak değerlendirildiğinde, genotipler arasındaki fark $P \leq 0.05$ önem düzeyinde önemli bulunmamıştır. Alıç genotiplerinin meyvelerine ait epigallokateşin gallat konsantrasyon sonuçları 0.19 mg/100 g ile 79.5 mg/100 g arasında değiştiği gözlemlenmiştir. Sonuçlara göre, en yüksek değerler 79.5 mg/100 g ile 66-1 nolu (*C. tanacetifolia*), 27.55 mg/100 g ile 20-4

nolu (*C.azarolus*), 26.69 mg/100 g ile 37-2 nolu (*C. pentagyna*) genotiplerde belirlenmiştir. En düşük değerler ise, 0.19 mg/100 g ile 8-1 nolu (*C. orientalis*), 0.53 mg/100 g ile 20-1 nolu (*C. meyeri*), 0.75 mg/100 g ile 55-1 nolu (*Crataegus* spp.) ve 56-1 nolu (*C. microphylla*) genotiplerde gözlemlenmiştir. İncelenen elma genotiplerinin epigallokateşin gallat konsantrasyonu 1.76 mg/100 ile 46 mg/100 g ile arasında değişirken, hünnap genotiplerinde, epigallokateşin gallat konsantrasyonu tespit edilememiştir.

Araştırmada yer alan genotiplere ait meyvelerin kafeik asit konsantrasyon sonuçları istatistiksel olarak değerlendirildiğinde, genotipler arasındaki fark $p \leq 0.05$ önem düzeyinde önemli bulunmamıştır. Alıç meyvelerinin kafeik asit sonuçları, 0.01 mg/100 g ile 6.61 mg/100 g arasında değiştiği kaydedilmiştir. Alıç meyveleri arasında en yüksek kafeik asit konsantrasyonları 6.61 mg/100 g ile 37-1 nolu (*C. pentagyna*), 3.62 mg/100 g ile 59-1 nolu (*C. longipes*), 2.38 mg/100 g ile 7-1 nolu (*C. monogyna* subsp. *azarella*) genotiplerde belirlenirken, en düşük değerlere sahip genotipler 0.01 mg/100 g ile 55-1 nolu (*Crataegus* spp.), 0.02 mg/100 g ile 72-2 nolu (*C.orientalis*) ve 0.04 mg/100 g ile 16-4 nolu (*Crataegus* spp.) genotiplerdir. Elma genotiplerinin kafeik asit konsantrasyonu 9.96 ile mg/100 g 13.81 mg/100 g arasında değişirken, hünnap genotiplerinden sadece hünnap 2 nolu genotipte 0.17 mg/100 kafeik asit belirlenmiştir.

Bitkilerde en yaygın görülen sekonder metabolitler fenolik bileşenlerdir (Özderin ve ark, 2014). Fenolik bileşenler bitkinin üreme, dayanıklılık gibi hayat fonksiyonlarında önemli olduğu gibi tat, aroma, renk gibi duyuşal özelliklerde de etkili olurlar (Giada, 2013). İnsan sağlığının korunma ve bağışık sisteminin güçlendirilmesinde gıdalardaki fenolik bileşenlerin etkili olduğu bilinmektedir. Yabani meyvelerin fonksiyonel gıda olarak kullanımında fenolik madde kompozisyonunun değerlendirilmesi önemlidir. Bitkisel besinlerin içerdikleri antioksidan aktiviteleri, içerdikleri toplam fenolik madde miktarları ile birlikte, bireysel fenolik bileşen kompozisyonları da büyük öneme sahiptir (Çoklar ve ark, 2016).

Literatürde alıç türlerinin fenolik bileşen konsantrasyonunu belirlenmesine yönelik çeşitli çalışmalar bulunmaktadır. Edwards (2012), Asya, Avrupa ve Amerika orijinli 27 farklı alıç türünde 36 farklı flavonoid tanımlamıştır. Nabavi ve ark (2015), alıç meyvesinde belirlenen fenolik bileşen kompozisyonun gallik asit, (+) kateşin ve (-)- epikateşin, kafeik asit, viteksin, prosiyanidin B2, prosiyanisin B5, klorojenik asit, prosiyanidin C1 ve prosiyanidin D1, kumarik asit, hiperosid, naringenin, apigenin, kersetin, hesperetin, cratenacindir konsantrasyonları olduğunu rapor etmişlerdir. Valantina ve ark (2019), 15 farklı alıç türü ile yaptıkları çalışmada, HPLC-UV sisteminde fenolik bileşen kompozisyonunu tanımlamışlardır. Genotiplerin rutin, vitexin, hiperozid ve kuersetin konsantrasyonları içerdiklerini belirlemişlerdir. Alirezalu ve ark (2020), farklı alıç türleri ile yaptıkları çalışmada, klorojenik asit, vitexin, rutin, kuersitin, Isokuersitin, vitexin 2-O-rhamnoside ve hiperozid fenolik bileşenlerin konsantrasyonlarını bildirmişlerdir.

Çoklar ve ark (2016), alıç türlerinin toplam ve bireysel fenolik bileşen tayin analizlerinde etkili olan çözgenin metanol:su karışımı olduğunu, Froehlicher ve ark (2009), fenolik bileşenler tayininde yaş meyve kullanmanın daha başarılı sonuçlar verdiğini bildirmiştir. Yapılan çalışmada çözgen olarak metanol:su (1:1) ve analiz materyali olarakta yaş meyve kullanılmıştır.

Yaptığımız çalışmada 63 alıç, 3 elma ve 3 hünnap genotipine ait taze meyvelerde elde edilen ekstrelerde HPLC-DAD sisteminde fenolik bileşen tayinleri yapılarak, farklı seviyelerde fenolik bileşen konsantrasyonları belirlenmiştir. Araştırmada yer alan bazı genotiplerde ise fenolik bileşen konsantrasyonu tespit edilememiştir. Yaptığımız çalışmada gallik asit, kateşin, epikateşin, rutin, epigallokateşin gallat ve kafeik asit fenolik bileşenleri belirlenmiştir.

Yapılan analizlerde alıç genotiplerine ait meyvelerde gallik asit konsantrasyonun 0.09 mg/100 g ile 5.22 mg/100 g, kateşin konsantrasyonlarının 2.9 mg/100 g ile 143.82 mg/100 g, epikateşin konsantrasyonlarının 0.07 mg/100 g ile 234.58 mg/100 g, rutin konsantrasyonunun 0.67 mg/100 g ile 49.56 mg/100 g

arasında değiştiği belirlenmiştir. Literatür bilgilerine göre, gallik asit alıç türlerinde (Gürten, 2018), 0.264 mg 100⁻¹g, 2.684 mg/100 g (Çoklar ve ark. 2016) , kateşin konsantrasyonu 14.5 mg/100 g, (Gürten, 2018), epikateşin konsantrasyonu 189.8mg/100 g, rutin konsantrasyonunun 268 mg/100 g (Alirezalu ve ark, 2020), 35-532 mg/100 g (Sagaradzea ve ark, 2019), epigallokateşin gallat 75.13 mg/100 g (Çoklar ve ark, 2016), kafeik asit konsantrasyonunda 1.506 mg/100 g, 4.407 mg 100 g⁻¹ -0.624 mg 100 g⁻¹ olarak bildirilmiştir.

Alıç genotiplerinin meyvelerine ait ekstraktlarda yapılan fenolik bileşen konsantrasyonları, literatürlede bildirilen verilerle uyumlu olması çalışmamızı desteklemektedir. Ancak bulduğumuz sonuçlarda ve literatür bilgilerinde fenolik bileşenler konsantrasyonunun geniş bir skalanın içerisinde yer almasında pek çok neden etkili olabilir. Fenolik bileşenlerin polaritelerin farklı olması, çalışmamızda yer alan genotiplerin farklı iklim, rakım ve koşullarda yetişmesi tür ve genotip farklılıkları etkilemektedir.

Çizelge 4.18. Genotiplere ait gallik asit konsantrasyonları (mg/100 g)

Genotip	Gallik asit (mg/100 g)	Genotip	Gallik asit (mg/100 g)
5 no	1.61 ± 0.11 ijkl	57-1	1 ± 0.12 tuvw
6 No	2.30 ± 0.23 g	58-1	0.85 ± 0.06 vwxyz
7 No	3.84 ± 0.43 b	59-1	4.23 ± 0.4 b
8 No	1.76 ± 0.27 hı	63-1	0.49 ± 0.18 c1d1e1f1
9 No	1.77 ± 0.15 hı	63-2	0.79 ± 0.11 wxyza1
7-1	1.92 ± 0.23 h	66-1	1.36 ± 0.07 lmnopq
8-1	0.59 ± 0.17 alblcdl	70-1	2.19 ± 0.23 g
8-5	3.02 ± 0.22 e	70-2	1.46 ± 0.2 jklmn
8-6	1.01 ± 0.25 stuw	72-1	0.85 ± 0.16 vwxyz
8-7	0.05 ± 0.02 h1	72-2	0.06 ± 0.02 h1
16-1	0.73 ± 0.16 xyza1b1c1	81-1	0.61 ± 0.06 za1b1c1d1
16-4	0.97 ± 0.16 tuvwx	81-2	1.14 ± 0.08 pqrstu
16-6	0.76 ± 0.04 wxyza1b1	81-3	1.15 ± 0.16 pqrst
16-7	1.46 ± 0.09 jklmn	88-1	2.65 ± 0.19 f
17-1	0.52 ± 0.09 b1c1d1e1	88-2	1.48 ± 0.22 jklm
18-1	1.76 ± 0.16 hı	90-1	0.85 ± 0.09 vwxyz
18-2	1.8 ± 0.17 hı	90-2	1.45 ± 0.09 klmno
18-7	1.7 ± 0.19 hijk	91-1	5.22 ± 0.2 a
20-1	1.26 ± 0.2 mnopqrs	91-2	0.67 ± 0.12 yza1b1c1
20-2	0.37 ± 0.02 d1e1f1	91-3	0.24 ± 0.14 f1g1h1
20-3	0.6 ± 0.08 za1b1c1d1	92-1	1.11 ± 0.19 qrstu
20-4	1.83 ± 0.07 hı	97-1	1.71 ± 0.1 hij
37-1	2.92 ± 0.1 e	97-2	1.05 ± 0.09 stuv
37-2	4.34 ± 0.15 b	99-1	3.54 ± 0.06 d
40-1-1	1.39 ± 0.12 lmnop	99-2	0.85 ± 0.09 vwxyz
40-1-2	0.09 ± 0.02 g1h1	99-3	1.19 ± 0.17 opqrst
43-1	0.89 ± 0.12 uvwxy	99-4	0.98 ± 0.26 tuvwx
45-1	1.21 ± 0.11 nopqrst	99-5	1.06 ± 0.1 rstuv
46-1-1	1.47 ± 0.12 jklm	Bin. E	0.78 ± 0.07 xyza1
46-1-2	1.31 ± 0.09 mnopqr	Ban. 1	3.84 ± 0.1 c
50-1	0.4 ± 0.14 d1e1f1	Ban. 2	3.67 ± 0.07 cd
50-2	1.08 ± 0.13 rstuv	Hün. 1	0 ± 0 h1
55-1	0.32 ± 0.08 e1f1g1	Hün. 2	1.26 ± 0.17 mnopqrs
56-1	0.32 ± 0.04 e1f1g1	Hün. 3	0.49 ± 0.84 h1

*Aynı sütunda aynı harf ile temsil edilen ortalamalar arasındaki fark 0.05 düzeyinde önemli değildir.

Çizelge 4.19. Genotiplere ait kateşin konsantrasyonu (mg/100 g)

Genotip	Kateşin (mg/100 g)	Genotip	Kateşin (mg/100 g)
5 no	80.98 ± 6.14 jk	57-1	8.21 ± 1.41 e1f1
6 No	140.73 ± 13.84 de	58-1	49.04 ± 3 opqr
7 No	115.02 ± 9.94 fg	59-1	141.52 ± 7.78 de
8 No	62.4 ± 6.79 lm	63-1	11.93 ± 1.9 d1e1f1
9 No	23.67 ± 4.76 yza1b1c1	63-2	21.01 ± 2.14 za1b1c1d1
7-1	41.42 ± 6.58 pqrst	66-1	143.82 ± 8.52 d
8-1	5.29 ± 0.33 f1	70-1	115.86 ± 3.25 f
8-5	5.86 ± 0.1 e1f1	70-2	105.8 ± 10.21 gh
8-6	29.68 ± 1.39 vwxyza1	72-1	41.84 ± 1.91 pqrst
8-7	2.9 ± 0.57 f1	72-2	38.74 ± 1.95 stuv
16-1	12.1 ± 0.32 d1e1f1	81-1	19 ± 1.2 b1c1d1
16-4	30.59 ± 1.05 uvwxyz	81-2	38.54 ± 1.38 stuw
16-6	51.65 ± 1.49 no	81-3	34.89 ± 1.37 tuvw
16-7	49.21 ± 1.8 opq	88-1	28.69 ± 1.36 xyza1
17-1	6.35 ± 0.53 e1f1	88-2	54.62 ± 1.56 lmno
18-1	41 ± 2.23 pqrst	90-1	28.58 ± 2.46 xyza1b1
18-2	63.59 ± 6.97 l	90-2	63.68 ± 0.66 l
18-7	37.93 ± 4.15 stuvw	91-1	132.63 ± 11.46 e
20-1	38.51 ± 7.12 stuvw	91-2	47.39 ± 4.85 opqrs
20-2	4.34 ± 1.3 f1	91-3	102.47 ± 5.83 h
20-3	6.34 ± 1.08 e1f1	92-1	53.34 ± 1.23 mno
20-4	100.23 ± 5.14 h	97-1	23.79 ± 4.45 yza1b1c1
37-1	74.24 ± 6.41 k	97-2	49.77 ± 1.97 op
37-2	39.52 ± 3.03 rstu	99-1	88.04 ± 3.4 ij
40-1-1	49.16 ± 1.89 opq	99-2	30.53 ± 1.5 uvwxyz
40-1-2	3.13 ± 0.32 f1	99-3	75.16 ± 5.55 k
43-1	60.56 ± 3.51 lmn	99-4	28.99 ± 1.98 wxyza1
45-1	85.95 ± 5.02 j	99-5	20.78 ± 0.86 a1b1c1d1
46-1-1	119.21 ± 11.42 f	Bin. E	162.31 ± 6.92 c
46-1-2	97.46 ± 2.43 hı	Ban.1	243.44 ± 29.82 b
50-1	31.28 ± 1.36 uvwxy	Ban.2	308.77 ± 9.18 a
50-2	34.29 ± 1.7 tuvw	Hün.1	0.82 ± 0.09 f1
55-1	15.1 ± 1.17 c1d1e1	Hün.2	11.73 ± 1.65 d1e1f1
56-1	40.04 ± 2.86 qrstu	Hün.3	0.65 ± 0.15 f1

*Aynı sütunda aynı harf ile temsil edilen ortalamalar arasındaki fark 0.05 düzeyinde önemli değildir.

Çizelge 4.20. Genotiplere ait epikateşin konsantrasyonları (mg/100 g)

Genotip	Epikateşin (mg/100 g)			Genotip	Epikateşin (mg/100 g)		
5 no	1.32	± 0.13	s	57-1	1.15	± 0.23	s
6 No	60.7	± 5.51	b	58-1	2.89	± 2.05	qrs
7 No	13.38	± 0.71	hijk	59-1	12.71	± 0.7	hijk
8 No	11.05	± 0.58	hijklm	63-1	6.4	± 0.64	mnpqr
9 No	2.7	± 0.37	qrs	63-2	0.12	± 0.06	s
7-1	6.67	± 0.42	lmnopq	66-1	35.09	± 4.41	c
8-1	0.07	± 0.02	s	70-1	3.14	± 0.46	qrs
8-5	1.86	± 0.1	qrs	70-2	2.55	± 0.48	qrs
8-6	11.38	± 0.4	hijkl	72-1	14.36	± 1.19	hi
8-7	2.2	± 0.18	qrs	72-2	0.57	± 0.11	s
16-1	1.31	± 0.21	s	81-1	nd		
16-4	2.57	± 0.23	qrs	81-2	4.24	± 0.36	pqrs
16-6	nd			81-3	9.09	± 1.19	klmnop
16-7	4.63	± 0.2	opqrs	88-1	6.76	± 0.57	lmnopq
17-1	0.9	± 0.16	s	88-2	23.7	± 1.09	fg
18-1	4.78	± 0.34	nopqrs	90-1	1.66	± 0.22	rs
18-2	30.96	± 1.13	cde	90-2	10.86	± 0.96	hijklm
18-7	9.63	± 4.11	ijklmn	91-1	32.27	± 2.33	cd
20-1	4.68	± 0.23	opqrs	91-2	2.2	± 0.23	qrs
20-2	2.25	± 0.35	qrs	91-3	27.68	± 1.61	def
20-3	0.56	± 0.21	s	92-1	26.71	± 15.49	efg
20-4	15.68	± 0.69	h	97-1	0.98	± 0.2	s
37-1	234.58	± 14.54	a	97-2	12.19	± 2.5	hijk
37-2	9.51	± 1.08	ijklmno	99-1	10.92	± 1.87	hijklm
40-1-1	4.62	± 1.5	opqrs	99-2	8.65	± 1.34	klmnop
40-1-2	0.31	± 0.03	s	99-3	22.75	± 1.63	g
43-1	13.44	± 0.72	hijk	99-4	9.93	± 0.71	ijklm
45-1	22.75	± 2.73	g	99-5	0.55	± 0.15	s
46-1-1	31.26	± 3.67	cde	Bin. E	9.43	± 0.81	jklmno
46-1-2	23.46	± 2.13	fg	Ban. 1	12.69	± 1.32	hijk
50-1	2.67	± 0.37	qrs	Ban. 2	58.63	± 6.17	b
50-2	3.57	± 0.36	qrs	Hün. 1	nd		
55-1	2.33	± 0.33	qrs	Hün. 2	4.84	± 1.12	nopqrs
56-1	14.31	± 0.84	hij	Hün. 3	0.27	± 0.03	s

*Aynı sütunda aynı harf ile temsil edilen ortalamalar arasındaki fark 0.05 düzeyinde önemli değildir.

Çizelge 4.21. Genotiplere ait rutin konsantrasyonları (mg/100 g)

Genotip	Rutin (mg/100 g)	Genotip	Rutin (mg/100 g)
5 no	13,56 ± 0.58 opqrs	57-1	8.57 ± 0.59 uvwx
6 No	16.86 ± 1.57 mnop	58-1	23.83 ± 13.44 ij
7 No	34.28 ± 2.86 e	59-1	26.05 ± 1.3 ghi
8 No	12.66 ± 0.6 qrst	63-1	8.04 ± 1.49 vwx
9 No	23.05 ± 1.13 ijk	63-2	5.5 ± 0.62 wxyza1
7-1	21.7 ± 1.09 jk	66-1	21.84 ± 2.09 jk
8-1	0.67 ± 0.11 c1	70-1	24.26 ± 2.41 hij
8-5	1.44 ± 0.46 b1c1	70-2	12.81 ± 2.45 qrst
8-6	14.27 ± 0.55 nopqr	72-1	7.52 ± 0.61 vwxy
8-7	5.12 ± 0.31 xyza1b1	72-2	6.37 ± 0.74 vwxyza1
16-1	4.18 ± 0.25 yza1b1c1	81-1	34.84 ± 3.23 e
16-4	13.13 ± 0.34 pqrs	81-2	17.45 ± 1.62 mn
16-6	61.14 ± 0.72 a	81-3	12.83 ± 1.51 qrst
16-7	17.74 ± 2 kmn	88-1	14.88 ± 1.42 nopqr
17-1	2.73 ± 0.46 a1b1c1	88-2	49.56 ± 1.46 b
18-1	23.22 ± 0.79 ij	90-1	15.75 ± 1.08 mnopq
18-2	28.83 ± 1.2 fg	90-2	17.33 ± 1.47 mno
18-7	19.3 ± 5.83 klm	91-1	30.44 ± 1.73 f
20-1	6.7 ± 0.94 vwxyz	91-2	3.54 ± 0.58 za1b1c1
20-2	8.11 ± 0.33 vwx	91-3	24.33 ± 2.18 hij
20-3	8.77 ± 0.61 uvwx	92-1	42.43 ± 2.27 c
20-4	11.91 ± 0.86 rstu	97-1	9.9 ± 1.83 stuv
37-1	28.31 ± 1.32 fg	97-2	9.24 ± 1.32 tuvw
37-2	29.67 ± 0.98 fg	99-1	34.64 ± 0.94 e
40-1-1	17.23 ± 1.61 lmn	99-2	0.75 ± 0.24 c1
40-1-2	8.35 ± 0.39 uvwx	99-3	8.26 ± 0.79 uvwx
43-1	21.48 ± 1.52 jkl	99-4	3.2 ± 0.33 za1b1c1
45-1	23.59 ± 1.03 ij	99-5	13.18 ± 1.37 pqrs
46-1-1	38.08 ± 1.72 de	Bin. E.	1.44 ± 0.22 b1c1
46-1-2	36.07 ± 2.09 e	Ban. 1	28 ± 2.17 fgh
50-1	16.9 ± 3.38 mnop	Ban. 2	41.65 ± 5.48 cd
50-2	29.74 ± 1.7 fg	Hün. 1	2.77 ± 0.55 a1b1c1
55-1	6.62 ± 1.06 vwxyz	Hün. 2	12.74 ± 1.44 qrst
56-1	23.33 ± 1.3 ij	Hün. 3	5.28 ± 1.49 xyza1

*Aynı sütunda aynı harf ile temsil edilen ortalamalar arasındaki fark 0.05 düzeyinde önemli değildir.

Çizelge 4.22. Genotiplere ait epigolakateşin konsantrasyonları (mg/100 g)

Genotip	Epigolakateşin Gallat (mg/100 g)	Genotip	Epigolakateşin Gallat (mg/100g)
5 no	3.52 ± 0.12	57-1	nd
6 No	nd	58-1	nd
7 No	nd	59-1	nd
8 No	nd	63-1	nd
9 No	7.95 ± 0.5	63-2	nd
7-1	3.49 ± 0.13	66-1	79.5 ± 2.29
8-1	0.19 ± 0.02	70-1	nd
8-5	nd	70-2	nd
8-6	5.92 ± 0.18	72-1	nd
8-7	nd	72-2	nd
16-1	3.8 ± 0.2	81-1	6.33 ± 0.4
16-4	9.42 ± 0.19	81-2	8.06 ± 0.23
16-6	5.33 ± 0.24	81-3	5.51 ± 0.31
16-7	6.49 ± 0.23	88-1	10.51 ± 0.43
17-1	2.35 ± 0.21	88-2	nd
18-1	4.61 ± 0.19	90-1	nd
18-2	12.66 ± 0.64	90-2	nd
18-7	5.77 ± 0.93	91-1	nd
20-1	0.53 ± 0.05	91-2	1.63 ± 0.11
20-2	0.76 ± 0.06	91-3	nd
20-3	nd	92-1	nd
20-4	27.55 ± 1.94	97-1	4.6 ± 0.1
37-1	nd	97-2	6.91 ± 0.27
37-2	26.69 ± 2.74	99-1	nd
40-1-1	6.49 ± 0.42	99-2	nd
40-1-2	4 ± 0.43	99-3	nd
43-1	8.4 ± 0.43	99-4	11.95 ± 0.14
45-1	nd	99-5	nd
46-1-1	nd	Bin. E	1.76 ± 0.11
46-1-2	nd	Ban. 1	41.13 ± 7.63
50-1	6.02 ± 0.45	Ban. 2	46 ± 3.12
50-2	5.95 ± 0.15	Hün. 1	nd
55-1	0.75 ± 0.15	Hün. 2	nd
56-1	0.75 ± 0.11	Hün. 3	nd

* Aynı sütunda aynı harf ile temsil edilen ortalamalar arasındaki fark 0.05 düzeyinde önemli değildir.

Çizelge 4.23. Genotiplere ait kafeik asit konsantrasyonları (mg/100 g)

Genotip	Kafeik asit (mg/100 g)	Genotip	Kafeik asit (mg/100 g)
5 no	1.03 ± 0.08	57-1	0.68 ± 0.15
6 No	1.12 ± 0.09	58-1	1.11 ± 0.4
7 No	1.16 ± 0.17	59-1	3.62 ± 0.09
8 No	0.32 ± 0.07	63-1	0.4 ± 0.08
9 No	0.95 ± 0.11	63-2	0.16 ± 0.01
7-1	2.38 ± 0.3	66-1	nd
8-1	nd	70-1	0.52 ± 0.08
8-5	0.05 ± 0.01	70-2	0.62 ± 0.09
8-6	0.09 ± 0.01	72-1	0.08 ± 0.02
8-7	nd	72-2	0.02 ± 0
16-1	0.59 ± 0.1	81-1	0.06 ± 0.02
16-4	0.04 ± 0	81-2	nd
16-6	1.43 ± 0.09	81-3	nd
16-7	nd	88-1	nd
17-1	nd	88-2	0.84 ± 0.08
18-1	nd	90-1	0.06 ± 0.02
18-2	nd	90-2	0.29 ± 0.02
18-7	0.33 ± 0.16	91-1	2.06 ± 0.21
20-1	0.39 ± 0.02	91-2	nd
20-2	nd	91-3	1.35 ± 0.09
20-3	0.05 ± 0.01	92-1	1.57 ± 0.14
20-4	0.96 ± 0.08	97-1	0.18 ± 0.02
37-1	6.61 ± 0.54	97-2	0.07 ± 0.02
37-2	1.14 ± 0.17	99-1	1.37 ± 0.12
40-1-1	nd	99-2	nd
40-1-2	0.16 ± 0.01	99-3	0.82 ± 0.09
43-1	nd	99-4	nd
45-1	0.37 ± 0.04	99-5	0.06 ± 0.01
46-1-1	0.71 ± 0.06	Bin. E	nd
46-1-2	1.15 ± 0.07	Ban.1	9.96 ± 1.28
50-1	nd	Ban.2	13.81 ± 0.36
50-2	nd	Hün.1	nd
55-1	0.01 ± 0	Hün.2	0.17 ± 0.03
56-1	0.88 ± 0.07	Hün.3	nd

*Aynı sütunda aynı harf ile temsil edilen ortalamalar arasındaki fark 0.05 düzeyinde önemli değildir.

4.4. Verilerin Değerlendirilmeleri**4.4.1. Korelasyon Analiz Sonuçları**

Çalışmada yer alan genotipere ait meyvelerin bazı pomolojik ve kimyasal özelliklerini arasındaki korelasyon analizleri yapılmıştır. Bu analizlere ait sonuçlar Çizelge 4.24’de verilmiştir. Elde edilen sonuçlara göre istatiki açıdan 0.01 ve 0.05 önem seviyelerinde korelasyon belirlenmiştir. Veriler arasındaki korelasyon seviyeleri farklı olmuştur. L ile a ve F arasında yüksek seviyede korelasyon belirlenmiştir. L ile F arasında pozitif yönde ($r = 52$), L ile a arasında negatif yönde ($r = - 0.68$) korelasyon görülmüştür. TFMM ile GA ve F arasında yüksek seviyede korelasyon tespit edilmiştir. F ile TFMM arasında korelasyonun yönü negatifken ($r = - 53$), GA ile TFMM arasındaki korelasyonun yönü ($r = 65$) pozitif olmuştur. a ile C, G, F, EP ve R arasında ise düşük seviyede korelasyon tespit edilmiştir. a ile G ($r = - 0.19$), F ($r = - 18$) ve EP ($r = 0.05$) arasındaki korelasyonun yönü negatif olmuştur. b ile G ($r = 0.45$) ve F ($r = 0.48$) arasında orta seviyeli korelasyon belirlenmiştir. TFMM ile GA arasında ise orta seviyede, negatif yönlü ($r = - 0.31$) korelasyon olduğu görülmüştür.

Çizelge 4.24 Korelasyon sonuçları

Özellik	L	a	b	C	S	G	F	TFMM	GA	KA	EP	R
L	1.00	-0.68*	0.90*	-0.43*	0.26*	0.49*	0.52*	-0.54*	-0.41*	-0.32*	-0.24*	-0.33*
a		1.00	-0.60*	0.08	-0.36*	-0.19*	-0.18*	0.24*	0.26*	0.21*	-0.05	0.02
b			1.00	-0.35*	0.26*	0.45*	0.48*	-0.47*	-0.34**	-0.25*	-0.25*	-0.26*
C				1.00	0.31*	-0.45*	-0.51*	0.42*	0.19*	0.20*	0.13	0.17**
S					1.00	0.15**	0.14**	-0.21*	-0.23*	-0.21*	-0.16**	-0.16**
G						1.00	0.97*	-0.51*	-0.28*	-0.38*	-0.23*	-0.25*
F							1.00	-0.53*	-0.31*	-0.38*	-0.23*	-0.26*
TFMM								1.00	0.65	0.81*	0.37*	0.57*
GA									1.00	0.58	0.31*	0.42*
KA										1.00	0.32*	0.44*
EP											1.00	0.27*
R												1.00

*Korelasyon 0.01 seviyesinde önemlidir. **Korelasyon 0.05 seviyesinde önemlidir.

(S: Sakkaroz, G: Glikoz, F: Fruktoz, TFMM: Toplam fenolik madde miktarı, GA: Gallik asit, KA: KAtişin, EP: Epikateşin, R: Rutin)

4.4.2. Temel Bileşenler Analizi (Principal Component Analysis) Sonuçları

Temel Bileşenler Analizi, çok değişkenler içeren bir istatistik metodudur. Popülasyon içerisinde yer alan bireyler arasındaki dağılımı ve araştırılan özellikler arasındaki korelasyonların değerlendirilmesini sağlar (Brown, 2012). Doktora tez çalışması kapsamında incelenen meyve kalite özelliklerine ait temel bileşen analiz sonuçları Çizelge 4.25’de, genotiplerin kimyasal ve pomolojik özelliklerine ait temel bileşen analizi sonuçlarına göre dağılımı Çizelge 4.26’da sunulmuştur.

Yapılan temel bileşenler analizinde, eigenvalue değeri 1’den büyük olan bileşenler dikkate alınmıştır. Ele alınan değişkenler beş bileşen altında toplanmıştır. Buna göre 1. bileşen altında meyve eni, L değeri ve TFMM değerleri yer alırken, 2. bileşen altında meyve boyu, meyve ağırlığı, çekirdek ağırlığı, C vitamini ve Sakkaroz değerleri, 3. bileşen altında a değeri, pH değeri, asitlik değeri, kateşin ve epikateşin değerleri bulunmaktadır. 4. bileşen altında meyve et-çekirdek oranı ve SÇKM değerleri ve 5. bileşen altında ise glikoz, fruktoz, gallik asit ve rutin değerleri yer almıştır.

Birinci bileşen toplam varyasyonun % 33.38’ini, ikinci bileşen %16.62’sini, üçüncü bileşen %10.52’sini, dördüncü bileşen % 9.60’ını ve beşinci bileşen ise %5.76’sını açıklamaktadır. Toplam varyansın ise % 75.87’sini açıklamaktadır.

Temel Bileşenler Analiz sonuçları değerlendirildiğinde, araştırılan özelliklerin büyük çoğunluğunun birinci bileşen altında yer aldığı görülmüştür. Birinci bileşeni etkileyen en önemli özellikler sırasıyla; meyve eni (0.32), L değeri (0.32) ve meyve boyu (0.28) şeklinde olmuştur. Negatif değer gösteren a değeri, pH, SÇKM, C vitamin, TFMM, gallik asit, kateşin, epikateşin ve rutin değerleri dışında PCI değerleri, bu karakterler açısından yüksek değerleri veren genotipleri işaret etmektedir. İkinci bileşeni etkileyen özellikler sırasıyla; C vitamin (0.41), Meyve ağırlığı (0,36) ve çekirdek ağırlığı (0.36) olmuştur. Asitlik (0.36) değeri üçüncü bileşeni etkilemiştir. Birinci ve ikinci bileşende araştırılan genotiplerin dağılımındaki etkisi düşük düzeyde olmuştur.

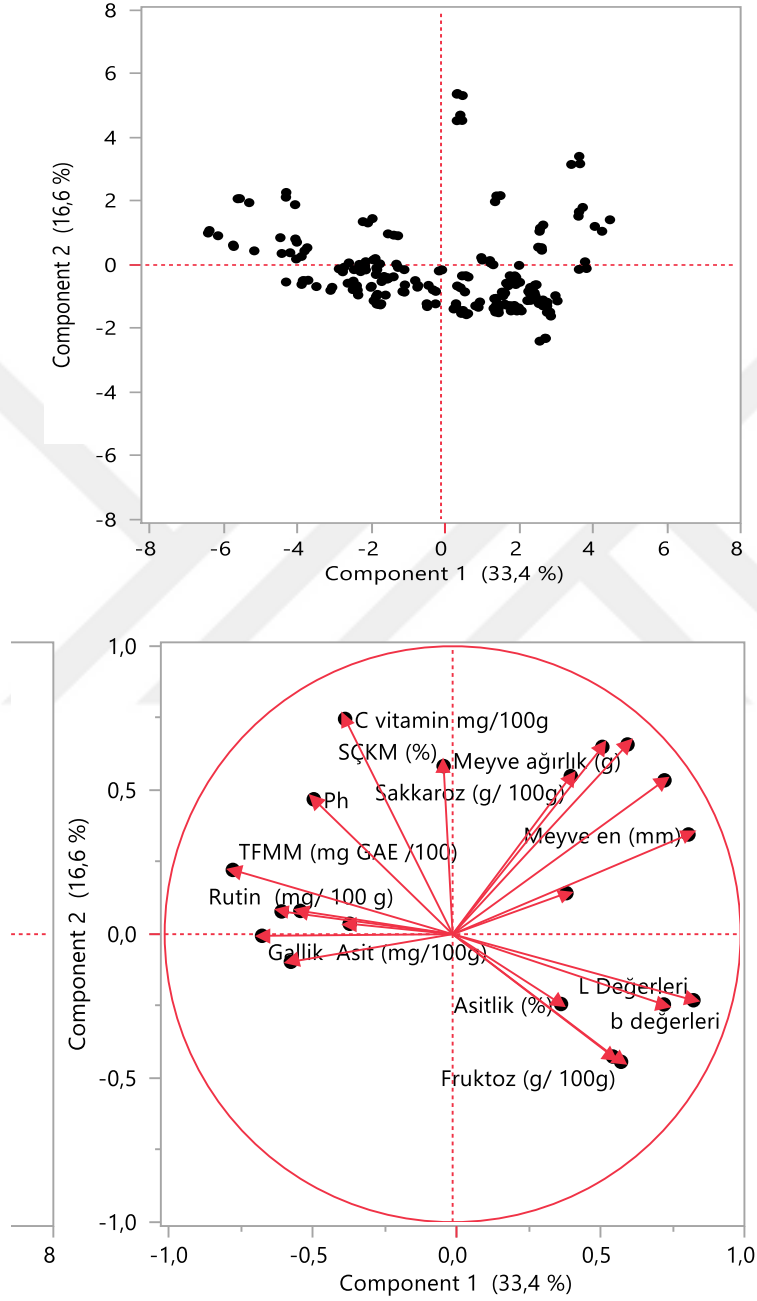
Çalışmada yer alan genotiplerin bileşen skorlarına göre dağılımları değerlendirildiğinde karakter skorları ile uyumlu olarak ilk iki grupta yer alan

meyve eni, L değeri ve meyve değerlerinin, üçüncü, dördüncü ve beşinci grupta yer alan genotiplere göre yüksek olduğu, TFMM değerinin düşük olduğu görülmüştür.

Çizelge 4.25. Meyve kalite özelliklerine ait temel bileşenler analiz sonuçları

Özellik	Prin1	Prin2	Prin3	Prin4	Prin5
Meyve Boy (mm)	0.28	0.29	0.05	-0.20	0.18
Meyve en (mm)	0.32	0.19	0.12	-0.20	0.19
Meyve ağırlık (g)	0.24	0.36	0.12	-0.16	0.24
Çekirdek ağı. (g)	0.20	0.36	-0.06	0.12	0.21
Meyve Et/Çek. Oran. (%)	0.15	0.08	0.10	-0.43	-0.13
L Değerleri	0.32	-0.13	0.22	0.13	-0.03
a değerleri	-0.22	-0.05	-0.31	-0.26	0.07
b değerleri	0.28	-0.13	0.21	0.19	-0.05
pH	-0.19	0.26	-0.38	0.19	0.11
Asitlik (%)	0.15	-0.13	0.36	0.25	-0.32
SÇKM (%)	-0.01	0.32	-0.07	0.41	-0.30
C vitamin mg/100g	-0.14	0.41	-0.01	0.13	-0.22
Sakkaroz (g/100g)	0.16	0.30	-0.08	0.28	-0.04
Glikoz (g/ 100g)	0.22	-0.23	-0.22	0.29	0.32
Fruktoz (g/ 100g)	0.23	-0.24	-0.20	0.24	0.37
TFMM (mg GAE /100)	-0.30	0.12	0.28	0.03	0.20
Gallik Asit (mg/100g)	-0.26	0.00	0.18	0.12	0.35
Kateşin (mg/100 g)	-0.23	0.04	0.38	-0.02	0.24
Epikateşin (mg/100 g)	-0.14	0.02	0.32	0.15	0.01
Rutin (mg/100 g)	-0.20	0.04	0.20	0.18	0.31
Eigen Değeri	6.68	3.32	2.10	1.92	1.15
Varyans (%)	33.38	16.62	10.52	9.60	5.76
Kümülatif Varyans (%)	33.38	49.00	60.51	70.11	75.86

Çizelge 4.26. Genotiplerin kimyasal özelliklerine ait temel bileşen analizi sonuçlarına göre dağılımı



4.5. Moleküler Çalışmalar

Yürütülen tez çalışmasında, farklı lokasyonlarda doğal olarak yetişen 53 ve Kayısı Araştırma Enstitü Müdürlüğü ülkesel alıç koleksiyon bahçesinde yetiştirilen 12 alıç genotipi arasındaki genetik ilişki ISSR, SRAP ve SSR markörleri kullanılarak araştırılmıştır.

4.5. ISSR Analizleri

Çalışmada yer alan genotiplerde, en yüksek polimorfik bant veren ISSR primerlerini belirlemek için 8 alıç (7-1, 8-1, 20-1, 37-1, 43-1, 50-1, 81-1 ve 91-1) genotipi, 24 adet ISSR primeri ile taranmıştır. Primer testlerinden sonra elde edilen verilere göre, en yüksek polimorfik bant veren 14 adet ISSR primeri çalışmalarda kullanılmıştır.

4.5.1. Alıç Genotiplerinin ISSR Markörleri ile Karakterizasyonunda Polimorfizmin Değerlendirilmesi

ISSR primerleri ile yapılan tarama testi sonucunda belirlenen 14 adet ISSR primerleri ile 65 alıç genotipinde çalışma yapılmıştır. Agaroz jel ve görüntüleme işlemleri sonrasında, elde edilen amplifikasyon ürünleri değerlendirilmiştir. Bu ürünler içerisinde, belirgin bant var (1), yok (0), amplifikasyonun olmaması (9) rakamları ile değerlendirilmiştir. Çalışmada yer alan her bir ISSR primerine ait, bant uzunlukları (bp), elde edilen toplam bant sayısı (TBS), polimorfik bant sayısı (PBS), polimorfizm oranı (PO), ve primerlere ait polimorfizm bilgi içerikleri (PBI) belirlenmiş ve Çizelge 4.27’de sunulmuştur.

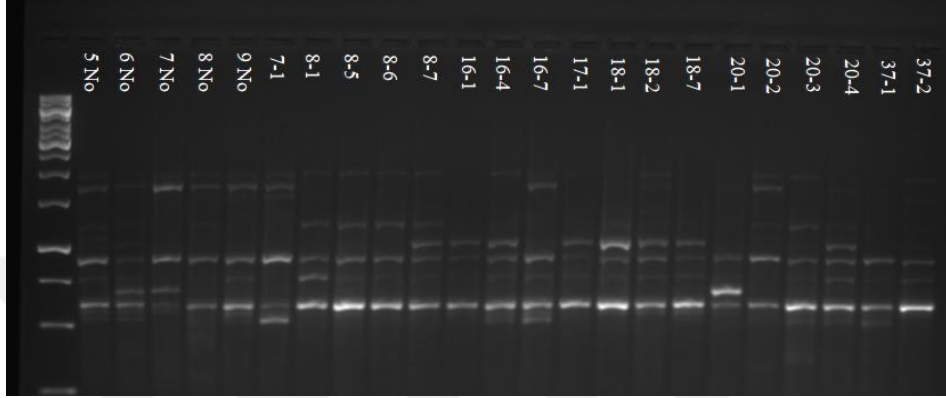
ISSR primerleri ile yapılan analizlerde bant uzunlukları 250 – 1500 bp arasında değişmiştir. En düşük bant uzunluğu 250 bp ile UBC-808, UBC-818, UBC-835 ve UBC-843 primerlerinde, en yüksek bant uzunluğu 1500 bp ile UBC-850 primerinde görülmüştür. 97 tanesi polimorfik olmak üzere, toplam 111 bant elde edilmiştir ve polimorfizm oranı % 87.32 olarak tespit edilmiştir. Primer başına bant sayısı 4 ile 12 arasında değişirken, primer başına ortalama bant sayısı 7.93

olmuştur. Primer başına polimorfik bant sayısı ise 4 ile 11 arasında değişmiş ve ortalamasının 6.93 olduğu belirlenmiştir. En düşük bant sayısı UBC-843 (4), en yüksek bant sayısı ise UBC-818 (12) primerlerinden elde edilmiştir. ISSR primerlerin polimorfizm bilgi içeriğinin 0.41 ile 0.88 arasında değiştiği ve ortalama değerin 0.66 olduğu gözlemlenmiştir. En düşük polimorfizm bilgi içeriği 0.41 ile UBC-835 primerinde, en yüksek değer 0.88 ile UBC-826 primerinde tespit edilmiştir.

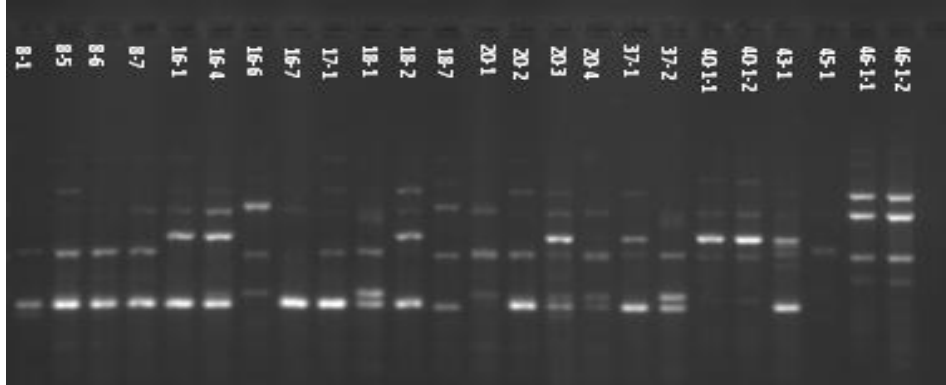
Çizelge 4.27. ISSR primerlerinin amplifikasyonu sonucu elde edilen bant uzunlukları (bp), toplam bant sayısı (TBS), Polimorfik Bant Sayısı (PBS), Polimorfizm Oranı (PO), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PBi)

Primer No	Primer	Bant Uzunlukları Aralıkları	TBS (adet)	PBS (adet)	PO (%)	PBi
1	UBC-808	250 - 700	8	6	75	0,41
2	UBC-810	300 - 750	8	8	100	0,65
3	UBC-811	300 - 1000	10	10	100	0,48
4	UBC-815	300 - 1300	7	6	85,71	0,83
5	UBC-816	320 - 1000	8	6	75,00	0,53
6	UBC-818	250 - 1100	12	11	91,67	0,81
7	UBC-820	450 - 1100	6	5	83,33	0,57
8	UBC-824	400 - 1200	6	5	83,33	0,77
9	UBC-826	400 - 1300	7	7	100	0,88
10	UBC-828	300 - 1200	8	7	87,5	0,76
11	UBC-834	300 - 1200	11	10	90,91	0,62
12	UBC-835	250 - 1000	8	6	75	0,46
13	UBC-843	250 - 1000	4	4	100	0,87
14	UBC-850	350 - 1500	8	6	75	0,61
Toplam	-	-	111	97	-	-
Ortalama	-	-	7,93	6,93	87,32	0,66

Çalışmalarda kullanılan UBC-818 ve UBC-824 ISSR primerlerine ait jel görüntüleri Şekil 4.1. ve 4.2’de sunulmuştur.



Şekil 4.1. UBC-818 ISSR primerlerine ait jel görüntüsü



Şekil 4.2. UBC-824 ISSR primerine ait jel görüntüsü

Alıç türlerinde yürütülen genetik çeşitlilik çalışmalarında daha çok morfolojik parametreler kullanılmıştır. Ancak, hem ülkemiz hemde dünyada son yıllarda yapılan, sınırlı sayıda moleküler karakterizasyon çalışmaları bulunmaktadır. Literatürde, alıç türlerinde RAPD, ScoT, CAPS, cpDNA, IRAP, İPBS, ISSR ve SSR (Albarouki ve ark, 2006; Rajep ve ark, 2009; Lo ve ark, 2009; MirAli ve ark, 2009; Yılmaz ve ark, 2010; Serçe ve ark, 2011; Beigmohamadi ve ark, 2011; Rahmani ve ark, 2015; Khiari ve ark, 2015; Moghadam ve ark, 2015;

Fang ve ark, 2017; Emami ve ark, 2018; Güney ve ark, 2018; Hu ve ark, 2021) moleküler markör teknikleri kullanılarak yürütülen moleküler karakterizasyon çalışmaları yer almaktadır.

MirAli (2009), 49 adet *Crataegus* L. ve 1 adet *Pyrus syriaca* (Suriye armudu), genotipi arasındaki genetik çeşitliliği 20 adet ISSR primeri kullanarak değerlendirmişlerdir. Çalışmada yer alan primerlerin hepsinin amplifikasyon sağladığı, 206'sı polimorfik olmak üzere toplamda 220 bant elde edildiğini bildirmişlerdir. Bant uzunlukları 100 – 1100 bp arasında değişmiştir. Çalışmada yer alan *Pyrus syriaca* örneğinde ise kendine özgü 3 bantın amplifikeye olduğu belirlenmiştir.

Alıç türlerinde, ISSR primerleri kullanılarak yürütülen karakterizasyon çalışmalarında benzer sayılarda ISSR primerlerinin yer aldığı ve sonuçların başarılı olduğu görülmüştür. Keleş (2018), 78 alıç genotipi ile yürüttüğü çalışmada, 14 adet ISSR primeri ile 103 bant elde edildiğini ve bunların 101'inin polimorfik olduğunu bildirmiştir. Polimorfizm oranı % 97.42 iken, lokus başına değişen allel sayısı 4 ile 12 arasında değişmiştir. Fang ve ark (2017), 5 farklı popülasyondan temin edilen, 92 *C. songorica* genotipinde, 12 ISSR primeri ile karakterizasyon çalışması yürütmüşlerdir ve 303 bant elde ettiklerini, bu bantların 298 tanesinin polimorfik olduğunu bildirmişlerdir. Polimorfizm oranı % 98.38 iken, lokus başına allel sayısının 16 ile 30 arasında değiştiğini, ortalamanın 25.25 olduğunu tespit etmişlerdir. MirAli (2009), 49 alıç genotipi ve bir *Pyrus syriaca* genotipi ile yaptığı çalışmada polimorfizm oranının % 91 olduğunu bildirmiştir. 14 adet ISSR primeri kullanarak yürütülen bu tez çalışmasında, 97'si polimorfik olmak üzere toplam 111 bant elde edilmiştir. Yaptığımız çalışmada polimorfizm oranı % 87.32 olarak belirlenmiş ve primer başına bant sayısı 4 ile 12 arasında değişmiştir. Elde ettiğimiz sonuçların, Fang (2017), yaptığı çalışmaya göre toplam bant, polimorfik bant, polimorfizm oranı ve allel başına düşen bant sayısının daha düşük olduğu görülmekle beraber literatürde yer alan diğer çalışmalarla uyumlu olduğu görülmektedir.

Çalışmada yer alan UBC-808'den 8, UBC-811'den 10, UBC-818'den 12, UBC-824'den 6, UBC-834'den 11 allel elde edilmiştir. Aynı primerlerle farklı araştırmacıların alıç türlerinde yaptıkları çalışmalarda, Rahmani (2015), UBC-808'den 13, UBC-811'den 15, UBC-818'den 12, UBC-820'den 16, UBC-824'den 16 ve Emami (2018), UBC-808'den 9, UBC-811'den 11, UBC-818'den 11, UBC-820'den 10, UBC-834'den 9 allel elde etmişlerdir. Aynı primer ile aynı türde çalışırken, allel sayılarının farklılığı; çalışılan genotipler arasındaki çeşitliliğe ve genotip sayısına göre değişir. Ayrıca, annealing sıcaklığında allel sayılarında ve uzunluklarında değişiklik olmasına neden olur (Zhuang ve ark, 2004).

Rahmani (2015), yaptığı çalışmada polimorfizm bilgi içeriğinin en düşük 0.14 ile UBC-808, en yüksek 0.30 ile UBC-824 primerlerinden belirlendiğini ve ortalamanın 0.23 olduğunu bildirmişlerdir. Emami (2018), en düşük polimorfizm bilgi içeriğinin 0.20 ile UBC-808, en yüksek 0.33 ile UBC-807 primerlerinden elde edildiğini ve ortalamanın 0.27 olduğunu ifade etmişlerdir. Yaptığımız çalışmada en düşük polimorfizm bilgi içeriği 0.41 ile UBC-835 primerlerinden, en yüksek 0.88 ile UBC-826 primerinden elde edilirken, ortalama 0.66 olarak tespit edilmiştir. Yaptığımız çalışmada polimorfizm bilgi içeriğinin literatürde yer alan diğer çalışmalardan daha yüksek olduğu görülmektedir.

4.5.2. ISSR Analizleri Sonucu Elde Edilen Dendrogramlar ve Temel Koordinatlar Analizi

65 alıç genotipi arasındaki akrabalık ilişkileri ISSR markörleri ile belirlemek amacıyla yapılan çalışmada, kümeleme analizlerinden faydalanılarak dendrogramlar oluşturulmuştur. Mantel Matriks Benzerlik testi (Mantel's Matrix Correspondence Test) ile dendrogramın benzerlik matrisini temsil etme oranı belirlenip, kofenetik korelasyon katsayısı, r değeri 0.66 olarak belirlenmiştir. Bu benzerlik matrisinden faydalanılark, temel bileşenler analizleri (Principle Component Analysis=PCA), PAST programında oluşturulmuştur. Genotiplere ait

UPGMA dendrogramı Şekil 4.3’de, temel bileşenler analizi Şekil 4.4’de sunulmuştur.

Dendrogram incelendiğinde genotipler arasında benzerlik düzeyinin 0.54 ile 0.96 arasında değiştiği ve dendrogramın 2 ana gruba ayrıldığı görülmektedir. Birinci ana grup içerisinde sadece 37-2 nolu genotip yer almış ve 0.54 benzerlik düzeyi ile diğer genotiplerden ayrılmıştır.

2. ana grubun kendi içerisinde fazla sayıda alt gruplara ayrıldığı görülmektedir. 2. ana grubun içerisinde 91-1, 90-2 ve 63-2 nolu genotipler 0.56 benzerlik oranı ile ayrı bir grup oluştururken, 92-1, 91-2, 90-1 ve 20-2 nolu genotipler farklı alt grup içerisinde yer almıştır.

Çalışmada yer alan, 5, 6, 16-6, 16-7, 20-1, 18-7, 9, 8, 63-1, 97-1, 56-1, 58-1, 45-1, 99-3, 99-1, 97-2, 91-3, 7, 37-1, 59-1, 70-2, 70-1, 57-1 ve 7-1 nolu genotipler benzerlik oranı 0.62 olan grup içerisinde yer almış ve kendi içerisinde alt gruplara ayrılmıştır. *C. monogyna*, *C. longipes*, *Crataegus x sinacia* ve *C. microphylla* türlerinin bu alt grup içerisinde yer aldığı belirlenmiştir. Genotiplerin dağılımı üzerinde türlerin etkisi olmuştur. 7-1, 57-1, 70-1 ve 70-2 nolu genotipler *C. monogyna* türü içerisinde yer alıp, genotiplerin benzerlik oranlarının yakın olduğu görülmektedir. 65-1, 64-2, 50-1, 50-2, 66-1, 99-5, 88-2, 46-1-1, 46-1-2, 90-2, 88-1, 82-1, 81-3, 81-2, 81-1, 72-2, 43-1, 40-1-2, 40-1-1, 17-1, 99-2, 20-4, 16-4, 18-2, 18-1 ve 16-1 nolu genotiplerin benzerlik oranı 0,58 olmuştur ve alt gruplara ayrılmışlardır.

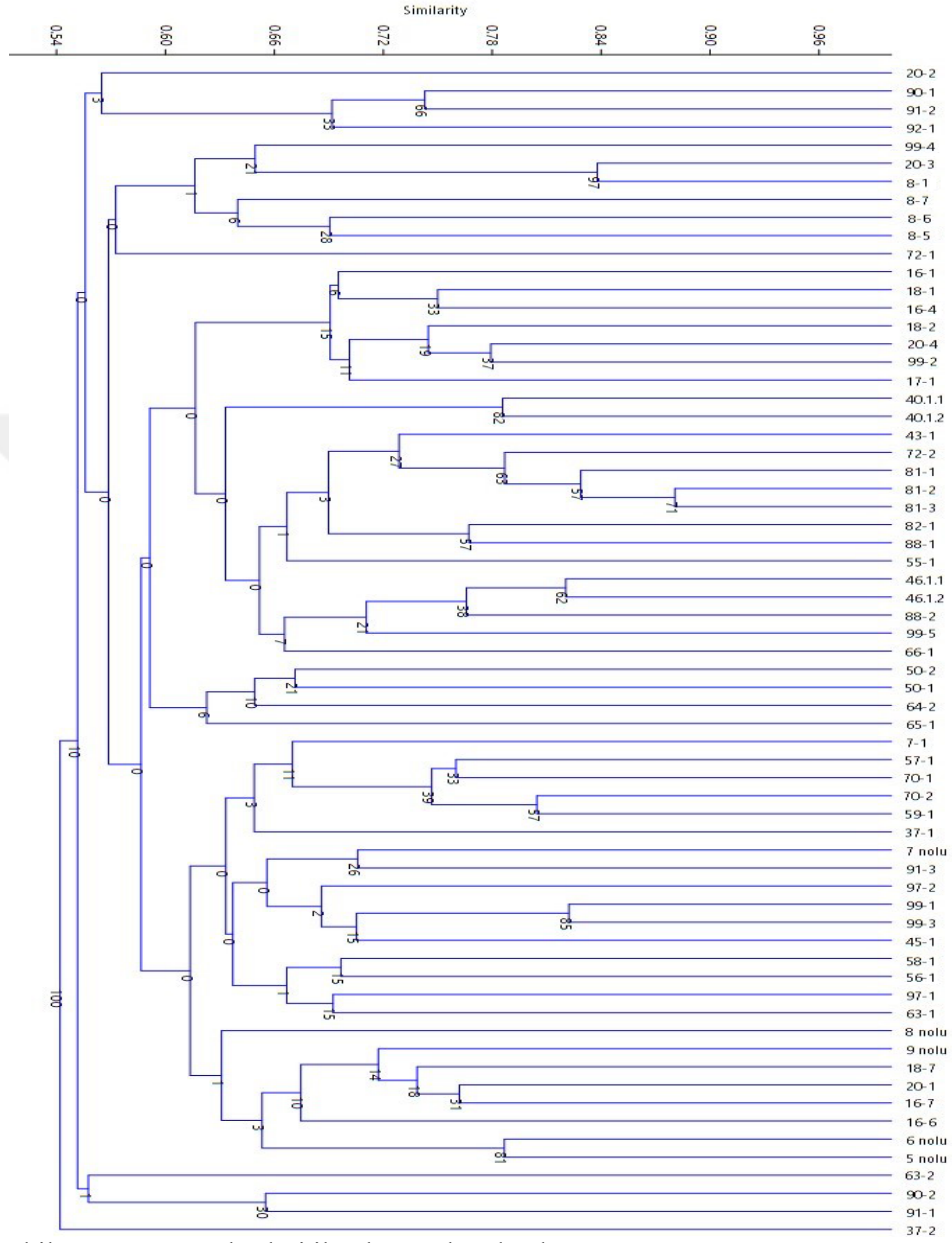
Aynı alt grubun içerisinde yer alan 50-1, 50-2, 64-2 ve 65-1 nolu genotipler, kendi içerisinde alt gruplara ayrılmıştır. 50-1 ve 50-2 nolu genotiplerin *C. orientalis* türü içerisinde yer aldığı ve 0,68 benzerlik oranına sahip oldukları görülmektedir. 64-2 nolu genotip, 0.64 benzerlik oranı ile 50-1 ve 50-2 nolu genotiplerden ayrılırken, 65-1 nolu genotip 0.62 benzerlik oranı ile bütün genotiplerden ayrılmıştır. 64-2 nolu genotip *Crataegus x bornmuelleri* türü içerisinde yer alır. *Crataegus x bornmuelleri* türü *C.orientalis* ve *C. tanacetifolia* türlerinin melezidir. Bu yüzden 64-2 nolu genotipin, 50-1, 50-2 (*C. orientalis*) ve

65-1 nolu (*C. tanacetifolia*) genotipler ile aynı grup içerisinde yer alıp, kendi içerisinde alt gruplara ayrılmıştır.

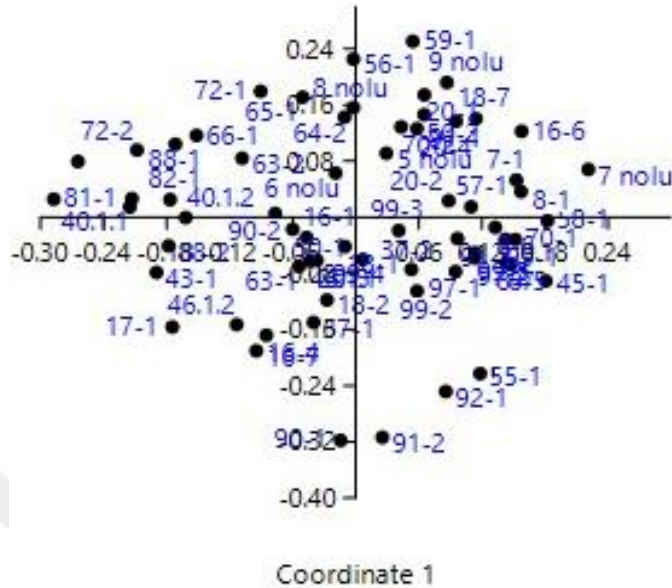
0.89 benzerlik oranı ile 81-3 (*C. azorolus*) ve 81-2 (*C. azorolus*) nolu genotiplerinin birbirine yakın olduğu görülmektedir. 46-1-1 nolu ve 46-1-2 nolu genotiplerin 0.83 benzerlik oranı, 99-1 (*C. monogyna*) 99-3 nolu (*C. longipes*) genotiplerin 0.81 ve 88-1 (*C. azorolus*) ve 88-2 (*C. azorolus*) nolu genotiplerin 0.76 benzerlik oranı gösterdiği belirlenmiştir. 81-3 ve 81-2 nolu genotipler Gaziantep (Merkez), 46-1-1 ile 46-1-2 nolu genotipler Kayısı Araştırma Enstitüsü koleksiyon parseli (Orjin Mersin-Gölnar), 88-1 ile 88-2 nolu genotipler Kahramanmaraş (Pazarcık) bölgelerinde, birbirlerine yakın lokasyonlarda yetişmektedirler. Bu genotiplerin benzerlik oranları üzerinde, türlerin yakınlığı ile birlikte coğrafi orjinlerin etkili olduğunu düşündürmektedir.

Yaptığımız çalışmada kofenetik korelasyon katsayısı 0.66 olarak bulunmuştur. Alış türlerinde ISSR primerleri ile yapılan karakterizasyon çalışmalarında, kofenetik korelasyon katsayısı Fang ve ark (2017), 0.87, Emami ve ark (2018), 0.94 ve Keleş (2018), 0.80 olarak bildirmişlerdir. Elde ettiğimiz kofenetik katsayısının, diğer araştırmacıların elde ettiği değerlerden daha düşük olduğu görülmektedir.

Temel bileşenler analizi uygulanan genotiplerin, bütün bölgelerde dağılım gösterdiği gözlenmiştir. Bununla birlikte bazı genotiplerin birbirine yakın gruplandığı görülmektedir. Bu durum çalışma materyalini oluşturan genotiplerin, hem birbirinden farklı türleri hemde aynı türleri kapsayan genotiplerden oluşmasından kaynaklanmaktadır.



Şekil 4.3. ISSR markörleri ile oluşturulan dendrogram



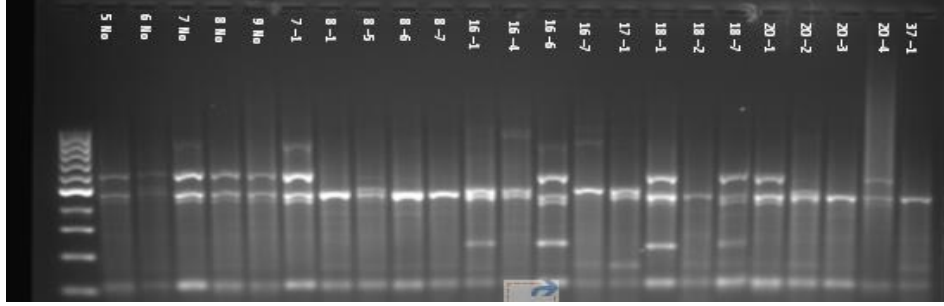
Şekil 4.4. ISSR verileriyle yapılan temel koordinat analizi sonucu elde edilen iki boyutlu grafik

4.5.2. SRAP Analizleri

Çalışmada, 65 alıç genotipi arasındaki genetik çeşitliliği belirlemek için SRAP markörlerinden faydalanılmıştır. 5 adet forward (ileri) ve 6 adet reverse (geri) primerlerinin 30 farklı kombinasyonu denenmiş, amplifike olan 7 kombinasyonla çalışmalar yürütülmüştür.

4.5.2.1. Alıç Genotiplerinin SRAP Markörleri ile Karakterizasyonunda Polimorfizmin Değerlendirilmesi

Primer tarama testinde belirlenen 7 SRAP primer kombinasyonuyla çalışmamızın materyalini oluşturan 65 alıç genotipinde analizler yapılmıştır. Jel görüntüleme işlemi ile elde edilen amplifikasyon ürünleri değerlendirilmiştir. Bu ürünlerin belirgin bant (1), yok (0) ve amplifikasyonun olmaması (9) rakamı ile ifade edilmiştir. Çalışmada yer alan me13em12 SRAP primerler kombinasyonuna ait jel görüntüsü sunulmuştur.



Şekil 4.5. me13em12 SRAP primer kombinasyonuna ait jel görüntüsü

Çalışmada yer alan 7 SRAP primer kombinasyonuna ait bant uzunluklarının 100–800 bp arasında değiştiği belirlenmiştir. En düşük bant uzunluğu 100 bp ile me13em9 ve me13em12 kombinasyonlarında, en yüksek bant uzunluğu ise 800 bp ile me1em4 primer kombinasyonunda görülmüştür. Yapılan analizlerde toplam 52 bant elde edilmiş ve primer başına düşen ortalama bant sayısı 7.43 olmuştur. En yüksek bant sayısı 9 bant ile me1em4, me13em12 ve en düşük bant sayısı 5 bant ile me12em9 kombinasyonunda elde edilmiştir.

SRAP primerleri ile yapılan analizlerde elde edilen toplam polimorfik bant sayısı 45 ve polimorfik bant ortalaması 6.43 olarak tesbit edilmiştir. Primerlerin polimorfizm ortalaması % 90.2 olmuştur. me1em4, me1em6, me11em7 primer kombinasyonlarında polimorfizm oranı % 100 iken, me13em9 primer kombinasyonunda bu oran % 75 olarak belirlenmiştir. En düşük polimorfik bant, 4 bant ile me12em9, en yüksek polimorfik bant ise 8 bant ile me13em12 kombinasyonlarında belirlenmiştir. 7 SRAP primerine ait polimorfizm bilgi içeriğinin ortalaması 0.68 olmuştur. En düşük polimorfizm bilgi içeriği 0.47 ile me13em9 kombinasyonunda, en yüksek değer ise 0.83 ile me1em4 kombinasyonunda elde edilmiştir. Çalışmada yer alan SRAP primer kombinasyonuna ait, bant uzunlukları (bp), elde edilen toplam bant sayısı (TBS), polimorfik bant sayısı (PBS), polimorfizm oranı (PO) ve primerlere ait polimorfizm bilgi içerikleri (PBI) belirlenmiş ve Çizelge 4.2’de sunulmuştur.

Çizelge 4.28. SRAP primerlerinin amplifikasyonu sonucu elde edilen bant uzunlukları (bp), toplam bant Çalışmada sayısı (TBS), Polimorfik Bant Sayısı (PBS), Polimorfizm Oranı (PO), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PBI)

Primer No	Primer	Bant Uzunlukları Aralıkları (bp)	TBS (adet)	PBS (adet)	PO (%)	PBI
1	me1em4	150 - 800	9	7	100	0,83
2	me1em6	150 - 700	7	7	100	0,74
3	me11em7	150 - 700	6	6	100	0,75
4	me12em9	150 - 600	5	4	80	0,52
5	me13em9	100 - 600	8	6	75	0,47
6	me13em12	100 - 700	9	8	88,89	0,73
7	me13em13	150 - 600	8	7	87,5	0,72
Toplam	-	-	52	45	-	-
Ortalama	-	-	7,43	6,43	90,2	0,68

SRAP, Li ve Quiros (2001) tarafından geliştirilen, açık okuma bölgelerini hedef alan, PCR temelli etkili bir markör sistemidir. Uygulanabilirliği kolay, maliyeti ucuz ve etkilidir (Li ve Quiros, 2001). Litaratürde, SRAP markörleri ile yürütülen, alıç türlerinde genetik çeşitlilik çalışmalarına rastlanmamıştır.

Farklı bitki türlerinde SRAP markörleri ile yapılan çalışmalarda başarılı sonuçlar elde edilmiştir. Li ve ark (2010), Çin'in farklı bölgelerinde yetişen 26 hünnap genotipinde genetik çeşitliliği 19 SRAP primer kombinasyonu kullanarak değerlendirmişlerdir. Yapılan çalışmada 570'i polimorfik olmak üzere toplam 580 bant elde edildiğini, primer başına düşen bant sayısının 11 ile 53 arasında değiştiğini ve ortalamanın 30 bant olduğunu bildirmişlerdir. Jing ve ark (2013), farklı lokasyonlarda yetişen 95 *Amygdalus* spp. (badem) genotinde 14 SRAP primer kombinasyonunu kullanarak genetik çeşitliliği araştırmışlardır. Bant

uzunlukları 100–2000 bp arasında değişen, toplam 162 bant elde edilmiştir. Yapılan çalışmada polimorfizm oranı % 99.35 iken primer başına bant sayısı 6–21 arasında değişmiştir. Li ve ark (2014), 69 kayısı ve 8 hibrit erik genotiplerinin yer aldığı çalışmada, 12 SRAP primer kombinasyonunu kullanarak moleküler karakterizasyon çalışması yürütmüşlerdir. Toplamda 157 bant elde etmişler ve polimorfizm oranının % 79.6 olduğunu, primer başına düşen bant sayısının ortalama 13.1 olduğunu bildirmişlerdir. Bengü (2019), 90 nar genotipinde 14 SRAP primer kombinasyonundan faydalanarak genetik çeşitlilik çalışması yürütmüştür. Elde edilen toplam bant sayısının 73, polimorfik bant sayısının 60, bant uzunluklarının 170 ile 1400 bp arasında değiştiğini bildirmiştir. Yürüttüğümüz tez çalışmasında, bant uzunlukları 100–800 bp arasında değişen toplam 52 bant elde edilmiştir. Polimorfizm oranının % 90.2 ile diğer araştırmacıların bulduğu sonuçlarla uyumlu olduğu görülmektedir. Primer başına düşen bant sayısı 4 ile 8 arasında değişmiştir. Bu sonuç, Li ve ark (2010), hünnap genotipleri ile yaptıkları çalışmada elde ettikleri primer başına düşen bant sayısından (11-53) daha düşük olduğu görülmektedir. Bu durumunda çalışılan türün ve genotiplerin farklılığından kaynaklandığı düşünülmektedir.

Uzun ve ark (2009), 83 *Citrus* genotipi ile yürüttükleri moleküler karakterizasyon çalışmasında 21 SRAP primer kombinasyonundan faydalanmış ve PBİ değerinin 0.77 ile 0.93 arasında değiştiğini ortalamanın 0.86 olduğunu, Abedian (2012), 47 *P. mahaleb* L. ve 6 *P. avium* L. genotipi ile yürüttükleri çalışmada, 13 SRAP primer kombinasyonunu kullanmışlar ve PBİ'nin 0.3 ile 0.8 arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Genetik çeşitliliği ölçmek için polimorfizm oranı (PO) ve polimorfizm bilgi içeriği (PBİ) verileri kullanılır. PBİ değerlerinin $PBİ > 0.5$, $0.5 > PBİ > 0.25$ ve $PBİ < 0.25$ değerlerine göre yüksek, orta ve düşük allel polimorfizm değerlerini verir (Abedian ve ark, 2012).

Yürüttüğümüz tez çalışmasında polimorfizm bilgi içeriği değerlerinin 0.77 ile 0.83 arasında değiştiği ve ortalamanın 0.68 olduğu belirlenmiştir. Bu sonuçlar, elde ettiğimiz değerlerin yüksek grubu içerisinde yer aldığını ve diğer araştırmacıların elde ettiği PBİ verilerinden daha yüksek olduğunu göstermiştir.

4.5.2.2. SRAP Analizleri Sonucu Elde Edilen Dendrogramlar ve Temel Koordinatlar Analizi

Çalışmamızda yer alan 65 alıç genotipi arasındaki genetik çeşitliliği belirlemek için, SRAP tekniği kullanılarak analizler yapılmıştır. Elde edilen benzerlik indeksinden faydalanılarak UPGMA yöntemiyle kümeleme analizleri yapılmıştır. Benzerlik indeksi 0.40 ile 0.97 aralığında yer alan dendrogram oluşturulmuştur. SRAP markörleri ile oluşturulan dendrogram Şekil.4.6'da sunulmuştur. Alıç genotipleri arasında Mantel Matriks Benzerlik testi (Mantel's Matrix Correspondence Test) ile dendrogramın benzerlik matrisini temsil etme oranı belirlenip, kofenetik korelasyon katsayısı (r değeri) 0.65 olarak belirlenmiştir. Bu benzerlik matrisinden elde edilen veriler ile temel bileşenler analizleri (Principle Component Analysis=PCA), NTSYS programında oluşturulmuştur.

SRAP analizlerinde elde edilen verilerle oluşturulan dendrogram incelendiğinde, 0.40 benzerlik oranıyla 2 ana gruba ayrıldığı gözlemlenmiştir. 1. ana grupta, 18-1 nolu genotip yer almaktadır. Çalışmamızda yer alan diğer genotipler 2. ana grubun içerisinde yer alıp, kendi içerisinde çok sayıda alt gruplara ayrılmıştır. İlk alt grubun içerisinde 20-2, 20-3 ve 20-4 nolu genotipler yer almıştır. 20-3 nolu genotipin tür teşhisi yapılamamıştır. Ancak, *C. azarolus* türüne ait olduğu düşünülmektedir. Bu tür içerisinde yer alan 20-4 nolu genotip ile aynı grup içerisinde yer alması, 20-3 nolu genotipin *C. azarolus* türüne dâhil olduğu düşüncesini doğrulamaktadır. 20-2, 20-3 ve 20-4 nolu genotiplerin lokasyonların yakın olmasına rağmen benzerlik oranları 0.64 olarak belirlenmiştir. Aynı durum, 88-1 ile 88-2 (*C. azarolus*) genotipleri 0,80 benzerlik oranı, 81-1 ve 81-2 nolu genotipler (*C. azarolus*) 0.76 benzerlik oranı gösterdikleri belirlenmiştir. Bu durum genotiplere ait morfolojik farklılıklarlada gözlenlenmiş ve türün geniş varyasyon göstermesinden kaynaklandığı düşünülmektedir.

45-1, 6 nolu, 8 nolu, 18-7, 63-2, 20-1, 59-1, 16-6 ve 37-1 nolu genotipler 0.58 benzerlik oranı göstererek, kendi içlerinde alt gruba ayrıldıkları görülmektedir. *C. monogyna*, *Crataegus x sinacia*, *C. pentagyna* ve *C. longipes* türlerinin bu grup içerisinde alt gruplara ayrılarak yer almaktadır. Genotipler arasında en yakın benzerlik oranının 0.86 ile 17-1 ile 18-2 nolu (*C. azarolus*) ve

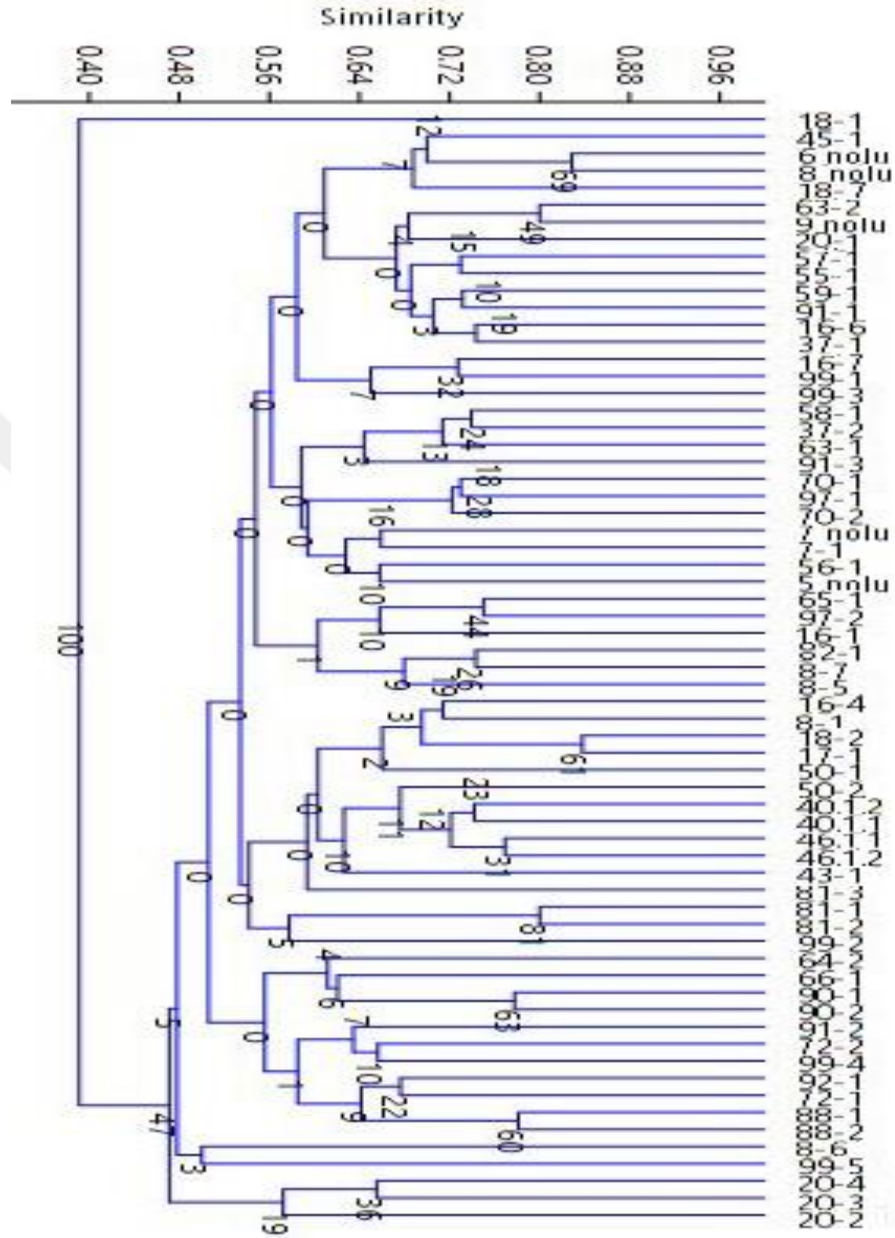
0.82 benzerlik oranı ile 6 nolu ve 8 nolu (*C. monogyna*) genotiplerinde belirlenmiştir. *C. monogyna* türüne ait olan 6 ve 8 nolu genotipler aynı alt grup içerisinde yer alırken, 45-1 (*Crataegus x sinacia*) nolu genotip 0.70 benzerlik oranı ile 18-7 (*Crataegus x sinacia*) nolu genotip 0.68 benzerlik oranı ile bu genotiplerden ayrılmaktadır. Bu durum, *Crataegus x sinacia* türünün, *C. monogyna* ve *C. azarolus* türlerinin melezi olmasıyla açıklanmaktadır.

C. pentagyna türüne ait olduğu düşünülen, 37-1 ve 37-2 nolu genotipler 0.58 benzerlik oranı ile birbirlerinden ayrılmışlardır. 37-1 ve 37-2 nolu genotipleri arasında morfolojik farklılıklarda bulunmaktadır. Bu durum genetik açılmanın olduğunu 37-2 nolu genotipin türü temsil etmeyip, hibrit genotip olacağını düşündürmektedir.

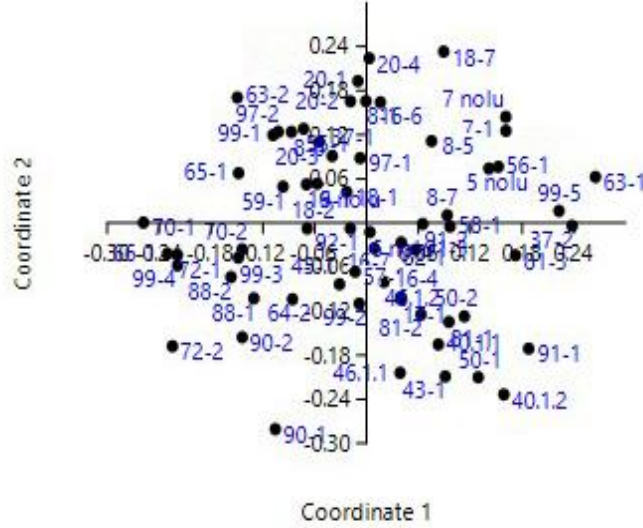
SRAP analizlerinde elde edilen verilerle oluşturulan dendrogram içerisinde, aynı türe ait genotiplerin, aynı alt gruplar içerisinde yer aldığı görülmektedir. 70-1, 97-1 ve 70-2 (*C. monogyna*) nolu genotipler 0,72 benzerlik oranı ile 7 ve 7-1 (*C. monogyna*) nolu genotiplerin 0,70 benzerlik oranı ile birbirlerinden ayrıldığı belirlenmiştir.

Yapılan çalışmalarda kofenetik korelasyon katsayısı 0.65 olarak belirlenmiştir. SRAP markörleri ile alıç türlerinde yapılan genetik çeşitlilik çalışmaları bulunmamaktadır. Uzun ve ark (2009), 83 *Citrus* genotipi ile yaptıkları çalışmada $r = 0,93$, Li ve ark (2010), hünnap genotipleri ile yaptıkları çalışmada $r = 0.22$ ve Abedian ve ark (2012) , 47 adet *P. mahaleb* L. ve 6 adet *P. avium* L. genotipi ile yürüttükleri çalışmada $r = 0.93$ olduğunu bildirmişlerdir. Elde ettiğimiz kofenetik korelasyon katsayısı değeri, Li ve ark (2010), elde ettiği değerden daha yüksek olmakla beraber, Uzun ve ark (2009), ve Abedian ve ark (2012), bildirdiği kofenetik korelasyon katsayısı değerinden daha düşük olmuştur.

Temel bileşenler analizi Şekil 4.7’de sunulmuştur ve 65 alıç genotipinin 4 bölgede de dağılım gösterdiği gözlemlenmiştir.



Şekil 4.6. SRAP markörleri ile oluşturulan dendrogram



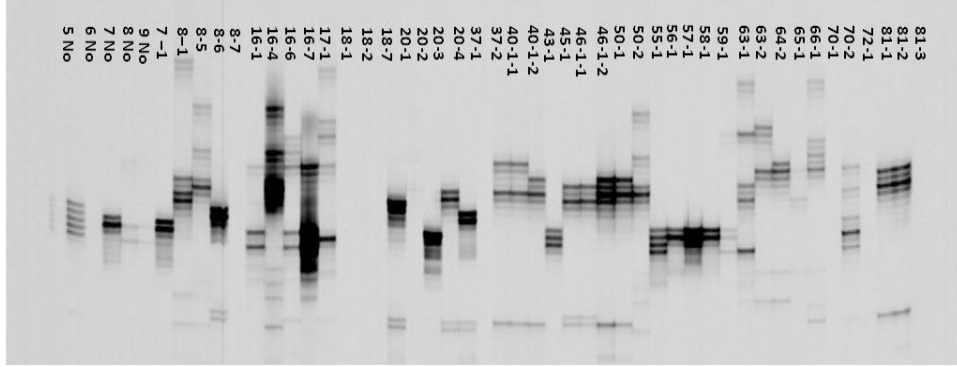
Şekil 4.7. SRAP verileriyle yapılan temel koordinat analizi sonucu elde edilen iki boyutlu grafik

4.5.3. SSR Analizleri

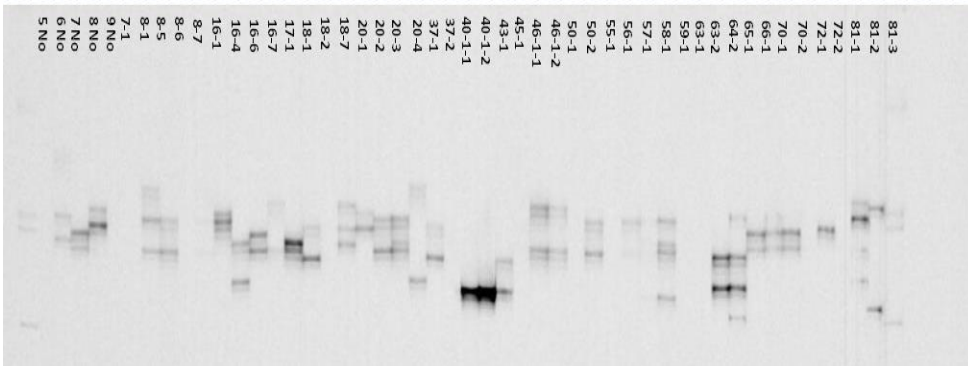
SSR markörleri ile yürütülen moleküler karakterizasyon çalışmalarında, Lo ve ark (2009), ve Khiari ve ark (2015), tarafından *Crataegus* türlerinde genetik çeşitliliği belirlemek için kullandıkları ve başarılı sonuçlar aldıkları 8 SSR primer çifti (CH01F0, CH05G11, CH04G04, CH05D11, CH05G07, CH03C02, CH01F07, CH03A02) kullanılmıştır.

4.5.3.1. Alıç Genotiplerinin SSR Markörleri ile Karakterizasyonunda Polimorfizmin Değerlendirilmesi

Yürütülen çalışmada yer alan 65 alıç genotipi arasındaki genetik çeşitlilik SSR markörleri ile araştırılmıştır. Analizlerde 8 SSR primer çifti kullanılmıştır. Li-Cor DNA analyzer cihazı ile jel görüntüleme işlemi yapıp, görüntüler değerlendirilmiştir. CH05D11 primer çiftine ait jel görüntüsü Şekil 4.8’de ve CH03C02 SSR primer çiftine ait jel görüntüsü Şekil 4.9’da sunulmuştur.



Şekil 4.8. CH05D11 SSR primerine ait jel görüntüsü



Şekil 4.9. CH03C02 SSR primerine ait jel görüntüsü

Bant varlığı (1), yokluğu (0), amplifikasyonun olmaması (9) rakamı ile ifade edilmiştir. Değerlendirme sonucu SSR primer çiftlerine ait, bant uzunlukları (bp), elde edilen toplam bant sayısı (TBS), polimorfik bant sayısı (PBS), polimorfizm oranı (PO) ve primerlere ait polimorfizm bilgi içerikleri (PBI) Çizelge 4.29.'da, sunulmuştur.

Çizelge 4.29. SSR primerlerinin amplifikasyonu sonucu elde edilen bant uzunlukları (bp), toplam bant Çalışmada sayısı (TBS), Polimorfik Bant Sayısı (PBS), Polimorfizm Oranı (PO), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PBI)

Primer No	Primer	Bant Uzunlukları Aralıkları (bp)	TBS (adet)	PBS (adet)	PO (%)	PBI
1	CH01F02	160 - 200	9	9	100	0,80
2	CH05G11	110 - 155	8	8	100	0,87
3	CH04G04	185 - 245	11	11	100	0,89
4	CH05D11	165 - 195	7	7	100	0,88
5	CH05G07	180 - 210	6	6	100	0,86
6	CH03C02	180 - 240	8	8	100	0,94
7	CH01F07	120 - 180	6	6	100	0,92
8	CH03A02	160 - 220	9	9	100	0,96
Toplam	-	-	64	64	-	-
Ortalama	-	-	8	8	100	0,89

Çalışmada yer alan SSR primer çiftlerine ait baz uzunlukları 110–245 bp arasında değişmiştir. En düşük baz uzunluğu 110 bp CH05G11 primer çiftinden, en yüksek baz uzunluğu 245 bp ile CH04G04 primer çiftinden elde edilmiştir. Yapılan çalışmada toplam allel sayısı 64 olarak belirlenmiştir. Primer başına düşen allel sayısı 11 ile 6 arasında değişmiş, ortalama allel sayısı 8 olmuştur. Primer çiftlerinin hepsinde polimorfizm oranı % 100 olarak tesbit edilmiştir. Primerlere ait polimorfizm bilgi içeriği 0.80 ile 0.96 arasında değişmiş ve ortalama 0.89 olarak değişmiştir.

Alıç türleri ile yapılan moleküler karakterizasyon çalışmalarında RAPD ve ISSR markörleri yaygın olarak kullanılmıştır. Ancak SSR yöntemi bitki genetiği ve ıslahı konusunda yapılan çalışmalarda daha fazla bilgi sağlar. SSR markörleri polimorfik, ko-dominant, güvenilir ve daha kullanışlıdır.

Alıç türlerinde, SSR markörleri ile yapılan sınırlı sayıda genetik çeşitlilik çalışmaları vardır. Fang ve ark (2017), Çin'in farklı bölgelerinde yetişen 92 *C. songorica* genotipinde genetik çeşitlilik çalışması yürütmüşlerdir. 43 SSR primer çifti 739 allel üretmiş, lokus başına allel sayısı 7–31 arasında büyük değişkenlik göstermiştir. Polimorfik bant sayısının 5 ile 29 arasında değiştiğini, ortalama polimorfik bant sayısı 15,65, polimorfizm oranının % 90,53 olduğunu bildirmişlerdir. Khaira ve ark (2015), 9 farklı popülasyonda yetişen, 86 *C. azarolus* var. *aronia* genotipinde genetik çeşitlilik çalışması yürütmüşlerdir. Çalışmada 7 SSR primer çifti yer almış, toplam 69 bant elde edilmiş ve bütün primerlerin polimorfik olduğunu belirlemişlerdir. Ayrıca, popülasyonlara göre primerlerin allel sayısının değişiklik gösterdiğini bildirmişlerdir. Emami ve ark (2018), farklı lokasyonlarda yetişen 211 alıç genotipinde 11 SSR primer çifti ile yaptıkları karakterizasyon çalışmasında toplam 76 bant elde etmişlerdir. Primerlerin bant sayısı 5 ile 9 arasında değişmiş ve ortalama bant sayısı 6,91 olmuştur. SSR primerlerine ait bant uzunlukları 95-245 arasında değişirken, polimorfizm oranının %93,75 olduğunu belirlemişlerdir. Güney ve ark (2018), 91 alıç genotipinde, 32 SSR primer çiftini kullanarak yaptıkları karakterizasyon çalışmasında toplam elde edilen bant sayısı 265 olmuştur. Lokus başına allel sayısı 2 ile 21 arasında değişirken, ortalama allel sayısı 8,28 olmuştur. Yürüttüğümüz tez çalışmasında yer alan genetik materyal 7 SSR primer çifti ile analiz edilmiş ve toplam 64 bant elde edilmiştir. Lokus başına allel sayısı 6 ile 11 arasında değişirken, ortalama allel sayısı 8 olmuştur. Çalışmada yer alan primerlerin hepsi polimorfik bant üretmiştir. SSR markörleri ile yapılan çalışmalarla karşılaştırdığımızda allel sayısının, polimorfik bant sayısının uyumlu olduğu, yürüttüğümüz çalışmada polimorfizm oranının (%100) yüksek olduğu görülmektedir.

Crataegus cinsinde SSR markörleri ile yapılan çalışmalarda polimorfizm bilgi içeriğinin 0.82 – 0.95 (Sheng, 2017), 0.05 – 0.89 (Khaira ve ark, 2015) ve 0.45 – 0.72 (Emami ve ark, 2018), arasında değiştiği bildirilmiştir. Yürüttüğümüz çalışmada polimorfizm bilgi içeriğinin 0.80 ile 0.96 arasında değiştiği, ortalamanın 0.89 olduğu belirlenmiştir. Bu sonuçlarda Sheng (2017), 0.82 – 0.95 aralığında elde ettiği verilerle uyumlu, literatürde yer alan diğer verilerden daha yüksek olduğu görülmektedir.

4.5.3.2. SSR Analizleri Sonucu Elde Edilen Dendrogramlar ve Temel Koordinatlar Analizi

SSR tekniği ile yapılan çalışmada, kümeleme analizlerinden faydalanılarak dendrogramlar oluşturulmuştur. Mantel Matris Benzerlik testi (Mantel's Matrix Correspondence Test) ile dendrogramın benzerlik matrisini temsil etme oranı belirlenip, kofenetik korelasyon katsayısı, r değeri 0.66 olarak belirlenmiştir. Bu benzerlik matrisinden faydalanarak, temel bileşenler analizleri (Principle Component Analysis=PCA), PAST programında oluşturulmuştur. Genotiplere ait UPGMA dendrogramı Şekil 4.10'da, temel bileşenler analizi Şekil 4.11'de sunulmuştur.

Çalışmada yer alan 65 alıç genotipi arasındaki benzerlik indeksi 0,2 ile 1,00 arasında değiştiği, dendrogramın 1 ana grubun altında çok sayıda alt grup oluşturduğu görülmektedir. Ana grup 0.50 benzerlik oranıyla kendi içerisinde alt gruplara ayrılmıştır. 40-1-1, 40-1-2, 43-1, 81-1, 81-2 ve 81-3 genotiplerinin bu alt gruplar içerisinde yer aldığı gözlemlenmiştir. 81-1 ve 81-2 nolu (*C. azorolus*) genotipler 0,90 benzerlik oranıyla, en yakın benzerlik değerlerini sahip olmuşlardır. 40-1-2 ve 40-1-1 nolu (*C. orientalis*) genotipler 0,88 benzerlik oranıyla aynı alt grup içerisinde yer almışlardır.

97-1 nolu genotip, yer aldığı grup içerisinde 0,34 benzerlik oranıyla diğer genotiplerden ayrılmıştır. 97-1 nolu genotip *C. monogyna* türü içerisinde yer almış ve alt türü tanımlanamamıştır. Çalışmada yer alan 37-2 nolu (*C. pentagyna*)

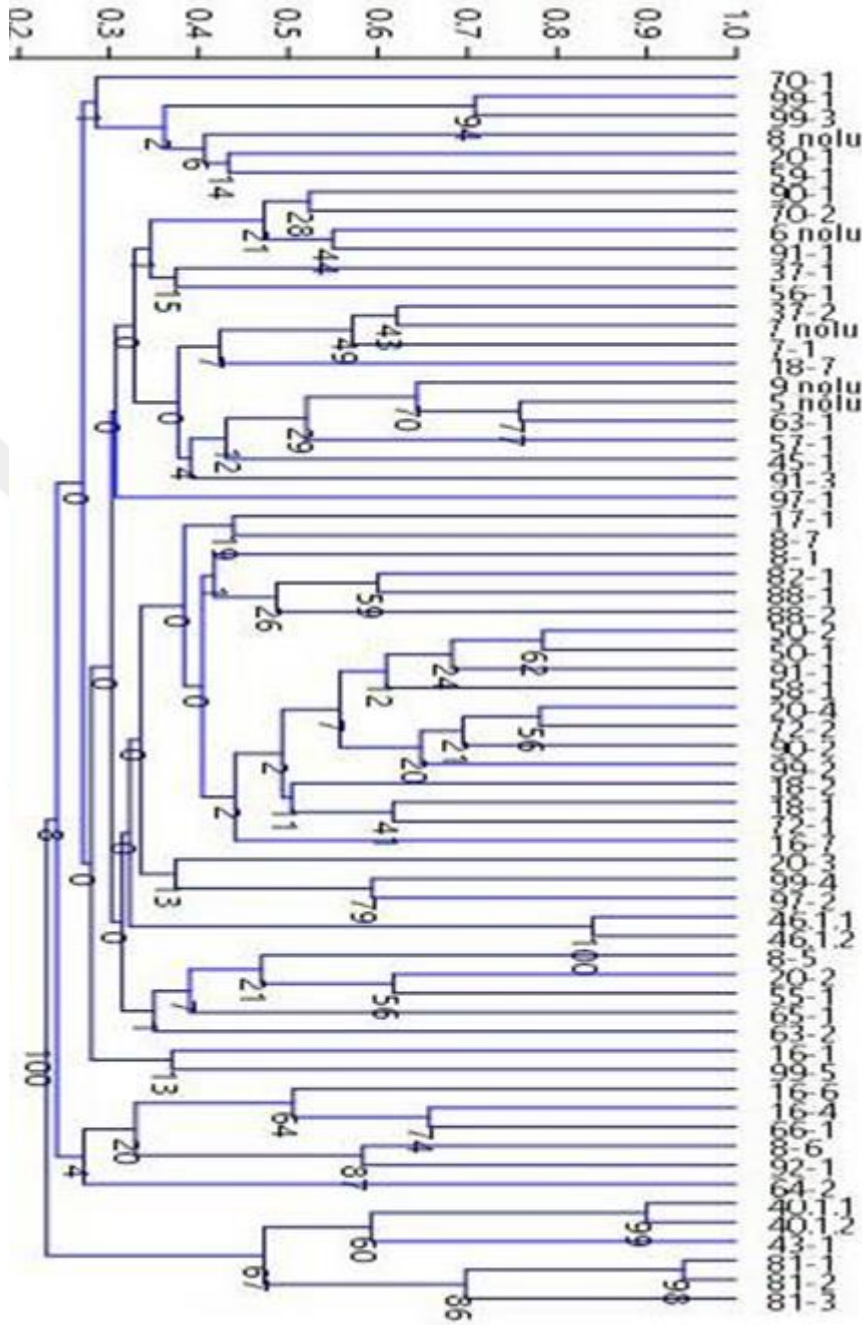
genotip 0,62 benzerlik oranıyla 7 nolu genotipe yakın olduğu görülmektedir. Yine 37-1 nolu (*C. pentagyna*.) genotip ile genetik benzerlik oranı 0.40 olduğu belirlenmiştir. 37-1 ve 37-2 nolu genotipleri arasında morfolojik farklılıklarda bulunmaktadır. Bu durum genetik açılmanın olduğunu 37-2 nolu genotipin türü temsil etmeyip, hibrit genotip olacağını düşündürmektedir.

C. monogyna, *Crataegus x sinacia*, *C. pentagyna* ve *C. longipes* türlerinin pek çok alt grup oluşturarak, aynı gruplar içerisinde yer aldığı belirlenmiştir. Bu sonuçta ISSR ve SRAP markörleri ile yapılan çalışmalar ile uyumludur. SSR markörleri ile yapılan çalışmada, aynı türe ait olan genotiplerin aynı alt gruplarda toplandığı ve bu dağılımda ekolojik faktörlerin de etkili olduğu görülmektedir.

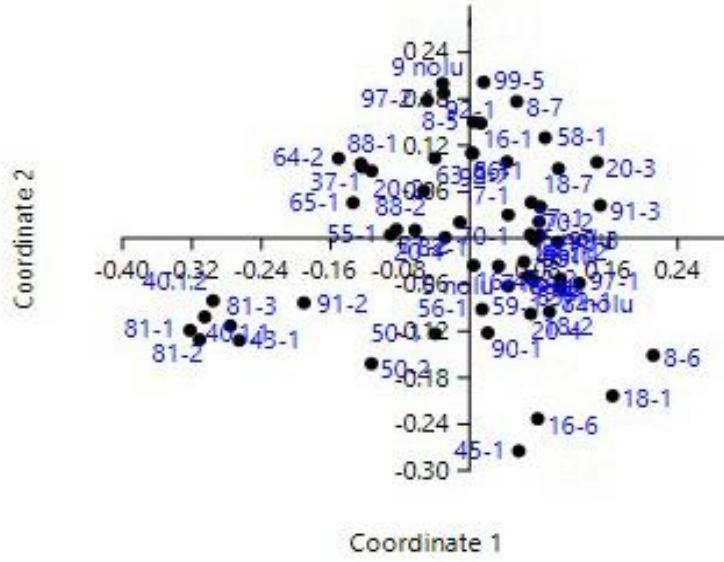
Yürütülen çalışmada, ISSR teknikleri ile yapılan analizlerde benzerlik indeksi 0.54 ile 0.96 arasında, SRAP tekniği ile yapılan çalışmalarda 0.47 ile 0.97 ve SSR tekniği ile yapılan çalışmalarda ise 0.2 ile 1.00 arasında değiştiği belirlenmiştir. SSR markörleri ile yapılan çalışmada genotiplerin benzerlik oranının daha geniş bir aralıkta yer aldığı görülmektedir.

SSR, markörleri ile yapılan çalışmalarda kofenetik korelasyon katsayısı $r = 0,72$ olarak belirlenmiştir. Khiari ve ark (2015), 9 farklı alıç popülasyonunu ayrı ayrı değerlendirmiş ve korelasyon katsayısının 0.37 ile 0.69 arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Sheng ve ark (2017), ise yaptıkları çalışmada korelasyon katsayısını 0.96 olarak tespit etmişlerdir. Serçe ve ark (2011), alıç türlerinde RAPD primerleriyle yaptığı çalışmada korelasyon katsayısı değerini 0.99 olarak bildirmişlerdir. Elde ettiğimiz korelasyon katsayı değerinin, Serçe ve ark (2011), elde ettikleri değerden daha düşük olmasıyla beraber, literatürle uyumlu olduğu görülmektedir.

Temel bileşenler analizinin bütün bölgelerde dağılım gösterdiği ve bazı bölgelerde yoğunlaştığı görülmektedir.



Şekil 4.10. SSR markörleri ile oluşturulan dendrogram



Şekil 4.11. SSR verileriyle yapılan temel koordinat analizi sonucu elde edilen iki boyutlu grafik

5. SONUÇLAR VE ÖNERİLER

Alıç, Rosaceae familyasının içerisinde yer alan ve ülkemiz florasında doğal olarak yetişen en yaygın türlerden birisidir.

Bu tez çalışmasında, ülkemiz florasında doğal olarak yetişen 53 alıç ve Kayısı Araştırma Enstitüsü ülkesel alıç koleksiyon parselinde yer alan 12 alıç genotipinin moleküler karakterizasyonu ISSR, SRAP ve SSR markörleri kullanılarak araştırılmıştır. Ayrıca yürütülen çalışma ile bu meyve türünün, fenolojik, pomolojik ve türün zengin kimyasal içeriğinin belirlenmesi için çalışmalar yapıp, ülke genetik kaynaklarının verimli kullanılması hedeflenmiştir. Tez çalışmasında, fenolojik gözlem, pomolojik ve kimyasal analizlerde takson dışı olarak 3 elma ve 3 hünnap genotipi yer almıştır.

Araştırmada elde edilen sonuçlar ise şu şekilde olmuştur;

Alıç genotiplerinin çiçek açma tarihlerinin 05-05-2019 ile 11-06-2019, meyve olum dönemlerinin ise 18-09-2019 ile 28-10-2019 tarihleri arasında değiştiği gözlemlenmiştir. Çiçek açma ve meyve olum tarihleri üzerinde tür, genotip, ekoloji ve rakım etkili olmuştur.

Çalışmada yer alan genotiplere ait meyvelerin meyve ağırlığı, meyve boyutları, çekirdek ağırlığı, meyve/et çekirdek oranı ve $L*a*b^*$ değerleri analizler ile belirlenmiştir. Meyve ağırlığının 13.7 ile 0.46 g arasında değiştiği ve en yüksek meyve ağırlığına 13.7 g ile 50-2 (*C. orientalis*) ve 13.64 g ile 50-1 (*C. orientalis*.) nolu genotiplerin sahip olduğu tespit edilmiştir. Yine genotiplere ait meyvelerin en ve boy ölçümleri mm cinsinden ölçülüp, en yüksek meyve boyu 24.09 mm ile 43-1 (*C. orientalis*) nolu genotipte, en düşük meyve boyu 7.98 mm ile 16-6 (*Crataegus* spp.) nolu genotipte ölçülmüştür. En yüksek meyve eni değerleri ise, 30.33 mm ile 50-2 nolu genotipte, en düşük meyve eni 6.84 mm ile 16-6 (*Crataegus* spp.) nolu genotiplerde belirlenmiştir. Genotiplere ait meyve çekirdek ağırlığı ve meyve et/çekirdek oranları ise; çekirdek ağırlığı bakımından en yüksek değerler 1.77 g ile 50-1(*C. orientalis*) ve 1.74 g ile 50-2 nolu (*C. orientalis*) genotiplerden elde

edilmiştir. En düşük değerler ise 0.07 ile 7-1 nolu (*C. monogyna*), 0.1 g ile 45-1 (*C. sinacia*), 57-1 (*C. monogyna*), 56-1 (*C. microphylla*) ve 99-1 nolu (*C. monogyna*) genotiplerde tespit edilmiştir. Meyve et/çekirdek oranı bakımından en yüksek değerler % 92 ile 81-2 ve 81-3 nolu (*C. azorolus*) genotiplerden, en düşük değerler ise %59.67 ile 37-2 (*C. pentagyna*) ve 57-1 nolu (*C. monogyna*) genotiplerde belirlenmiştir.

Tez çalışması kapsamında, genotiplerin meyve ağırlığı, meyve en, meyve boy ve meyve et/çekirdek oranı açısından 50-1 (*C. orientalis*), 50-2 (*C. orientalis*), 81-1 (*C. azorolus*) ve 81-2 (*C. azorolus*) nolu genotipler ön plana çıkmaktadır. 50-1, 50-2 nolu genotipler Kayısı Araştırma Enstitüsü alıç koleksiyon bahçesinde, 81-1, 81-2 nolu genotipler ise çiftçi bahçesinde yetiştirilmektedir. Çalışmada yer alan aynı türe ait genotiplerden, daha iri ve albenisi yüksek meyvelere sahiptirler. Bunun üzerinde kültürel uygulamalarının yapılmasının etkili olduğu düşünülmektedir ve bu genotipler sofralık tüketim potansiyeline sahiptirler. 50-1, 50-2, 81-1 ve 81-2 nolu genotiplerin tescil çalışmaları yapılarak, üretime kazandırılmalıdır.

Araştırmada yer alan genotiplere ait renk analiz sonuçlarının büyük değişkenlik gösterdiği belirlenmiştir. L*değerinin 76.42 (16-4) ile 14.5 (7-1), a* değerinin 45.72 (70-2) ile -8.01 (17-1), b* değerinin 39.44 (8-6) ile 0.12 (37-1) arasında değiştiği belirlenmiştir. Tür ve genotiplere göre renk analiz sonuçları büyük değişkenlik göstermiştir. L* değeri parlaklığı ifade etmekte ve yüzeyi parlak olan genotiplerde daha yüksek değerler elde edilmiştir.

Çalışmada yer alan genotiplere ait meyve örneklerinin kimyasal özelliklerini belirlemek için analizler yapılmıştır. Bu kapsamda pH, suda çözülür kuru madde (%), titre edilebilir asitlik (%), C vitamini (mg/100g), toplam fenolik madde miktarı (mg GAE/100), şeker bileşenleri (g/100 g) ve fenolik bileşenler (mg/100 g) analizleri yapılmıştır.

Çalışmada yer alan alıç genotiplerin içerisinde en yüksek pH değeri 4.28 (91-1), en düşük 2.96 (50-1) olarak belirlenmiştir. Yine, en yüksek suda çözünür

kuru madde değerleri % 22.40 (91-1), en düşük % 5.20 (56-1), titre edilebilir asitlik değerleri ise en yüksek % 2.2 (90-1), en düşük % 0.12 (7 nolu) olarak tespit edilmiştir. pH, suda çözünür kuru madde ve titre edilebilir asitlik değerlerinin, daha önce yapılan çalışmalarla uyumlu olduğu ve tür, genotip, iklim koşulları ve ekolojik koşullara göre değişkenlik gösterdiği belirlenmiştir.

Suda çözünür kuru madde açısından, % 22.40 ile 91-1 (*Crataegus* spp.) ve % 22.13 ile 16-6 (*Crataegus* spp.) nolu genotipler ön plana çıkmışlardır. Araştırmada yer alan diğer alıç genotipleri ile karşılaştırıldığında, bu genotiplerin SÇKM değeri çok yüksektir. Bu genotiplerin kuru meyve ve kurutularak kullanılan bitki çayı olarak değerlendirme potansiyelleri yüksektir.

Alıç genotipleri arasında C vitamini değerlerinin 19.1 mg /100 g ile 0.9 mg /100 g arasında değiştiği belirlenmiştir. Tür, genotip, iklim ve yetiştirme koşullarının C vitamini içeriği üzerinde etkisi olduğu düşünülmektedir.

Araştırmada yer alan meyvelerin şeker bileşenleri HPLC-RID sisteminde ve sakkaroz, glikoz ve fruktoz standartları kullanılarak belirlenmiştir. Alıç meyvelerine ait genotiplerde, sakkaroz konsantrasyonunun 10.15 g/100 g ile 0.93 g/100 g aralığında, glikoz konsantrasyonu 14.26 g/100 g ile 0.40 g/100 g arasında, fruktoz konsantrasyonu ise 15.83 g/100 g ile 0.78 g/100 g arasında değiştiği gözlenmiştir.

Araştırmada yer alan genotiplerin meyvelerine ait toplam fenolik madde miktarları belirlenmiştir. Alıç genotiplerine ait toplam fenolik madde miktarının 56.39 mg GAE/100 g ile 838.72 mg GAE/100 g arasında değiştiği gözlenmiştir. Alıç genotipleri arasında en yüksek değerler sırasıyla 838.72 mg GAE/100 g ile 91-1 nolu (*Crataegus* spp.), 836.98 mg GAE/100 g ile 46-1-1 nolu (*C. aronia*), 730.45 mg GAE/100 g ile 99-1 nolu (*C. monogyna*) genotiplerde kaydedilmiştir. Meyvelere ait fenolik bileşen içeriği ve kompozisyonu oldukça değişkendir. Fenolik bileşen konsantrasyonlarının bireysel olarak hesaplanması oldukça zordur. Fenolik bileşenler meyvelerde tat, koku gibi kalite ile ilgili unsurlarda etkilidirler. Ayrıca insan sağlığı için koruyuculuk ve bağışıklık sisteminin güçlendirilmesi gibi

fonksiyonlara sahiptir. Alıç türleri de yüksek fenolik içeriğiyle dikkat çeken meyve türlerindendir.

91-1 (*Crataegus* spp.), nolu genotip C vitamini ve toplam fenolik madde konsantrasyonu açısından oldukça yüksek değerlere sahiptir. Yabani meyvelerin fonksiyonel gıda olarak kullanımında fenolik madde kompozisyonunun değerlendirilmesi oldukça önemli olduğu bilinmektedir. Bu genotip, fonksiyonel gıda, sağlığı destekleyici ürün olarak kullanım potansiyeline sahiptir.

Araştırmada yer alan genotiplere ait meyve ekstralarının HPLC-DAD sisteminde fenolik bileşen tayinleri yapılmıştır. Analizleri yapılan genotiplerde, farklı miktarlarda olmak üzere gallik asit, kateşin, epikateşin, epigallokateşin gallat, rutin ve kafeik asit bileşenleri tespit edilmiştir. İncelenen alıç genotiplerine ait meyvelerin, gallik asit konsantrasyon sonuçlarının 0.09 mg/100 g ile 5.22 mg/100 g, kateşin konsantrasyonlarının 2.9 mg/100 g ile 143.82 mg/100 g, epikateşin konsantrasyonlarının 0.07 mg/100 g ile 234.58 mg/100 g, rutin konsantrasyonunun 0.67 mg/100 g ile 49.56 mg/100 g, epigallokateşin gallat konsantrasyon sonuçları 0.19 mg/100 g ile 79.5 mg/100 g ile kafeik asit sonuçları, 0.01 mg/100 g ile 6.61 mg/100 g ile arasında değiştiği belirlenmiştir. Alıç türlerine ait meyveler, yapılan analizlerde de belirlendiği gibi zengin fenolik bileşen konsantrasyonuna sahiptirler. Bu nedenle alıç hem taze meyve olarak tüketime, hem de farklı ürünlere işlenerek tüketime uygun tıbbi meyvelerdendir. Alıç bitkisinin gıda değeri oldukça iyi olmasına rağmen şimdiye kadar gıda olarak fazlaca değerlendirilememiştir. Meyvelerinin fonksiyonel özelliği son zamanlarda daha iyi anlaşılmaya başlanmıştır. Bu nedenle alıçtan da fonksiyonel özelliği olan yeni gıda ürünlerinin üretilmesi potansiyeli çok yüksektir. Alıcın kullanım alanlarını genişletip tüketiminin artırılması gerekmektedir.

Doktora tez çalışmasında yer alan, 59-1 (*C. longipes*), 6 (*C. monogyna*), 66-1 (*C. tanacetifolia*), 37-1 (*C. pentagyna*), 37-2 (*C. pentagyna*), 59-1 (*C. longipes*), ve 92-1 (*C. orientalis*) nolu genotiplerinin yüksek değerlerde bireysel fenolik konsantrasyonuna sahip olduğu görülmektedir. Ülkemizde, sadece *C.*

monogyna türü farmokopelere /monograflara kayıtlıdır. Farmokopeye uyumluluk analizleri bu tür üzerinden yapılmaktadır. *C. longipes*, *C. tanacetifolia*, *C. pentagyna* ve *C. orientalis* türlerinde, hem farmokopeye hemde gıda kodekslerine uyumluluk analizleri yapılmalıdır. *C. monogyna* ve bu türlerin sağlığı desteklemek amacıyla kullanılan, alıç ürünlerinde kullanılma potansiyelleri araştırılmalıdır.

Araştırmada yer alan genotipler arasında genetik çeşitliliği belirlemek için moleküler tekniklerden faydalanılmıştır. Çalışmalarda 14 ISSR, 7 SRAP ve 8 SSR primeri kullanılmıştır.

ISSR primerleri ile yapılan çalışmada, polimorfizm oranı % 87.32, polimorfizm bilgi içeriği 0.66 olarak belirlenmiştir. Genotiplere ait benzerlik düzeyi 0.54 ile 0.6 aralığında yer almıştır. Yapılan çalışmada 0.89 benzerlik düzeyi ile 81-3 ve 81-2 nolu genotiplerin birbirlerine en yakın genotipler olduğu belirlenmiştir.

SRAP tekniğiyle yürütülen genetik çeşitlilik çalışmalarında 7 SRAP primer kombinasyonu yer almıştır. Yapılan analizlerde toplam bant sayısı 52, polimorfizm oranı % 90.62 ve polimorfizm bilgi içeriği 0.68 olarak belirlenmiştir. Benzerlik indeksi 0.40 ile 0.97 aralığında olmuştur. Genotipler arasında en yakın benzerlik oranı 0,86 ile 17-1 ile 18-2 nolu genotiplerde belirlenmiştir.

SSR primerleri ile yapılan analizlerde polimorfizm oranı %100, polimorfizm bilgi içeriği 0.89 olarak belirlenmiştir. Çalışmada yer alan 65 alıç genotipi arasında benzerlik indeksi 0.2 ile 1.00 aralığında yer almıştır. 81-1 ile 81-2 nolu genotipler 0.90 benzerlik oranıyla birbirlerine en yakın genotipler olmuştur.

ISSR, SRAP ve SSR primerleri ile yapılan analizlerde, benzerlik indeksi (0.2-1.00) en geniş aralığa sahip olan SSR primerleri olmuştur. SSR primerleri, %100 polimorfizm oranıyla, diğer primerlerden daha yüksek polimorfizm oranı göstermiştir.

Çalışmada yer alan 16-4, 16-6, 16-7, 20-2, 20-3, 55-1, 63-2, 82-1 ve 92-1 nolu genotiplerde tür teşhisi yapılamamıştır. Bu durum, gençlik kısırlığı döneminde olan 82-1 nolu genotipte meyve temin edilememesinden kaynaklanmıştır. Ancak,

diğer genotiplerde yaprak, çiçek, dikenlilik durumu gibi morfolojik yapılarının farklılığından kaynaklanmaktadır. Tür teşhisleri yapılamayan genotipler ile daha kapsamlı çalışma yapılması gerekmektedir.

Moleküler teknikler ile yapılan çalışmalarda, aynı tür ve lokasyon içerisinde yer alan genotiplerin, aynı alt gruplar içerisinde yer aldıkları gözlemlenmiştir. Ancak benzerlik oranlarının düşük olduğu görülmektedir. Bu türün zengin varyasyona sahip olmasından kaynaklanmaktadır. Çalışmada genotiplerin genetik benzerliklerinde, tür ve lokasyon yakınlığının etkili olduğu düşünülmektedir.

Literatürde alıç türlerinde genetik çeşitliliği belirlemek için yapılan az sayıda çalışma bulunmakta ve SRAP tekniğiyle yapılan karakterizasyon çalışması yer almamaktadır. Apomiksis, hibridizasyon ve poliploidi gibi etkenlerden dolayı tanımlaması oldukça zor bir türdür. Bu yüzden, bu türde yürütülen genetik çeşitlilik çalışmalarında daha fazla moleküler tekniklerin kullanılması gerekmektedir. Doktora tez kapsamında yaptığımız moleküler analizler, çalışmada yer alan genotipler arasında yüksek varyasyon olduğunu göstermiştir. Ayrıca, yaptığımız çalışmalar alıç türleri ile yapılacak ıslah çalışmalarına da katkı sağlayacaktır.

Ülkemiz, alıç türleri açısından zengin çeşitliliğe sahiptir. Yapılan çalışma ile alıç türlerine ait fenolojik, pomolojik, kimyasal özellikler incelenip, bu türün genetik çeşitliliği moleküler tekniklerle araştırılmıştır. Yapılan çalışmalar tıbbi ve geleneksel kullanıma sahip alıç türlerinin zengin içeriğinin belirlenmesine katkı sağlayacağı gibi, gelecekte yapılacak alıç ıslahı ile ilgili çalışmalara temel oluşturacaktır.

KAYNAKLAR

- Abadian, M., Talebi, M., Golmohammdi, H.R., Tabatabaei, B.E.S., 2012. Genetic Diversity And Population Structure of Mahaleb Cherry (*Prunus Mahaleb* L.) and Sweet Cherry (*Prunus Avium* L.) Using SRAP Markers. *Biochemical Systematics And Ecology*, 40: 112–117.
- Abuashwashi, M. A., Palomino, O. M., And Gómez-Serranillos, M. P., 2016. Geographic Origin Influences The Phenolic Composition and Antioxidant Potential of Wild *Crataegus monogyna* From Spain, *Pharmaceutical Biology*, 54 (11): 2708-2713.
- Albarouki, E. and Peterson, A., 2007. Molecular And Morphological Characterization of *Crataegus* L. Species (*Rosaceae*) in Southern Syria. *Botanical Journal of The Linnean Society*, 153: 255–263.
- Alirezalu, A., Salehi, P., Ahmadi, N., Sonboli, A., Aceto, S., Maleki, H.H. and Ayyari, M., 2018. Flavonoids Profile and Antioxidant Activity in Flowers And Leaves of Hawthorn Species (*Crataegus* spp.) From Different Regions of Iran. *International Journal Of Food Properties*. Vol. 21(1): 452–470.
- Alirezalu, A., Ahmadi N., Salehi P., Sonboli A., Alirezalu K., Khaneghah A. M., Barba F. J., Paulo E.S., Lorenzo, M. And Lorenzo, J. M., 2020. Physicochemical Characterization, Antioxidant Activity and Phenolic Compounds Of Hawthorn (*Crataegus* spp.) Fruits Species for Potential Use in Food Applications, *Foods* 9: 436.
- Anonim 2021. <https://www.bizimbitkiler.org.tr/v2/hiyerarsi.php?c=Crataegus>.
- Arts, I. and Hollman, P., 2005. Polyphenols and Disease Risk in Epidemiologic Studies. *The American Journal of Clinical Nutrition*, 8: 317–325.
- Avcı, M., 2005. Çeşitlilik ve Endemizm Açısından Türkiye'nin Bitki Örtüsü. *İstanbul Üniversitesi Edebiyat Fakültesi Coğrafya bölümü Coğrafya Dergisi*, 13:27-55.

- Balta,M.F., Karakaya, O., Ekici, G.K.,2015. Çorum’da Yetişen Alıçların (*Crataegus* spp.) Fiziksel Özellikleri. Ordu Üniv. Bil. Tek. Derg., 5(2): 35-41.
- Banderas-Tarabay, J. A., Cervantes-Rodríguez, M., and Méndez-Iturbide, D.,2015. Biological Properties and Antioxidant Activity of Hawthorn *Crataegus mexicana*. Pharmacogenomics Pharmacoproteomics, 6: 6-4.
- Bardakci, H., Celep, E., Gözet, T., T., Kan., Y., Kırmızıbekmez, H., 2019. Phytochemical Characterization and Antioxidant Activities of the Fruit Extracts of Several *Crataegus* Taxa. South African Journal of Botany, 124:5-13.
- Batu, A., Çağlar, A., Emrem, Ö., Çeldker, B., 2007. Alıç Pekmezi Üretimi Gıda Teknolojileri Elektronik Dergisi, 2: 45-51.
- Batu, A., 2012. Alıç Meyvesinin Fonksiyonel Gıda Olarak Değerlendirilmesi ve İnsan Sağlığı Bakımından Önemi. Türk Bilimsel Derlemeler Dergisi 5 (2): 01-05.
- Beigmohamadi, M., and Rahmani, F., 2011. Genetic variation in hawthorn (*Crataegus* spp.) using RAPD markers. African Journal of Biotechnology. 10(37): 7131-7135.
- Bengül, E.,2019. Bazı Nar (*Punica Granatum* L.) Genotiplerinin Srap Markırları İle Moleküler Karakterizasyonu (Yüksek Lisans Tezi). Çukurova Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı. Adana- Türkiye.
- Bernatoniene, J., Masteikova, R., Majiene, D., Savickas, A., Kevelaitis, E., Bernatoniene, R., Dvoráková, K., Civinskiene, G., Lekas, R., Vitkevicius, K., 2008. Free Radical-Scavenging Activities of *Crataegus monogyna* Extracts. Medicina, 44: 706–712.
- Browicz, K., 1972. Flora of Turkey and the East Aegean Islands. Edinburgh: In: Davis PH, editor . Edinburgh University Press: 12-9.

- Brown, P.N., Murch, S.J., Shipley, P. 2012. Phytochemical diversity of cranberry (*Vaccinium macrocarpon* Aiton) cultivars by anthocyanin determination and metabolomic profiling with chemometric analysis. *J of Agri and Food Chem.* 60(1): 261-71.
- Bornet, B. And Branchard, M. 2001. "Nonanchored Inter Simple Sequence Repeat (ISSR) Markers: Reproducible and Specific Tools for Genome Fingerprinting." *Plant Molecular Biology Reporter*, 19(3): 209-215.
- Botstein, D., White, R.L., Skolnick, M. And Davis, R.W., 1980. Construction of a Genetic Map in Man Using Restriction Fragment Length Polymorphisms. *American Journal of Human Genet.* ,32: 314-331.
- Budak, H., Shearman, R.C., Parmaksız, I., Gaussoin, R.E., Riordan, T.P., Dweikat, I., 2004. Molecular Characterization of Buffalograss Germplasm Using Sequence-Related Amplified Polymorphism Markers. *Theor. Appl. Genet.*, 108: 328–334.
- Buhroo, Z., Bhat, M.A., Ganai, N.A., Kamili, A.S., Bali , G.K., And Aziz, A., 2018. An Efficient Protocol for the Inter-Simple Sequence Repeat (ISSR) Marker Approach in Population Genetic Studies. *Journal of Entomology And Zoology Studies*, 6(4): 597-600.
- Campbell, C.S., Greene, C.W., Dickinson, T.A., (1991). Reproductive Biology in Subfam. *Maloideae* (*Rosaceae*). *Syst. Bot.*, 16: 333-349.
- Campbell, C.S., Evans, R.C., Morgan, D.R., 2007. Phylogeny of Subtribe *Pirinae* (Formerly The *Mal Oideae*, *Rosaceae*): Limited Resolution of a Complex Evolutionary History, *Plant Syst.*, 266: 1
- Casto, B.C, Kresty L.A, Kraly C.L, Pearl D.K, Knobloch T.J, 2002. Chemoprevention Of Oral Cancer By Black Raspberries. *Anticancer Res* 22, 4005–4015.
- Cemeroğlu B, (2007). Gıda Analizleri. Gıda Teknolojisi Yayınları. No:34 Ankara. S: 168-171.

- Christensen, K.L., 1992. Revision of *Crataegus* Sect. *Crataegus* and Nothosect *Crataegunieae* (*Rosacea-Maloideae*) in the World, Syst. Bot. Monographsvol, 35: 1–199.
- Cronquist, A., 1968. The Evoluation and Classification of Flowering Plants, London.
- Çoklar, H. And Akbulut, M., 2016. Alıç (*Crataegus orientalis*) Meyvesinin Antioksidan Aktivitesi Ve Fenolik Bileşiklerinin Ekstraksiyonu Üzerine Farklı Çözgenlerin Etkisi. Derim. 33 (2):237-248.
- Çoklar, H. And Akbulut, M., 2017. Olgunlaşma ile Alıç (*Crataegus orientalis*) Meyvesinin Antioksidan Aktivite, Toplam Fenolik Madde ve Fenolik Profilindeki Değişimi. Meyve Bilimi/Fruit Science. 3(2) : 30-37.
- Doyle, J.J., Doyle, J.L. 1990. Isolation of Plant Dna From Fresh Tissue. Focus. 12: 13–15.
- Dönmez, A.A., 2003. The Genus *Crataegus* L. (*Rosaceae*) With Special Reference to Hybridisation And Biodiversity in Turkey. Turkish Journal of Botany, 28: 29–37.
- Dönmez, A.A., Dönmez, E.O, 2005. *Crataegus turcicus* (*Rosaceae*), A New Species From Northeast Turkey. Annales Botanici Fennici, 42: 61–65.
- Dönmez, A.A., 2005. New Species Of *Crataegus* (*Rosaceae*) From Turkey. Botanical Journal of the Linnean Society, 148(2): 245–249.
- Dönmez, A.A., 2008. *Crataegus Zarre* -A New Species Of *Crataegus* (*Rosaceae*) From Iran. Annales Botanici Fennici, 46: 439–442.
- Edwards, J. E., Brown, P. N., Talent, N., Dickinson, T. A. and Shipley, P. R., 2012. A Review of the Chemistry of the Genus *Crataegus*. Phytochemistry, 79: 5-26.
- Emamia, A., Shabaniana, N., Rahmania, M.S., Khadivib, A., Panah, N.M., 2018. Genetic Characterization of the *Crataegus* Genus: Implications for in Situ Conservation. Scientia Horticulturae, 231: 56–65.

- Ercişli, S., Yanar, M., Şengul, M., Yıldız, H., Topdaş E.F., Taşkın, T., Zengin Y.,4
 ,. 2015. Physico-Chemical and Biological Activity of Hawthorn
 (*Crataegus* spp. L.) Fruits In Turkey. Acta Sci. Pol., Hortorum Cultus, 14,
 83-93.
- Ercişli, S., Yanar, M., Sengul, M., Yildiz, H., Topdas, E.F., Taskin, T., Zengin, Y.,
 Yilmaz, K.U., 2015. Physico-Chemical and Biological Activity of
 Hawthorn (*Crataegus* spp. L.) Fruits in Turkey. Acta Sci. Pol., Hortorum
 Cultus, 14(1): 83-93.
- Fang, S., Chen, S.Y., Tian, J., Peng, L., Xue, Q., Lei, W., Luo, S.P., Jiang, L.,
 2017. Morphological and Issr Molecular Markers Reveal Genetic Diversity
 of Wild Hawthorns (*Crataegus songorica* K. Koch.) in Xinjiang, China.
 Journal of Integrative Agriculture, 16(11): 2482–2495.
- Ferriol, M., Pico, B., Nuez, F., 2003. Genetic Diversity of a Germplasm Collection
 of Cucurbita Pepo Using Srap And Aflp Markers. Theor. Appl. Genet.,
 107: 271-282.
- Franco-Mora, O., Aguirre-Ortega, S., Morales-Rosales, E.J., Gonzales-Huerta, A.,
 Gutierrez-Rodríguez, F., 2010. Caracterizacion Morfológica Bioquímica
 de Frutos de Tejocote (*Crataegus mexicana* DC.) de Lerma Ocoyoacac,
 México, 17: 61-66.
- Fowler, C., Hodgkin, T., 2004. Plant Genetic Resources for Food and Agriculture:
 Assessing Global Availability. Annu. Rev. Environ. Resour., 29:143.
- Froehlicher, T., Hennebelle T., Nizard F.M., Cleenewerck, P., Hilbert, J.L., Francis
 Trotin, F., Grec, S., 2009. Phenolic Profiles and Antioxidative Effects of
 Hawthorn Cell Suspensions Fresh Fruits And Medicinal Dried Parts. Food
 Chem.,115: 897-9003.
- Genç, M., (2020). Tıbbi Ve Aromatik Bitkiler Yetiştiriciliği: Türkiye Ormanlarında
 Doğal Bazı Tıbbi ve Aromatik Bitkilerde Fidan Üretme ve Yetiştirme
 Esasları. Musa Genç Kitaplığı. Bilimsel Yayınlar. E Kitaplar Serisi No.7.
 Giresun.

- Giada, M.L.R., 2013. Food Phenolic Compounds: Main Classes, Sources and Their Antioxidant .Doi. 10.5772/51687.
- Gladkova, V.N., 1968. Karyological Studies on the Genera *Crataegus* L. and *Cotoneaster* Medik. (*Maloideae*) as Related to Their Taxonomy, Bot Zurn., 53: 1263-1273.
- Godwin, I.D., Aitken, E.A.B. And Smith, L.W. 1997. “Application of İnter Simple Sequence Repeat (ISSR) Markers to Plant Genetics.” Electrophoresis,18(9): 1524- 1528.
- Gökbunar, L., 2007. Alıç (*Crataegus* sp.)’ın in vitro mikroçoğaltımı, Kahramanmaraş Sütcü Imam Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı, Yüksek Lisans Tezi, Kahramanmaraş.
- Gundogdu, M., Özrenk, K., Ercişli, S., Kan, T., Kodad, O., Hegedus, A., 2014. Organic Acids, Sugars, Vitamin C Content and Some Pomological Characteristics of Eleven Hawthorn Species (*Crataegus* spp.) From Turkey. Biological Research, 47:21.
- Guney, M., Kafkas, S., Keles, H., Aras, S., Ercisli, S., 2018. Characterization of Hawthorn (*Crataegus* spp.) Genotypes By SSR Markers. Physiol Mol Biol Plants., 24(6):1221–1230.
- Gurlen, A., Gundogdu, M., Özer, G., Ercisli, S., Duralija, B., 2020. Primary, Secondary Metabolites and Molecular Characterization of Hawthorn (*Crataegus* spp.) Genotypes. Agronomy, 10(11): 1731.
- Gürsoy, S., 2016. Bahçesaray Yöresi Alıç (*Crataegus*)Türlerinin Pomolojik ve Biokimyasal Özelliklerinin Belirlenmesi (Yüksek Lisans Tezi). Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı. Van-Türkiye.
- Hakala, M., Lapveteläinen, A., Huopalahti, R., Kallio, H. And Tahvonen, R., 2003. Effects of Varieties and Cultivation Conditions on The Composition of Strawberries. Journal of Food Composition and Analysis, 16: 67–80.

- Hamzeh'ee, B., Attar, F., Assareh, M.H., Maassoumi, A.A., Osaloo, S.K. and, K., 2014. Taxonomic Notes on *Crataegus* , Ser. *Crataegus*, Subser. Erianthae (*Rosaceae*), New Species and Record, Using Morphology and Micromorphological Evidence. *Nordic Journal of Botany*, 32: 26–37.
- Hu, G., Zheng, S., Pan, Q. And Ningguang Dong, N., 2021. The Complete Chloroplast Genome of *Crataegus Hupehensis* Sarg. (*Rosaceae*), a Medicinal and Edible Plant in China. *Mitochondrial Dna Part B*, 6(2): 315–317.
- Hwang, J.Y., Shue, Y.S., Chang, H.M., 2001. Antioxidative Activity of Roasted and Defatted Peanut Kernels. *Food Res International*, 34: 639–47.
- Idrees, M., Irshad, M., 2014. Molecular Markers in Plants for Analysis of Genetic Diversity: a Review. *European Academic Research*, 2: 1522-1540.
- Jarne, P. and Lagoda, P.J.L. 1996. “Microsatellites, from Molecules to Populations and Back.” *Trends in Ecol. Evol.*, 11: 424-429.
- Jing, Z., Cheng, J., Guo, C., Wang, X., 2013. Seed Traits, Nutrient Elements and Assessment of Genetic Diversity for Almond (*Amygdalus* Spp.) Endangered to China as Revealed Using SRAP Markers. *Biochemical Systematics And Ecology*, 49: 51-57.
- Kaçar, Y.A., Şimşek, Ö., Yeşiloğlu, T., Yıldırım, B., İncesu, M., Kamiloğlu, M. Önder Tuzcu, Ö., 2009. Bazı Turunçgil Anaçlarının SSR Markırları ile Moleküler Tanımlanması. *Alatarım*, 8 (2): 8-16.
- Kameswara, R.N., 2004. Plant Genetic Resources: Advancing Conservation and Use Through Biotechnology. *African Journal of Biotechnology* Vol., 3 (2):136-145.
- Karadeniz, T., 2004. Şifalı Meyveler. Karadeniz Teknik Üniversitesi Ordu Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölümü, Ordu, 34–36.
- Katsube, N, Iwashita K, Tsushida T, Yamaki K, And Kobori M. 2003. Induction of Apoptosis in Cancer Cells by Bilberry (*Vaccinium Myrtillus*) and the Anthocyanins. *J Agric Food Chem.*, 51: 68–7.

- Kayhan, F., 2015. Kriyoprezervasyon Yöntemlerinden Vitrifikasyon Tekniğinin Ekonomik Olarak Önemli Üzüm (*Vitis Vinifera* L.) Çeşitlerinde Uygulanabilirliğinin Araştırılması (Yüksek Lisans Tezi). Pamukkale Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji Anabilim Dalı. Denizli-Türkiye.
- Keleş, H., 2018. Yozgat İli ve İlçelerinde Bulunan Alıç (*Crataegus* spp.) Genetik Kaynaklarının Seleksiyonu Morfolojik, Biyokimyasal ve Moleküler Karakterizasyonu (Doktora Tezi). Atatürk Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Bahçe Bitkileri Bölümü, Meyve Yetiştiriciliği ve Islahı Anabilim Dalı. Erzurum- Türkiye.
- Khiari, S., Boussaid, M., Messaoud, C., 2015. Genetic Diversity and Population Structure in Natural Populations of Tunisian Azarole (*Crataegus azarolus* L. var. *aronia* L.) Assessed by Microsatellite Markers. *Biochemical Systematics and Ecology*, 59:264-270.
- Kumar, L., S., 1999. DNA Markers in Plant Improvement: an Overview. *Biotechnology Advances*, 17: 143–182.
- Knapik, E.W., Goodman, A., Ekker, M., Chevrette, M., Delgado, J., Neuhauss, S., Shimoda, N., Driever, W., Fishman, M.C. And Jacob, H.J. 1998. “A Microsatellite Genetic Linkage Map for Zebrafish (*Danio Rerio*).” *Nature Genet.*,18: 338-343.
- Li, G., Quiros, C.F., 2001. Sequence-Related Amplified Polymorphism (SRAP), a New Marker System Based on a Simple PCR Reaction: Its Application to Mapping and Gene Tagging in Brassic. *Theor Appl Genet.*, 103:455–461.
- Li, W.Q., Hu, Q.P., Xu, J.G., 2005. Changes in Physicochemical Characteristics And Free Amino Acids of Hawthorn (*Crataegus pinnatifida*) Fruits During Maturation. *Food Chemistry*, 175: 50-56.
- Li, L., Ying, P.J., and Xia, B.R., 2010. Analysis of The Genetic Relationships in Chinese *Ziziphus* with SRAP Markers. *Agricultural Sciences in China*, 9(9): 1278-1284.

- Li, M., Zhao, Z., Miao, X., 2014. Genetic Diversity and Relationships of Apricot Cultivars in North China Revealed by ISSR and SRAP Markers. *Scientia Horticulturae*, 173: 20–28.
- Liu, R.H., 2003. Health Benefits of Fruit and Vegetables are From Additive and Synergistic Combinations of Phytochemicals. *the American Journal of Clinical Nutrition*, 78: 517-520.
- Liu, P., Kallio, H., Lü, D., Zhou, C, Ou, S. And Yang, B., 2010. Acids, Sugars and Sugar Alcohols in Chinese Hawthorn (*Crataegus* spp.) Fruits. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 58(2): 1012-1019.
- Liu, P., Kallio, H., Lü, D., Zhou, C., Yang, B., 2011. Quantitative Analysis of Phenolic Compounds in Chinese Hawthorn (*Crataegus* spp.) Fruits by High Performance Liquid Chromatography-Electrospray Ionisation Mass Spectrometry. *Food Chem.*, 127: 1370–1377.
- Ljubuncic P., Partnaya, I., Cogan, U., Azaizeh, H. And Bomzon, A., 2005. Antioxidant Activity of *Crataegus aronia* Aqueous Extract Used Traditional Arab Medicine in Israel, *J. Ethnopharmacol*, 101: 153- 161.
- Lo, E.Y.Y., Stefanović, S., Dickinson, T.A., 2009a. Population Genetic Structure of Diploid Sexual and Polyploid Apomictic Hawthorns (*Crataegus*; *Rosaceae*) in The Pacific Northwest. 18(6):1145-1160
- Lo, E.Y.Y., Stefanovic, S., Christensen, K.I., Dickinson, A.T., 2009b. Evidence for Genetic Association Between East Asian and Western North American *Crataegus* L. (*Rosaceae*) and Rapid Divergence of the Eastern North American Lineages Based on Multiple DNA Sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 51: 157–168.
- Ludwig, S., Robertson, A., Rich, T.C.G., Djordević, M., Cerović, R., Houston, L., Harris, S.A., Hiscock, S.J., 2013. Breeding Systems, Hybridization and Continuing Evolution in Avon Gorge *Sorbus*. *Ann. Bot.*, 111: 563–575.

- Ma, S., Dong, W., Lyu, T. And Lyu, T., 2019. An RNA Sequencing Transcriptome Analysis and Development Of EST-SSR Markers in Chinese Hawthorn Through Illumina Sequencing. *Forests*,10: 82.
- Marhold, K. and Lihová, J., 2006. Polyploidy, Hybridization and Reticulate Evolution: Lessons From The Brassicaceae. *Plant Syst. Evol.*, 259: 143–174.
- Mateos, R.G., Estrada, E.I. And Raúl Nieto-Angel, R.N., 2013. Antioxidant Compounds in Hawthorn Fruits (*Crataegus* spp.) of Mexico Compuestos Antioxidantes En Frutos de Tejocote (*Crataegus* spp.) de México. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 84: 1298-1304.
- Meriçli, A. H., And Ergezen, K., 1994. Flavonoids of *Crataegus tanacetifolia* (Lam.) Pers. (*Rosaceae*) an Endemic Species From Turkey, *Sci Pharm.*, 62: 277-281.
- Mith, J.S.C., Chin, E.C.L., Shu, H., Smith, O.S., Wall, S.J., Senior, M.L., Mitchel, S.E., Kresovich, S., Tiegle, J. 1997. An Evaluation of The Utility of SSR Loci As Molecular Markers in Maize (*Zea Mays* L.): Comparisons With Data From RFLPS and Pedigree. *Theor. Appl. Genet.* 95: 163–173.
- MirAli, N., Alodatb, M., Haidara, N. And Nabulsia, I., 2011. The Genus *Crataegus* L.: An Ecological and Molecular Study *Russian Journal of Genetics*, 47(1): 26–34.
- Mraihi, F., Maria, H., Teresa, S.P., Ayadi, M.T.,And Cherif, J.K., 2015. Wild Grown Red and Yellow Hawthorn Fruits From Tunisia as Source of Antioxidants. *Arabian Journal of Chemistry*, 8: 570-578.
- Moghadam, J.E., Mozafari, M., Fazeli, A., 2016. Genetic Variation of Some Hawthorn Species Based on Phenotypic Characteristics and RAPD Marker. *Biotechnology and Biotechnological Equipment*, 30(2): 247-253.

- Nabavi, S.F., Habtemariam, S., Ahmed, T., Sureda, A., Daglia, M., Sobarzo-Sánchez, E., Nabavi, S.M., 2015. Polyphenolic Composition of *Crataegus monogyna* Jacq.: From Chemistry to Medical Applications. *Nutrients*, 7(9): 7708- 7728.
- Okatan, V., Gündoğdu, M., Çolak, A.M., 2017. Uşak'ta Yetişen Farklı Alıç (*Crataegus* spp.) Genotipi Meyvelerinin Bazı Kimyasal Ve Pomolojik Karakterlerinin Belirlenmesi. *Iğdır Univ. J. Inst. Sci. & Tech.*, 7(3): 39-44.
- Özderin, S., 2014. Batı Anadolu'da Doğal Yayılış Gösteren Bazı Alıç (*Crataegus* L. spp.) Taksonlarının Botanik Ve Kimyasal Özellikleri (Doktora Tezi). Süleyman Demirel Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Orman Mühendisliği Anabilim Dalı, Isparta – Türkiye.
- Özyürek, M., Bener, M., Güçlü, K., Dönmez, A.A., Süzgeç-Selçuk, Sevda Pırıldar, S., Meriçli, A.H., And Reşat Apak, R., 2012. Evaluation of Antioxidant Activity of *Crataegus* Species Collected From Different Regions of Turkey. *Rec. Nat. Prod.* 6(3): 263-277.
- Phipps, J.B., 1988. *Crataegus* (*Maloideae*, *Rosaceae*) of the Southeastern United States: 1. Introduction and Series Aestivales, *J. Arnold Arboretum*, 69: 401– 431.
- Pinela, J., Carvalho, A.M., Ferreira, I.C.F.R., 2018. Wild Edible Plants: Nutritional and Toxicological Characteristics, Retrieval Strategies and Importance for Today's Society. *Food and Chemical Toxicology*, 110: 165-188.
- Rahmani, M.S., Shabani, N., Khadivi-Khub, A., Woeste, K.E., Badakhshan, H., Alikhani, L., 2015. Population Structure and Genotypic Variation of *Crataegus pontica* Inferred by Molecular Markers. *Gene*, 572: 123–129.
- Rajeb, C., Messaoud, C., Chograni, H., Bejaoui, A., Boulila, A., Mohamed, N.R., Boussaid, M., 2009. Genetic Diversity in Tunisian *Crataegus azarolus* L. var. *aronia* L. Populations Assessed Using RAPD Markers. *Ann. For. Sci.*, 67: 512.

- Rao, N.M., 2004. Plant Genetic Resources: Advancing Conservation and Use Through Biotechnology. African Journal of Biotechnology, 3 (2): 136-145.
- Rice-Evans, C.A., Miller, N.J., Paganga, G .,1997. Antioxidant Properties of Phenolic Compounds. Trends Plant Sci., 2: 152–159.
- Rohlf, J. F., 2004. NTSYS-Pc: 2.11 Numerical Taxonomy And Multivariate Analysis System. Exeter Software, N.Y.
- Sagaradze, V.A., Babaeva, E.Y., Ufimov, R.A., Trusove, N.A. ,Kalenikova, E.I.,2019. Study of The Variability of Rutin, Vitexin, Hyperoside, Quercetin in “Crataegi Folium Cum Flore” f Hawthorn (*Crataegus* L.) Species From Russian Flora. Journal of Applied Research on Medicinal And Aromatic Plants, 15:100217.
- Sahloul, B.R., Ammar, S., Grec, S. And Skhiri, F.H., (2009). Chemical Characterisation of *Crataegus azarolus* L. Fruit From 14 Genotypes Found In Tunisia. Journal of Horticultural Science and Biotechnology, 84 (1): 23–28.
- Serçe S, Şimşek Ö, Toplu C, Kamiloğlu Ö, Çalışkan O, Gündüz K, Özgen M, Kaçar (2011). “Relationships among *Crataegus* Accessions Sampled From Hatay, Turkey, as Assessed by Fruit Characteristics and RAPD”, Genetic Resources and Crop Evolution, 58,6:933-942.
- Sorkun, E., 2012. Farklı Renkteki Alıç Meyvelerinin Pomolojik ve Fitokimyasal Özelliklerinin Belirlenmesi (Yüksek Lisans Tezi). Gaziosmanpaşa Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı. Tokat, Türkiye.
- Stoner, G.D, Kresty L.A, Carlton P.S, Siglin J.C, And Morse M.A. 1999. Isothiocyanates and Freeze-Dried Strawberries as Inhibitors of Esophageal Cancer. Toxicol Sci., 52: 95–100.

- Suryanarayana, P., Kumar, P. A., Saraswat, M., Petrash, J. M., And Reddy, G. B., 2004. Inhibition of Aldose Reductase by Tannoid Principles of *Embllica Officinalis*: İmplications for the Prevention of Sugar Cataract. *Molecular Vision*, 10: 148–154.
- Şanal D.S., 2004. Süper Kritik CO₂ İle Kayısı Posasından Ekstraksiyonla Karoten Eldesi, (Doktora Tezi). Ankara Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Kimya Mühendisliği Anabilim Dalı, Ankara-Türkiye.
- Tan, A., 2013. Bitki Genetik Kaynaklarının Önemi ve Korunması. Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü. Teknik Broşür. No:1.
- Türkoğlu, N., Kazankaya, A., Sensoy,İ.,R., 2005. Pomological Characteristics of Hawthorns Species Found in Van Region. *Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarım Bilimleri Dergisi*, 15(1): 17-21.
- Tüysüz, B., Çakır, Ö., Dertli, E., 2021. Bazı Yabani Meyve Türlerinin Antioksidan Kapasitesi, Toplam Fenolik Madde İçeriği ve Fenolik Asit Profilinin Belirlenmesi. *European Journal of Science and Technology*, 21: 191-197.
- Uzun, A., A., Yesiloğlu, T., Kaçar, Y.A., Tuzcu, O., Gulsen, O.,. 2009. Genetic Diversity And Relationships Within Citrus and Related Genera Based on Sequence Related Amplified Polymorphism Markers (Sraps). / *Scientia Horticulturae*, 121 :306-312
- Vinson, J.A., Su, X., Zubik, L., Bose ,P., 2001. Phenol Antioxidant Quantity and Quality in Foods. *Fruits. J. Agric. Food Chem.*, 49: 5315—5321.
- Wang, G., Guo, Y., Zhao, Y., Su, K., Andzhang, J., (2015). Construction of a Molecular Genetic Map for Hawthorn Based on SRAP Markers, *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 29(3): 441-447.
- Yanar, M., Ercisli, S., Yilmaz, K.U., Sahiner, H., Taskin, T., Zengin, Y., Akgul, I., And Celik, M. F., 2011. Morphological and Chemical Diversity Among Hawthorn (*Crataegus* spp.) Genotypes From Turkey. *Scientific Research and Essays*, 6(1): 35-38.

- Yavıç, A., Taylan, A., Balcı, H., Encu, T., 2016. Biochemical and Pomological Characteristics of Hawthorn (*Crataegus* spp.) Fruits Grown in Şemdinli, Hakkari. *Yüzüncü Yıl Üniversitesi Journal of Agricultural Sciences*, 26(4): 500-504.
- Yıldız, E., 2018. Uşak İli Doğal Florasında Yer Alan Bazı Alıç (*Crataegus* spp.) Türlerinin Meyve Özellikleri, II. Uluslararası Multidisipliner Çalışmaları Kongresi " 132-140, Adana
- Yılmaz, K.U., 2008. Bazı Yerli Kayısı Genotiplerinin Fenolojik, Morfolojik Pomolojik Özellikleri ile Genetik İlişkilerinin ve Kendine Uyuşmazlık Durumlarının Moleküler Yöntemlerle Belirlenmesi (Doktora Tezi). Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı. Adana-Türkiye.
- Yılmaz , K.U., Yanar, M., Ercisli, S., Sahiner, H., Taskin, T., Zengin, Y., 2010. Genetic Relationships Among Some Hawthorn (*Crataegus* spp.) Species and Genotypes. *Biochem Genet.* 48:873–878.
- Zhang, Z., Chang, Q., Zhu, M., Huang, Y., Ho, W.K.K., Chen, Z.Y., 2001. Characterization of Antioxidants Present in Hawthorn Fruits. *J. Nutr. Biochem.*, 12: 144–152.
- Zhang, X., Wang, Y., Wang, M., Yuan, Q. And Huang, L., 2020. The Complete Chloroplast Genome Of *The Crataegus kansuensis* (Rosaceae): Characterization And Phylogeny, Mitochondrial DNA Part B, 5 (3): 2920-2921,
- Zhuang, F.Y., Chen, J.F., Staub, J.E., Qian, C.T., 2004. Assesment of Genetic Relationships Among Cucumis Spp. By Ssr And Rapd Marker Analysis. *Plant Breeding*, 123: 167-172.
- Zugic, A., Dordevi'C, S., Arsi'C, I., Markovi'C, G., Zivkovi'C, J., Jovanovi'C, S., Tadi'C, V., 2014. Antioxidant Activity and Phenolic Compounds in 10 Selected Herbs From Vrujci Spa, Serbia. *Ind. Crops Prod.*, 52: 519–527.

ÖZGEŞMİŞ

Makbule YANAR, 2001 yılında, Ondokuz Mayıs Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümü'nden mezun oldu. Yüksek lisans eğitimini ise Mustafa Kemal Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Bahçe Bitkileri Ana Bilim Dalında 2016 yılında tamamladı. 2017 yılında Çukurova Üniversitesi Biyoteknoloji Ana Bilim Dalında doktora eğitimine başladı. İlk olarak 1995 yılında Çorum Tarım İl Müdürlüğünde, 1995-2001 yılları arasında Samsun Tarım İl Müdürlüğünde, 2001-2020 yılları arasında Kayısı Araştırma Enstitü Müdürlüğünde Bitki Islahı şubesinde görev yaptı. 2020 yılından beri Ege Tarımsal Araştırma Enstitü Müdürlüğün Meyvecilik Şubesi'nde görev yapmaktadır.

Meyve yetiştiriciliği ve ıslahı, biyolojik çeşitlilik ve moleküler biyoloji ile ilgili konularda çalışmalar yapmaktadır. Ayrıca çalıştığı kurum bünyesinde yürütülen bazı projelerde, proje lideri ve yürütücü olarak görev yapmıştır.