



**T. C.**

**ORDU ÜNİVERSİTESİ**

**FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**BAZI BEYAZ BAŞ LAHANA (*Brassica oleracea* var. *capitata*  
subvar. *alba*) ISLAH HATLARININ MOLEKÜLER  
KARAKTERİZASYONU**

**CEMREGÜL TIRINK**

**YÜKSEK LİSANS TEZİ**

**BAHÇE BİTKİLERİ ANABİLİM DALI**

**ORDU 2022**

## **TEZ BİLDİRİMİ**

Tez yazım kurallarına uygun olarak hazırlanan ve kullanılan intihal tespit programının sonuçlarına göre; bu tezin yazılmasında bilimsel ahlak kurallarına uyulduğunu, başkalarının eserlerinden yararlanılması durumunda bilimsel normlara uygun olarak atıfta bulunulduğunu, tezin içerdiği yenilik ve sonuçların başka bir yerden alınmadığını, kullanılan verilerde herhangi bir tahrifat yapılmadığını, tezin herhangi bir kısmının bu üniversite veya başka bir üniversitedeki başka bir tez çalışması olarak sunulmadığını beyan ederim.

**CEMREGÜL TIRINK**

Not: Bu tezde kullanılan özgün ve başka kaynaktan yapılan bildirişlerin, çizelge, şekil ve fotoğrafların kaynak gösterilmeden kullanımı, 5846 sayılı Fikir ve Sanat Eserleri Kanunundaki hükümlere tabidir.

## ÖZET

### BAZI BEYAZ BAŞ LAHANA (*Brassica oleracea* var. *capitata* subvar. *alba*) ISLAH HATLARININ MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU

CEMREGÜL TIRINK

ORDU ÜNİVERSİTESİ FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

BAHÇE BİTKİLERİ ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ, 53 SAYFA

(TEZ DANIŞMANI: DOÇ. DR. ERCAN EKİBİÇ)

Bu çalışmada, Karadeniz Tarımsal Araştırma Enstitüsü'nden temin edilen 24 adet beyaz baş lahana (*Brassica oleracea* var. *capitata* subvar. *alba*) ıslah hatları arasındaki genetik ilişkinin belirlenmesi amacı ile SRAP markır tekniği kullanılmıştır. Çalışmada kullanılan 45 SRAP primer kombinasyonu toplam 257 adet bant üretmiştir. Bunlardan 194 (%74) tanesi 24 lahana hattı arasında polimorfik olarak belirlenmiştir. Primer kombinasyonu başına ortalama bant sayısı 5.7, ortalama polimorfik bant sayısı da 4.3 olarak hesaplanmıştır. Beyaz baş lahana hatlarının genetik benzerlik katsayılarının 0.73 ile 0.90 arasında değiştiği belirlenmiştir. Elde edilen dendogramlarda W37 ıslah hattı ile YBB-35 ıslah hatlarının genetik olarak en uzak bireyler olduğu görülmüştür. Öte yandan birbirine en yakın hatlar ise FG ve BLMY-4 olmuştur. Çalışma sonucunda elde edilen bulgular incelendiğinde SRAP markır ile ıslah hatlarının genetik uzaklıklarının belirlenmesinde başarılı olarak ortaya konulabileceği ve F<sub>1</sub> çeşit ıslahı çalışmalarında kullanılacak lahana ıslah hatlarının seçimine katkıları sağlayabileceği kanısını güçlendirmiştir.

**Anahtar Kelimeler:** Beyaz baş lahana, Moleküler, PCR, SRAP

## ABSTRACT

### MOLECULAR CHARACTERIZATION OF BREEDING LINES OF SOME WHITE CABBAGE (*Brassica oleracea* var. *capitata* subvar. *alba*)

CEMREGUL TIRINK

ORDU UNIVERSITY INSTITUTE OF NATURAL AND APPLIED  
SCIENCES

HORTICULTURE

MASTER THESIS, 53 PAGES

(SUPERVISOR: ASSOC. PROF. DR. ERCAN EKBIÇ)

In this study, SRAP marker technique was used to determine the genetic relationship between 24 white cabbage (*Brassica oleracea* var. *capitata* subvar. *alba*) breeding lines obtained from the Black Sea Agricultural Research Institute. The 45 SRAP primer combinations used in the study produced a total of 257 bands. Of these, 194 (74%) were identified as polymorphic among 24 breeding lines. The mean number of bands per primer combination was calculated as 5.7, and the mean number of polymorphic bands was calculated as 4.3. It was determined that the genetic similarity coefficients of the white head cabbage lines varied between 0.73 and 0.90. In the dendograms obtained, it was seen that the W37 and the YBB-35 breeding lines were genetically the most distant individuals. On the other hand, the closest lines to each other were FG and BLMY-4. When the findings obtained as a result of the study are examined, it has been strengthened that the SRAP marker can be successfully demonstrated in determining the genetic distances of the breeding lines and can contribute to the selection of cabbage breeding lines to be used in F<sub>1</sub> variety breeding studies.

**Keywords:** Molecular, SRAP, PCR, Cabbage

## TEŐEKKÜR

Tüm alıőmalarım süresince bilgi ve tecrübesiyle bana yol gösteren, istatistiksel analizlerin yapılması ve yorumlanması aşamasında yardımlarını esirgemeyen danışman hocam Do. Dr. Ercan EKBİÇ'e aynı zamanda, araştırma materyallerinin temin edilmesinde yardımcı olan Karadeniz Tarımsal Araştırma Enstitüsü'nden Zir. Yük. Müh. Hayati KAR'a çok teşekkür ederim.

alıőmamın başından sonuna kadar her aşamasında birçok fedakarlık göstererek beni destekleyen, yaşadığım tüm zorluklarda her zaman yanımda olan aileme sonsuz teşekkür ederim.

## İÇİNDEKİLER

	<u>Sayfa</u>
<b>TEZ BİLDİRİMİ</b> .....	I
<b>ÖZET</b> .....	II
<b>ABSTRACT</b> .....	III
<b>TEŞEKKÜR</b> .....	IV
<b>İÇİNDEKİLER</b> .....	V
<b>ŞEKİL LİSTESİ</b> .....	VI
<b>ÇİZELGE LİSTESİ</b> .....	VII
<b>SİMGELER ve KISALTMALAR LİSTESİ</b> .....	VIII
<b>1.GİRİŞ</b> .....	1
<b>2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR</b> .....	4
<b>3. MATERYAL ve YÖNTEM</b> .....	14
3.1 Bitkisel Materyal.....	14
3.2 Genotiplerin Moleküler Karakterizasyonu.....	18
<b>4. BULGULAR ve TARTIŞMA</b> .....	25
4.1 Beyaz Baş Lahana Islah Hatlarının Moleküler Karakterizasyonu .....	25
4.2 Beyaz Baş Lahana Islah Hatları Arasındaki Genetik İlişkiler .....	30
<b>6. SONUÇ ve ÖNERİLER</b> .....	37
<b>7. KAYNAKLAR</b> .....	38
<b>ÖZGEÇMİŞ</b> .....	43

## ŞEKİL LİSTESİ

### Sayfa

Şekil 3. 1 Beyaz baş lahana genotiplerinin arazideki görüntüsü .....	15
Şekil 3. 2 Tohum ekimi (a) ve fide yetiştirme ortamı (b) .....	18
Şekil 3. 3 DNA izolasyon aşamaları .....	20
Şekil 3. 4 SRAP primerlerinin PCR dizilimi (a) ve döngüsü (b).....	22
Şekil3. 5 Agaroz jele PCR ürünlerinin yüklenmesi ve yürütülmesi (a); UV görüntüleme (b) .....	23
Şekil 3. 6 100 bp DNA Ladder Baz Çifti Ağırlıkları .....	23
Şekil 4. 1 Me01_Em08 primerlerinden elde edilen beyaz baş lahana ıslah hatlarına ait bant profilleri .....	27
Şekil 4. 2 SRAP Verilerinden Elde Edilen Beyaz Baş Lahana Islah Hatlarına Ait Dendrogram.....	33
Şekil 4. 3 Beyaz Baş Lahana Islah Hattının Temel Bileşen Analizinden Elde Edilen Eksenler ile Oluşturulan İki Boyutlu Düzlemde Dağılımı .....	36
Şekil 4. 4 Beyaz Baş Lahana Islah Hattının Temel Bileşen Analizinden Elde Edilen Eksenler ile Oluşturulan Üç Boyutlu Düzlemde Dağılımı.....	36

## ÇİZELGE LİSTESİ

	<b><u>Sayfa</u></b>
<b>Çizelge 3. 1</b> Çalışmada kullanılan ıslah hatları.....	14
<b>Çizelge 3. 2</b> DNA izolasyonunda kullanılan kimyasal ve çözeltiler .....	18
<b>Çizelge 3. 3</b> Çalışmada kullanılan SRAP primerlerine ait sekans bilgileri .....	21
<b>Çizelge 3. 4</b> Çalışmada Kullanılan SRAP Primer Kombinasyonları.....	21
<b>Çizelge 3. 5</b> SRAP primerlerinin test edilmesinde kullanılan PCR protokolü .....	22
<b>Çizelge 3. 6</b> SRAP analizlerinde kullanılan PCR Koşulları .....	22
<b>Çizelge 4. 1</b> SRAP Primerlerinin Beyaz Baş Lahanada Oluşturdukları Allel Sayıları ve Polimorfizm Bilgi İçerikleri (PBI) .....	26
<b>Çizelge 4.2.</b> SRAP primer kombinasyonlarına ait temel bileşen analizi .....	30
<b>Çizelge 4. 3</b> Beyaz Baş Lahana Islah Hatları Arasındaki Korelasyon Matrisi .....	34



## SİMGELER ve KISALTMALAR LİSTESİ

---

<b>AFLP</b>	:	Amplified Fragment Length Polymorphism (Çoğaltılan Parça Uzunluğu Farklılığı)
<b>Bp</b>	:	Base pair (Baz çifti)
<b>DNA</b>	:	Deoksiribonükleik asit
<b>dNTP</b>	:	Deoksi-nükleotit trifosfat
<b>EDTA</b>	:	Etilen diamin tetra asetik asit
<b>ISSR</b>	:	İnter-Simple Sequence Repeat
<b>MAS</b>	:	Moleküler Markırlı Seleksiyon
<b>PCR</b>	:	Polymerase Chain Reaction (Polimeraz Zincir Reaksiyonu)
<b>SRAP</b>	:	Sequence-related amplified polymorphism
<b>SSR</b>	:	Simple Sequence Repeats (Basit Dizi Tekrarları)
<b>Tm</b>	:	Melting Temperature (Primerin DNA'ya bağlanma sıcaklığı)
<b>TR S</b>	:	Tris (hydroxymethyl) aminomethane
<b>µl</b>	:	Mikrolitre
<b>µM</b>	:	Mikromolar

---

## 1. GİRİŞ

*Brassicaceae* (*Cruciferae*) familyası, Brassicales takımına ait en büyük familyalar arasında yer almaktadır. Hardalgiller familyası olarak da adlandırılan bu familya 338-360 cins ve yaklaşık 3709 türden oluşmaktadır. En önemli cinsi olan *Brassica* içerisinde toplam 159 tür bulunmaktadır (Al-Shehbaz 1973; Appel ve AlShehbaz 2003; Al-Shehbaz ve Warwick, 2006). *Brassica* grubu sebzeler, *Brassica oleracea* ve *Brassica campestris* türlerine ait bitki gruplarından oluşmaktadır (Monteiro ve Lunn, 1998; Li ve ark., 2020). Önemli *Brassica* grubu sebzeler; baş lahana (var. *capitata*), yaprak lahana (var. *acephala*), savoy/kıvırcık baş lahana (var. *sabauda*), karnabahar (var. *botrytis*), brokoli (var. *italica*), Brüksel lahanası (var. *gemmifera*), alabaş (var. *gongylodes*), Kai-lan/Çin yaprak lahanası (var. *alboglabra*), Tronchuda/Portekiz lahanası (var. *costata*) ve kalın gövdeli yaprak lahanası (var. *medullosa*) olarak sıralanabilir (Song ve ark., 1988; Song ve ark., 1990).

*Brassicaceae* familyası Antarktika hariç tüm kıtalarda yayılım göstermektedir. Lahananın anavatanı hakkında çok farklı görüşler bulunmaktadır. Bazı araştırmacılar tarafından Doğu Akdeniz olduğu (Dickson ve Wallace, 1986; Balkaya ve ark., 2005) diğer bir görüşe göre ise Kuzey Avrupa Ülkeleri, Baltık denizi kıyıları ile Akdeniz Bölgesi olduğu kabul edilmektedir (Monteiro ve Lunn, 1998; Balkaya ve ark., 2005). Zhukowsky, lahananın anavatanının Anadolu'nun Van yöresi olduğunu belirtirken dünyanın en büyük baş lahanalarının bu bölgede yetiştirildiğini bildirmektedir (Bayraktar, 1981; Vural ve ark., 2000).

Baş lahanalar; beyaz baş lahana (*B. oleracea* L. var. *capitata* L. f. *alba*), kırmızı baş lahana (*B. oleracea* L. var. *capitata* f. *rubra*) ve savoy lahanası (*B. oleracea* L. var. *sabauda* L.) şeklinde gruplandırılmaktadır (Nieuwhof, 1969). Beyaz baş lahana (*B. oleracea* L. var. *capitata* L. f. *alba*) sofralık veya turşu sanayinde değerlendirilebilen günümüzde en çok tüketilen baş lahana grubunu oluşturmaktadır. Türkiye'de toplam 597.910 ton beyaz baş lahana üretimi yapılmaktadır. Yetiştiriciliğin en fazla yapıldığı iller; Samsun (143.241 ton), Niğde (135.495 ton), Bursa (34.830 ton), Antalya (25.116 ton), Mersin (22.534 ton), Afyonkarahisar (22.465 ton) olarak sıralanmaktadır (TÜİK 2021).

Günümüzde açıkta ve örtüaltı yetiştiriciliğinde; hastalık ve zararlılara dayanıklılık, verim ve kalite gibi bazı üstün özelliklere sahip olması nedeniyle hibrit çeşitler tercih edilmektedir. Ancak Türkiye’de Beyaz baş lahana üretiminde daha çok yerel ve açıkta tozlanan çeşitler kullanılmakta hibrit çeşitlerin ise neredeyse tamamı yurt dışından ithal edilmektedir. Tohumluk Tescil ve Sertifikasyon Merkezi Müdürlüğü Standart Tohumluk Kayıt listesinde;124 adet beyaz baş lahana, 68 adet kırmızı baş lahana ve 5 adet standart yaprak lahana çeşidi bulunmaktadır (TTSM, 2021). Yurtdışına olan hibrit tohum bağımlılığının azaltılabilmesi için kaliteli ve verimli yerli hibrit beyaz baş lahana çeşitlerinin geliştirilmesi ve ekonomik olarak tohum üretiminin yapılabilir olması oldukça önemlidir. (Kar ve Karaağaç, 2016).

Islah yöntemleri arasında  $F_1$  hibrit çeşit ıslahı en çok uygulama alanı bulanlardan birisidir. Hibrit çeşitler kendisini oluşturan ebeveynlere göre bitki boyu, verim gibi bazı özellikler açısından daha üstün performans göstermektedir. Melez gücü (heterozis) olarak adlandırılan bu durum genetik olarak birbirine uzak ebeveyn hatların oluşturduğu melez kombinasyonlarında yüksek düzeyde görülebilmektedir (Kayın, 2011). Bu nedenle yürütülecek hibrit çeşit ıslah programlarında kullanılacak olan gen havuzunun genetik çeşitliliği ve birbirleri ile olan akrabalık ilişkilerinin belirlenmesi gerekmektedir. Son yıllara kadar yapılan çalışmalarda gen havuzunun genetik çeşitliliğini tanımlamak amacıyla morfolojik özelliklerden yararlanılırken günümüzde daha güvenilir sonuçlar vermesi, işgücü ve zamandan tasarruf sağlaması gibi avantajlarından dolayı çevre koşullarından etkilenmeyen moleküler markır tekniklerinin kullanımı da oldukça yaygınlaşmıştır (Topçu ve ark., 2016).

Moleküler markır teknikleri iki gruba ayrılmaktadır. Birinci grupta Polimeraz Zincir Reaksiyonuna (PCR) dayalı olan markır teknikleri yer alırken diğer grupta hibridizasyona dayalı olan RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism/Sınırlı Parça Uzunlukları Polimorfizmi) markır tekniği yer almaktadır. PCR tabanlı markır tekniklerinden bazıları; SSR (Simple Sequence Repeat/Basit Tekrarlı Diziler veya Mikrosatelitler), AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism/Çoğaltılmış Parça Uzunluğu Polimorfizmi), RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA/Rastgele Çoğaltılmış DNA Polimorfizmi), ISSR (Inter Simple Sequence Repeat/Basit Tekrarlı Diziler Arası Polimorfizm), SCAR (Sequence Characterized Amplified Regions), SRAP (Sequence Related Amplified Polymorphism), ALP

(Amplicon Length Polymorphism), STS (Sequence Tagged Site), CAPS (Cleaved Amplified Polymorphic) olarak sıralanabilir. Bunlara ilaveten Polimeraz Zincir Reaksiyonuna (PCR) dayalı olan diğerk bir markır tekniđi ise DNA zincirindeki tek nükleotit farklılıđını kullanan SNP (Single Nucleotide Polymorphism) markır tekniđidir. Çalıřma için seçilecek markır tekniđi, tekniklerin sahip olduđu avantaj ve dezavantajlar deđerlendirilerek ve elinizde bulunan altyapı olanaklarına göre yapılır (Gülřen ve Mutlu, 2005). Arařtırmacıların DNA markırlarında aradıđı bazı ortak özellikler vardır bunlar; tekniđin güvenilirliđi, ko-dominant olması, yüksek polimorfizm göstermesi, birçok bilgi içermesi, sonuçların tekrarlanabilir olması, analizinin kolay yapılabiliyor olması ve otomasyona uygun olması řeklinde sıralanabilir. Bu özellikler açasından deđerlendirildiđinde SRAP markır tekniđi genetik çeřitliliđi tanımlamak ve akrabalık ilişkilerini belirlemek amacıyla kullanılabilcek tekrarlanabilen, ucuz ve uygulaması kolay olan güvenilir bir yöntemdir (Uzun, 2009). Ferriol ve ark., (2003) tarafından yapılan çalıřmada SRAP markır tekniđinin AFLP'den daha fazla bilgi sunduđu benzer řekilde Liu ve ark., (2008) tarafından yapılan başka bir arařtırmada ise SRAP markır sisteminin ISSR ve RAPD markır sistemine göre nispeten daha bilgilendirici bantlar ortaya çıkardıđı ve daha verimli bir teknik olduđu bildirilmiřtir. SRAP (Sequence Related Amplified Polymorphism) markır tekniđi temelde DNA'daki açık okuma bölgelerinin (ORFs, Open Reading Frames) çođaltılmasına dayalı bir markır sistemidir. Bu teknikte primerler geliřtirirken ilk olarak merkezde CCGG bazları kullanarak ORF bölgelerindeki ekzonlar (gen kodlayan bölge) hedef olarak alınır. İleri (forward) primeri 17 nükleotit, geri (reverse) primeri 18 nükleotit uzunluđunda olup ileri primerler DNA'nın ekzon bölgelerini, geri primerler ise DNA'nın intron (gen kodlamayan bölge) ve promotör (kodlama bařlangıcı tanıma) bölgelerini çođaltır. Geri primerlerinde 5' ucundaki ilk 15 nükleotid, ileri primerlerinde ilk 14 nükleotid aynıdır. 3' ucuna yakın olan üç nükleotid tesadüfi seçim sonucu oluřturulmuřtur. Primerin bařındaki 10 veya 11 nükleotidden sonra gelen dört nükleotid dizini ileri primerinde CCGG dizinine, geri primerinde AATT primer dizinine sahiptir (Li ve Quiros, 2001; Tamam, 2008).

## 2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

Ferriol ve ark., (2003) tarafından yapılan araştırmada kullanılan *Cucurbita pepo* çeşitleri, *pepo* ve *ovifera* olmak üzere iki alt türde sekiz morfortipte gruplandırılabilir. Bu türün morfolojik ve moleküler çeşitliliğini analiz etmek amacıyla morfortipleri ve bazı sınıflandırılmamış türleri temsil eden 69 genotip AFLP ve SRAP olmak üzere iki PCR tabanlı sistemden yararlanılarak analiz edilmiştir. Araştırmacılar UPGMA yöntemini kullanarak temel koordinat analizi ve kümeleme analizi yapmış olup, her iki markır kullanımı yoluyla genotipleri iki alt türe açıkça ayırmışlardır. Araştırma sonucunda SRAP markırlarının morfolojik varyasyonlarla daha iyi uyum sağladığını ve daha fazla bilgi sunduğunu, morfortiplerin evrimsel geçmişi ile ilgili AFLP'den daha çok bilgi sağladığını bildirmişlerdir.

Ferriol ve ark., (2004a) kökenleri farklı 47 *Cucurbita moschata* genotipinin morfolojik ve moleküler karakterizasyonunu yapmıştır. Araştırmacılar moleküler analizler için SRAP ve AFLP markır tekniğinden yararlanmıştır. Çalışmada 11 adet SRAP ve 6 adet AFLP primer kombinasyonu denemiş olup SRAP analizleri sonucunda elde ettikleri toplam 148 adet bandın 98'sinin polimorfik olduğunu belirtmişlerdir (%66.2). Doğal genetik çeşitliliği analiz eden AFLP markırları ve tercihen gen bölgelerini çoğaltan SRAP markırları kullanılarak yaptıkları moleküler analizlerin sonucunda morfolojik değişkenlikle uyumlu bir genetik çeşitlilik gösterdiğini ve kullanılan her iki markır tekniğininde genotipleri coğrafi kökenlerine göre gruplandığı bildirilmiştir.

Ferriol ve ark., (2004b) tarafından yapılan çalışmada *Cucurbita maxima* Duch. türüne ait yerel popülasyonun morfolojik ve moleküler karakterizasyonu yapılmıştır. Moleküler karakterizasyon için SRAP ve AFLP markır tekniği kullanılmıştır. Temelde, SRAP markır tekniği ile popülasyon agronomik türlerine göre gruplandırılırken AFLP markır tekniği katılımları coğrafi kökenlerine göre gruplandırmıştır. İki markır tekniği ile elde edilen sonuçların eşitsizliği, her bir özel markır tipinin karakteristiği olan farklı genom kapsamı ve/veya bir popülasyondaki örnekleme varyasyonundaki etkinliği ile ilgili olabileceğini belirtmişlerdir.

Ruiz ve Garcia-Martinez (2005) tarafından yapılan çalışmada İspanya'nın bazı yerli domates (*Lycopersicon esculentum* L. Mill.) çeşitlerinin genetik akrabalık

ilişkilerini SSR ve SRAP markır tekniklerini kullanarak belirlemişlerdir. Kullanılan her iki markır tekniği de farklı gruplardan çeşitleri ayırt edebilmiş ancak SSR tekniğinin aynı grup içerisinde sınıflandırılan çeşitleri ayırt etmede başarısız olduğu bildirilmiştir.

Yan ve Zang (2005) tarafından yapılan çalışmada 20 hibrit karpuz çeşiti arasındaki genetik varyasyonu tespit etmek amacıyla SRAP markır tekniğinden yararlanılmıştır. Çalışmada 25 adet SRAP primer kombinasyonu kullanılmış ve toplamda 135 adet polimorfik bant elde edilmiştir. Jaccard'ın benzerlik katsayısı 0.29 – 0.86 arasında değişmiş ve UPGMA yöntemi kullanarak yaptıkları kümeleme analizi sonucunda 20 hibrit çeşidi üç ana grupta toplamışlardır.

Espósito ve ark., (2007) tarafından yapılan araştırmada 40 bezelye çeşidi (*Pisum sativum* L.) arasındaki genetik ilişkileri tahmin etmek için morfolojik ve moleküler karakterizasyon çalışması yapılmıştır. Moleküler analizler SRAP markır tekniği kullanılarak yürütülmüştür. 7 adet SRAP primer kombinasyonu kullanılmış olup bunun sonucunda toplam 162 adet polimorfik bant elde etmişlerdir. Yapılan çalışmada kümeleme analizi, temel bileşenler analizi ve temel koordinat analizi uygulanmıştır. Kümeleme analizleri sonucunda genotiplerin 4 farklı gruba toplandığı bildirilmiştir.

Levi ve Thomas (2007) tarafından yapılan çalışmada genetik varyasyonu düşük 24 karpuz genotipi ISSR, RAPD, AFLP ve SRAP moleküler markır tekniklerinden yararlanılarak toplam 146 markır ile polimorfizm açısından test edilmiştir. Test edilen 53 RAPD'in beşi (%9.4), 15 ISSR'ın altısı (%40.0), 37 AFLP'nin 30'u (%81.0) ve test edilen 41 SRAP markırından 33'ü (%80.5) 24 çeşit arasında polimorfik bulunmuştur. Çalışma sonucunda SRAP markır tekniğinin polimorfizm elde etmede ve karpuz genomunun farklı bağlantı bölgelerini temsil etmede en etkili yöntem olduğu bildirilmiştir.

Liu ve ark., (2008) yaptıkları çalışmada; RAPD, ISSR ve SRAP olmak üzere üç farklı moleküler markır sistemini kullanarak 35 turp çeşidinin genetik tanımlamasını yapmış ve çeşitlilik yönünden değerlendirmiştir. Çalışmada 35 RAPD primeri, 22 ISSR primeri ve 17 SRAP primer kombinasyonu kullanmışlardır. Yaptıkları analizler sonucunda tespit ettikleri polimorfik bantların oranları sırasıyla

%85.44, %85.2 ve %85.41; genotiplerin genetik benzerlik katsayıları oranları ise RAPD'de 0.781, ISSR'da 0.787 ve SRAP'da 0.764 olarak bulunmuştur. SRAP primer kombinasyonu tarafından tespit ettikleri ortalama polimorfik bant sayısı 11.76 olarak belirlenmiş, bu değerin RAPD primeri (10.06) ve ISSR primerine (9.68) göre daha yüksek olduğunu belirtilerek çalışma sonucunda SRAP markır sisteminin ISSR ve RAPD markır sistemine göre nispeten daha bilgilendirici bantlar ortaya çıkardığı ve daha verimli bir teknik olduğu bildirilmiştir.

İnan (2008) tarafından yapılan çalışmada bitki materyali olarak Cucurbita pepo, Cucurbita moschata ve Cucurbita maxima'ya ait toplam 24 adet genotip kullanılmıştır. Araştırmacı moleküler analizler için ISSR ve SRAP markır tekniğinden yararlanmıştır. Çalışmada 8 ISSR primeri ve 8 SRAP primer kombinasyonu kullanmış olup bunlardan sırasıyla 60 ve 71 adet hepsi polimorfik bant elde etmiş. ISSR analizlerinde elde edilen genetik benzerlik katsayısı 0.07 ile 0.96 arasında, SRAP analizlerinden elde edilen genetik benzerlik katsayısı ise 0.13 ile 1.0 arasında değişiklik gösterdiğini bildirmiştir. Araştırmacı ISSR ile SRAP arasındaki korelasyon değerini  $r = 0.947$  olarak bulmuş, çalışma sonucunda morfolojik ve moleküler çalışmalar arasında bazı farklılıklar görülebileceğini ve bu durumun karakterizasyon çalışmalarını yürütürken morfolojik analizlere tek başına bağlı kalmayıp, moleküler teknikler ile desteklenmesi gerektiğini bildirmiştir.

Aşçıoğlu (2009) tarafından yapılan çalışmada Türkiye'nin farklı bölgelerinden toplanan toplam 36 yaprak ve baş lahanası genotipinin morfolojik ve moleküler olarak tanımlanması amaçlanmıştır. Araştırmacı daha sonra yaptığı morfolojik gözlemler sonucunda gördüğü varyasyonlar nedeniyle toplam 62 örnekte moleküler karakterizasyon yapmıştır. Moleküler analizler için 54 SRAP primer kombinasyonu kullanmıştır. Baş ve yaprak lahanalar arasındaki ve birbirleri içindeki akrabalığı genetik olarak daha iyi belirleyebilmek amacıyla moleküler analizleri değerlendirirken bütün genotipleri birlikte ele almıştır. Çalışma sonucunda 62 lahanası genotipi arasındaki benzerlik katsayılarını gösteren dendograma göre genotipler 5 ana grupta toplanmıştır.

Yıldız ve ark., (2011) tarafından yapılan çalışmada, Türkiye'nin çeşitli bölgelerinden toplanan 63 kavun genotipi arasındaki genetik ilişkiler, moleküler ISSR,

SRAP ve RAPD markır teknikleri kullanılarak deęerlendirilmiř ve 19 yabancı kavun genotipi ile karřılařtırılarak, Trk kavun germplazmının taksonomik iliřkileri ve genetik varyasyonu arařtırılmıřtır. Toplam 162 polimorfik markır (sirasıyla ISSR, SRAP ve RAPD primerlerinden elde edilen 69, 18 ve 75) kavun genotipleri arasındaki genetik benzerlięi dendrogram veya iki ve ç boyutlu dzlemde tanımlamak iin kullanılmıřtır. Trk genotipleri arasındaki genetik eřitlilięin ( $H = 0.28$  ve  $I = 0.42$ ), yabancı genotiplerden ( $H = 0.30$  ve  $I = 0.45$ ) daha dřk deęerlere sahip olduęu belirlenmiřtir. alıřma sonucunda benzer blgelerden toplanan genotiplerin benzer kmelere ayrıldıęı ve Trk kavun genotipleri arasındaki polimorfik allel yzdesinin (%90.7) yabancı kavun genotiplerinin yzdesinden (%87.6) daha yksek olduęu bildirilmiřtir.

Jing ve ark., (2011) tarafından yapılan alıřmada, 20 erkenci-orta brokoli eřitidinin genetik uzaklıęı SRAP markırları kullanılarak belirlenmiřtir. alıřmada arařtırmacılar 28 SRAP primer kombinasyonundan toplam 312 adet bant elde etmiř olup, polimorfizm oranını %68.26 olarak bulmuřlardır. UPGMA kmeleme analizi sonularına gre brokoli eřitleri iki primer kombinasyonu ile ayırmsanabilmiřtir. A alt grubu; daha erkenci (50 – 70 gn), orta (85 – 90 gn) ve aynı orijin altkmelerine ayrılan 13 genotipi ierdięini ve 75 – 80 gnlk olan eřitlerin B alt grubunda olduęunu, bu da olgun ve menřein erken-orta brokoli germplazmında genetik eřitlilięin nemli bir sınıflandırma belirteci olabileceęini bildirmiřlerdir.

Kaar ve ark., (2013) yaptıkları alıřmada Trkiye'de ukurova niversitesi Tuzcu Narenciye eřit Koleksiyonunda muhafaza edilen mandalina genotiplerinin SSR ve SRAP molekler markır tekniklerini kullanarak karakterizasyon alıřmalarını yapmıřtır. Bunun iin 14 SSR primeri ve 21 SRAP primer kombinasyonu kullanmıřlardır. SRAP analizinden toplam 187 adet bant elde etmiř ve polimorfizm oranını %77 olarak bulmuřlardır. Yaptıkları bu alıřmanın, mandalina genotiplerinin karakterizasyonu iin SRAP markır sisteminin kullanıldıęı ilk alıřma olduęu bildirilmiřtir. alıřma sonucunda mandalina genotiplerini ayırt etmek ve aralarındaki iliřkileri anlamak, yeterli polimorfizmi saptamak iin hızlı ve basit bir teknik olarak SSR ve SRAP markırlarının kullanılabileceęini doęrulamıřtır.



Solmaz ve ark., (2013) yaptıkları çalışmada 93 genotip arasındaki genetik çeşitliliği belirlemek amacıyla SRAP ve SSR markır tekniklerinden yararlanmıştır. Çalışmada 14 SSR primeri ve 31 SRAP primer kombinasyonu kullanılmış, en yüksek polimorfizm oranı %100 ile SSR markırlarından elde edilmiş bunu %97.3 ile SRAP markırlarının izlediği bildirilmiştir. Yaptıkları SRAP analizleri sonucunda 93 adet genotipin genetik benzerlik düzeyinin 0.22 ile 0.97 arasında değiştiği ve iki ana grupta toplandığı görülmüştür. Araştırma sonucunda, genotipler morfolojik özellikler açısından çok farklı olsalar da kültürü yapılan *Citrullus lanatus* var. *lanatus* alt türünde yer alan bu genotiplerin genetik olarak yüksek düzeyde polimorfizme sahip olmadıkları bildirilmiştir.

Ahmad ve ark., (2014) 60 adet kanola (*Brassica napus*) genotipi arasındaki genetik çeşitliliği 20 adet SRAP primer kombinasyonu kullanarak incelemişlerdir. Çalışmada kullandıkları primer kombinasyonları toplamda 162 polimorfik bant oluşturmuş ve primer başına ortalama 8 bant elde ettiklerini bildirmişlerdir. İncelenen 60 kanola çeşit ve hatları arasındaki genetik benzerlik katsayıları izogenik hatlar hariç 0.40 ile 0.97 arasında değişmiştir. Araştırmacılar, SRAP moleküler markırlarının *Brassica napus* genotipleri arasındaki genetik çeşitliliği belirlemede kullanılabilir güvenilir bir yöntem olduğunu rapor etmişlerdir.

Jing ve ark., (2014) yaptıkları araştırmada brokoli ve akraba türler arasındaki genetik çeşitlilik ve ilişkiyi belirlemek amacıyla 28 SRAP primer kombinasyonu kullanmışlardır. Çalışma sonucunda araştırmacılar toplam 302 adet bant elde etmiş olup bunların 203'ünün polimorfik olduğunu ve polimorfizm oranını %67.22 olarak belirlemişlerdir. Yaptıkları kümeleme analizine göre 16 genotipi iki ana grupta toplamışlardır. Elde ettikleri sonuçlar neticesinde aynı coğrafi bölge veya orijinin, germplazmanın nispeten benzer genetik geçmişe ve daha yakın genetik ilişkiye sahip olmasını sağlayabileceğini, ıslah sürecini hızlandırmak için ise brokoli ve akraba türleri için germplazm sınıflandırmasına ve daha iyi gen kaynakları kullanımına yardımcı olabileceğini bildirmişlerdir.

Yuan ve ark., (2015) Çin lahanasında (*Brassica alboglabra* Bailey) çiçek sapı rengiyle ilişkili SRAP markırlarını tanımlamak amacıyla yeşil çiçek saplı bir çeşit ile leylak renkli bir çeşidin melezlemesinden elde edilen 196 adet F2 bitkisinde bulk

segragant analizi (BSA) tekniğini kullanılmışlardır. Araştırmacılar oluşturulan iki DNA bulku arasında test edilen toplam 153 SRAP primer kombinasyonunun 29 tanesinin polimorfizm oluşturduğunu belirlemişlerdir. İki DNA bulku arasında polimorfik olan 29 primer kombinasyonu DNA bulklarını oluşturan bireyler ile ebeveynler üzerinde test edilmiş ve Me02/Em14 primer kombinasyonunun Çin lahanasında çiçek rengi ile ilişkili olduğunu saptamışlardır.

Channa ve ark., (2016) tarafından yapılan araştırmada, kolza (*Brassica napus* L.) çeşit geliştirme çalışmalarında kullanılacak bitkisel materyaller arasındaki genetik çeşitliliğin belirlenmesi amaçlanmıştır. Bunun için 22 kolza çeşidi ve 55 elit ıslah hattı olmak üzere toplam 77 kolza genotipi arasındaki genetik çeşitlilik 47 SRAP ve 56 SSR primeri ile analizi edilmiştir. Araştırmacılar SRAP ve SSR primerleri için sırasıyla primer başına ortalama 5.74 ve 3.46 adet olmak üzere toplam 270 SRAP ve 194 SSR polimorfik bant elde etmişlerdir. Kümeleme analizi sonucunda 77 kolza genotip ve çeşitleri 5 ana grupta toplanmıştır. Moleküler varyans analizi, seçilen ıslah hatlarının genetik çeşitliliğinin kolza çeşitleriyle karşılaştırılabilir olduğunu ayrıca çeşitler ve hatlar arasında varyasyonun önemli olduğunu ortaya koymuştur. Çalışma sonucunda tespit edilen 16 elit ıslah hattı grubunun, arzu edilen özelliklere sahip ticari çeşitlerin geliştirilmesinde kaynak olarak gelecekteki ıslah programlarında kullanılabileceği belirtilmiştir.

Solmaz ve ark., (2016) tarafından yapılan çalışmada Türkiye'nin çeşitli coğrafi bölgelerinde toplamış oldukları farklı *Citrullus* türleri, yabancı türler, yerel çeşitler ile açıkta tozlanan çeşitler ve hibrit çeşitleri genetik akrabalık açısından değerlendirmek amacıyla SRAP ve SSR markır tekniği kullanılmıştır. Araştırmacılar çalışma için 14 SSR, 31 SRAP primer kombinasyonu kullanmışlardır. Çalışma sonucunda hem SSR markırlarında (%100) hem de SRAP markırlarında (%97.3) yüksek polimorfizm olduğunu belirtmişlerdir. SSR ve SRAP verilerine dayanarak, genetik benzerlik katsayılarını hesaplamış ve aritmetik ortalama ile ağırlıksız çift grup yöntemini kullanarak dendrogramlar oluşturmuşlardır. Yaptıkları kümeleme ve temel koordinat analizleri, Türkiye'nin farklı bölgelerinden toplanan *Citrullus lanatus* var. *lanatus* alttür genotiplerinin genetik olarak yakından ilişkili olduğunu göstermiştir. Çalışma sonucunda araştırmacılar yüksek morfolojik çeşitliliğin aksine Türk karpuz genetik kaynaklarının düşük genetik çeşitliliğe sahip olduğunu bildirmişlerdir.

Şimşek ve ark., (2016) tarafından yapılan çalışmada Türkiye'de Sıklamen türlerinin doğal olarak yetiştiği Adana, Antalya, Aydın, Muğla, İzmir, Denizli, Kahramanmaraş, Osmaniye, Eskişehir, Trabzon ve Rize illerinden toplanan bitkisel materyallerin moleküler karakterizasyonu RAPD ve SRAP moleküler markır teknikleri kullanılarak yapılmıştır. Araştırmacılar 30 RAPD primeri ve 14 SRAP primer kombinasyonu kullanmış, RAPD primerleri tarafından oluşturulan toplam 470 adet banttın 467'sinin polimorfik olduğu bildirilmiştir. Yüzde polimorfizm RAPD verilerine göre %99.3 iken SRAP analizinde, %100 polimorfizm gösteren toplam 216 adet bant elde edilmiştir. Yapılan bu çalışmanın Sıklamende SRAP markır tekniği kullanılan ilk çalışma olduğu bildirilmiştir.

Nas (2016) yaptığı araştırmada 35 adet çarliston ve 44 adet dolmalık biber saf hatları arasındaki genetik benzerliği SRAP markır tekniğini kullanarak değerlendirmiştir. Çalışmada Çarliston biber hatları için 71, dolmalık biber hatları için 24 SRAP primer kombinasyonu kullanmıştır. Kullandığı primer kombinasyonlarından çarliston biber hatlarında 50, dolmalık biber hatlarında ise 15'inde polimorfizme rastlamış ve araştırmacı bu primer kombinasyonlarını değerlendirmeye almıştır. Çarliston biber hatlarından 123 adet, dolmalık biber hatlarından ise 25 adet polimorfik bant elde etmiştir. Dolmalık biber hatlarının genetik benzerlik düzeylerinin 0.54 ile 1.00 arasında değişim gösterdiğini tespit etmiş, Çarliston biber hatlarının genetik benzerlik düzeylerinin ise 0.62 ile 0.98 arasında değişim gösterdiğini ve elde ettiği tüm bu veriler sonucunda SRAP markır tekniğinin kendilenmiş saf hatların genetik uzaklıklarının belirlenmesinde başarılı olarak kullanılabileceğini bildirmiştir.

Bozokalfa ve ark., (2017) tarafından yapılan çalışmada 94 yerel biber genotipinin birbirine olan genetik uzaklıkları SRAP markır sistemi kullanılarak değerlendirilmiştir. Araştırmacılar çalışmada 33 SRAP primer kombinasyonu kullanmış olup 23 primerde polimorfizme rastlamışlardır. Çalışma sonucunda 23 primerden toplam 202 polimorfik bant elde edilmiştir ve polimorfizm oranının türlere göre farklılık gösterdiği, diğer markır sistemlerine göre SRAP yöntemi ile elde edilen polimorfizm oranının daha yüksek olduğu bildirilmiştir. SRAP analizlerinden elde ettikleri verilerle oluşturdukları dendogram sonucunda genotipler %64 genetik benzerlik katsayısı ile 4 ana grup altında toplanmıştır. Araştırma sonuçları neticesinde araştırmacılar ileride yürütülecek ıslah programlarında genetik yapısı incelenen

genotiplerin daha etkin kullanımı ile ıslah süresinin büyük ölçüde kısaltılabileceğini düşündüklerini bildirmişlerdir.

Nacar ve ark., (2017) tarafından yapılan çalışmada F1 hibrit kabak ıslah programlarında kullanılmak üzere geliştirilen Zucchini Yellow Mosaic Virusü (ZYMV)'ne tolerant hatların genetik uzaklık dereceleri moleküler olarak analiz edilmiştir. Çalışmada 38 hat için 11 SRAP primer kombinasyonu kullanmışlardır. Benzerlik indeksinden yararlanarak UPGMA metodu ile kümeleme (Cluster) analizleri yapmış ve dendogram elde etmişlerdir. Dendogramdan elde ettikleri bilgilere göre hatların birbirinden ayrıldığı ve çeşitlilik olduğu bildirilmiştir. Hatların benzerlik düzeyi 0.63 ile 0.95 arasında değişiklik göstermiş olup 0.74 benzerlik düzeyinde 5 ana grupta toplanmıştır.

Pınar ve ark., (2017) tarafından yapılan çalışmada Hatay ilinden temin edilen 47 Trabzon hurması genotipi arasındaki genetik ilişkileri incelemek amacıyla SRAP ve SSR markır tekniklerinden yararlanılmıştır. 21 SRAP primer kombinasyonu toplam 107 adet bant oluşturmuş ve bunların %77.6'sının polimorfik, SSR primerlerinden elde edilen 26 adet allelin %84,6'sının polimorfik olduğu belirtilmiştir. Çalışma sonucunda her iki markır sisteminin de filogenetik araştırmalarda, çeşit tanımlamalarında, karakterizasyon çalışmalarında, genetik çeşitlilik ve ilişki değerlendirmelerinde başarıyla kullanılabileceği ortaya konulmuştur.

Tian ve ark., (2017) tarafından yapılan çalışma, kolzada (*Brassica napus* L.) ebeveynler arasındaki genetik uzaklık, kombinasyon yeteneği ve heterosis arasındaki ilişkiyi değerlendirmek için yapılmıştır. Çin kolza çeşit ıslah programlarında yaygın olarak kullanılan dokuz elit hat, 36 melez geliştirmek amacıyla diallel olarak melezlenmiş ve ebeveynleri ile birlikte dört farklı bölgede değerlendirmeye alınmıştır. Hatlar arasındaki genetik farklılıklar SRAP ve SSR markırları kullanılarak belirlenmiştir. Çalışmada kullanılan tüm primerler değerlendirildiğinde ebeveynler arasındaki genetik farklılıklar ile incelenen 11 morfolojik özelliğe ait heterosis etkisi arasında bir korelasyon görülmemiştir. Araştırmacılar SRAP ve SSR primerleri arasında yüksek polimorfizm gösteren primerleri seçerek bunları değerlendirmeye aldıklarında bu primerler ile slikaadaki (bakla) tohum sayısı, 1000 tohum ağırlığı, bitki başına tohum verimi ve parselden alınan tohum verimi özellikleri arasında önemli ve

pozitif korelasyonların olduğunu görmüştür. Çalışma sonucunda seçilen bu primerlerin, verim ve verimle ilgili özellikler için heterosis tahmini üzerine yapılan çalışmalarda daha fazla kullanılabilceği belirtilmiştir.

Uysal ve ark., (2019) yaptıkları çalışmada, Yamula patlıcanı, Manisa patlıcanı ve Kemer patlıcanının genetik farklılık/benzerliğini anlamak için (sırasıyla 28, 1 ve 3) toplam 32 adet genotipi SRAP markır tekniği kullanılarak karşılaştırmışlardır. Yaptıkları çalışma sonucunda 10 SRAP primer kombinasyonu kullanılarak toplam 67 adet bant elde etmişlerdir. Elde ettikleri bantların 51 adedi polimorfik, polimorfizm oranını ise %73.72 olarak belirlemişlerdir. UPGMA dendrogramına göre benzerliğin 0,68 ile 0,99 arasında olduğunu ve birinci grupta 8, diğer grupta ise 24 olmak üzere toplam iki ana grup ve bu iki grubun alt gruplara ayrıldığı belirtilmiştir. Ayrıca araştırmacıların sonuçlarına göre SRAP markır tekniğinin, çeşitler ve çeşitler arasındaki genetik benzerlik/çeşitliliği belirlemek için başarıyla kullanılabilceği bildirilmiştir.

Cebeci ve ark., (2020) tarafından yapılan araştırmada hıyar (*Cucumis sativus* L.) yerel çeşitlerini morfolojik olarak karakterize etmek ve genotiplerin genetik çeşitliliği ile ilişkilerini incelemek için 20 SRAP primer kombinasyonu kullanılmıştır. Yapılan analizler sonucunda Polimorfik Bilgi İçeriği (PIC) indeksi 0.15 ila 0.99 arasında değişiklik göstermiş olup, Dice'in benzerlik katsayısının ise 0.00-1.00 arasında değişiklik gösterdiği bildirilmiştir. UPGMA yöntemi kullanılarak yapılan kümeleme analizi sonucunda, tüm genotiplerin iki ana gruba ve birçok alt bölüme ayrıldığı ayrıca yerel çeşitler arasında orta düzeyde genetik çeşitliliğin olduğu bildirilmiştir.

Mansour ve ark., (2020) tarafından yapılan çalışmada Sudan'ın farklı bölgelerinde yaygın olarak yetiştirilen 12 soğan çeşidi arasındaki genetik çeşitlilik RAPD ve SRAP markır tekniği kullanılarak değerlendirilmiştir. Araştırmada toplam 32 RAPD ve 21 SRAP primer kombinasyonu kullanmışlardır. Elde ettikleri verilerle çeşitleri, Jaccard'ın benzerlik katsayısını kullanarak gruplandırmışlardır. SRAP analizinde test ettikleri 21 primer kombinasyonundan sekizi (%38.1) polimorfik bant vermiştir. Sekiz adet SRAP primer kombinasyonu 12 soğan çeşidinde tamamı polimorfik toplamda 30 adet bant vermiş ve her bir primer kombinasyonu 1 ile 8

arasında deęişen polimorfik bantlar vermiřtir. SRAP primerlerinin polimorfizm bilgi içerięi deęerlerinin (PBI) olduka yksek ıktıęı rapor edilmiřtir (0.99 ve 1.00). Arařtırıcılar soęanda genetik eřitlilięin ortaya konmasında SRAP markırlarının RAPD markırlarına gre ok daha bařarılı olduęunu bildirmiřlerdir.

Framarzpour ve ark., (2021) sera kořullarında yetiřtirilen 25 kolza eřidinde (kıř/ilkbahar) genetik eřitlilięi arařtırmak amacıyla 12 SRAP primer kombinasyonu kullanarak PCR yapmıřtır. Sonu olarak toplam 116 adet bant elde etmiřlerdir ve bunların 96'sının polimorfik olduęu bildirilmiřtir. Primer kombinasyonlarının polimorfizm bilgi içerięi (PBI) 0.25 ile 0,499 arasında, Nei indeksine dayalı genetik eřitlilik ise 0.18 ile 0.33 arasında deęiřiklik gsterdięi rapor edilmiřtir. Kmeleme analizinde eřitlerin 5 grupta toplandıęı grlmř ve arařtırıcılar kolza eřitleri arasındaki genetik eřitlilięin yksek olduęunu bildirmiřlerdir.

Yılmaz ve ark., (2021) tarafından yapılan alıřmada Kuzey Kıbrıs ve Trkiye'nin farklı blgelerinden toplanan toplam 32 kavun (*Cucumis melo* L.) genotipinin morfolojik ve molekler zelliklerini karakterize etmek amacıyla SRAP markır teknięinden yararlanılmıřtır. Yapılan molekler analizler iin 11 SRAP primer kombinasyonu kullanmıřlardır. Analiz sonucunda toplam 81 adet bant elde etmiřler, elde ettikleri bantların 56 adedi polimorfik bulunmuř ve polimorfizm oranının ise %0.69±0.96 olduęunu bildirmiřlerdir. SRAP verilerine gre genotiplerin iki ana kmede toplandıęı ve Kuzey Kıbrıs'tan seilen kavun genotipleri ile Trkiye'den seilen bazı kavun genotipleri karakterize edilerek genotiplerin ıslah programında kullanılma potansiyellerinin olduęu bildirilmiřtir.

### 3. MATERYAL ve YÖNTEM

#### 3.1 Bitkisel Materyal

Bu tez çalışmasında Karadeniz Tarımsal Araştırma Enstitüsü tarafından sağlanan 24 adet beyaz baş lahana ıslah hattı kullanılmıştır (Çizelge 3.1 ve Şekil 3.1). Karadeniz Tarımsal Araştırma Enstitüsü'nden temin edilen genotiplerin tohum ekimi ve fide yetiştirme işlemleri Ordu Üniversitesi Ziraat Fakültesinde bulunan büyütme odasında yürütülmüştür (Şekil 3.2).

**Çizelge 3. 1** Çalışmada kullanılan ıslah hatları

No	Genotip Kodu
1	40
2	501
3	518
4	22-1
5	A119
6	A126
7	A145
8	A168
9	A322
10	A387
11	A62
12	BLYM-4
13	BY27-2
14	EXS
15	FG
16	P43-1
17	P59-1
18	P91
19	P95
20	TAR
21	W37
22	WEİ
23	YBB-35
24	ZL-3



Şekil 3. 1 Beyaz baş lahana genotiplerinin arazideki görüntüsü





Şekil 3.1 Beyaz baş lahana genotiplerinin arazideki görüntüsü (devamı)



Şekil 3.1 Beyaz baş lahana genotiplerinin arazideki görüntüsü (devamı)



(a)



(b)

**Şekil 3. 2** Tohum ekimi (a) ve fide yetiştirme ortamı (b)

### 3.2 Genotiplerin Moleküler Karakterizasyonu

Genotiplerin moleküler analizleri Ordu Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölümü Biyoteknoloji Laboratuvarında yürütülmüştür.

#### 3.2.1 DNA İzolasyonu

Bu tez çalışmasında kullanılan DNA izolasyon yöntemi Haymes (1996)'in geliştirmiş olduğu miniprep DNA izolasyon yöntemine göre küçük değişiklikler yapılarak gerçekleştirilmiştir. Bu yöntemin uygulanmasında dört farklı çözelti kullanılmıştır (Çizelge 3.2).

**Çizelge 3. 2** DNA izolasyonunda kullanılan kimyasal ve çözeltiler

Çözelti A	Çözelti B	Çözelti C	Çözelti D
100 mM tris-HCl (pH8.0)	240 ml kloroform	96 ml ETOH	10 mM tris
1.4 M NaCl	10 ml izoamil	4 ml 3 M NaAC (pH	1 mM EDTA
20 mM EDTA	alkol	5.2)	(pH 8)
%2 CTAB (hexadecyl-trimethyl-ammonium bromide) %0.4 β-mercaptoethanol			

Çalışmada DNA izolasyon protokolünün uygulama aşamaları sırayla maddeler halinde aşağıda özetlenmiştir (Şekil 3.3).

1. Taze bitki yaprakları (genç yapraklardan 3-4 tane olacak şekilde) yaklaşık 100 mg alınarak 1.5 ml eppendorf tüplere konulmuştur (Şekil 3.3 (a)).
2. Eppendorf tüplere konulan örnekler mikro havaneli yardımı ile iyice ezilmiştir (Şekil 3.3 (b)).
3. Ezilen örneklerin içerisine Çizelge 3.2'deki belirtilen Çözelti A'dan 500 µl eklenerek yavaşça iyi bir şekilde karıştırılmıştır (Şekil 3.3 (c)).
4. Çizelge 3.1'deki tüm ıslah hatlarına belirtilen uygulamalar (Madde 1-2 ve 3) yapıldıktan sonra hazırlanan tüm örnekler su banyosunda 30 dakika süreyle 65°C'de inkübasyona tabi tutulmuştur.
5. Su banyosu uygulamasından sonra tüm örnek tüplere Çizelge 3.2'deki belirtilen Çözelti B'den 150 µl eklenerek karıştırılmıştır.
6. Tüm örnekler santrifüj cihazında 3 dk süreyle 14000 rpm hızla santrifüj edilmiştir (Şekil 3.3 (d)).
7. Santrifüj işleminden sonra tüm örneklerde oluşan süpernatant sıvı kısmı (Şekil 3.3 (e)) temiz 1,5 ml'lik eppendorf tüp içerisine ayrı ayrı tekrar numaralandırılarak aktarılmıştır (Şekil 3.3 (f)).
8. Yeni tüplerin içerisine Çizelge 3.2'deki belirtilen Çözelti C'den 600 µl eklenerek sıvı içerisindeki DNA çöktürülmüştür. Bu aşamada örneklerden daha fazla DNA elde edilmesi amacıyla -20°C'de 2 saat süre ile bekletilmesi sağlanmıştır (Şekil 3.3 (g)).
9. Tüm örnekler bir santrifüj cihazında 10000 rpm devirde 3 dk süre ile santrifüj edildikten sonra üstteki sıvı dökülerek DNA'nın eppendorf tüplerin tabanında toplanması sağlanmıştır (Şekil 3.3 (h)).
10. Eppendorf tüplerin tabanına toplanan DNA'ların üzerine %70 ETOH'dan 300 µl eklenerek santrifüj cihazında 10000 rpm devirde 3 dk süreyle santrifüj edilmiştir (yıkama).
11. Santrifüj işlemi sonrasında oluşan üst sıvı dökülerek eppendorf tüpler baş aşağı olacak şekilde yaklaşık olarak 1 saat süreyle oda sıcaklığında bekletilmiş (Şekil 3.3 (i)) ve üzerine Çizelge 3.2'deki belirtilen Çözelti D'den 200 µl eklenip DNA çözüldürülmüştür.



(a)



(b)



(c)



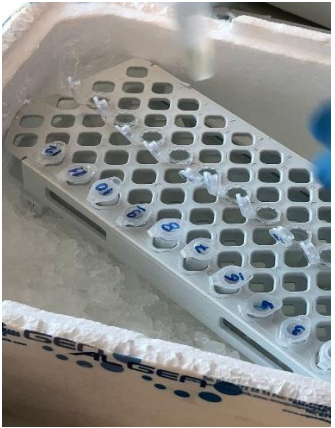
(d)



(e)



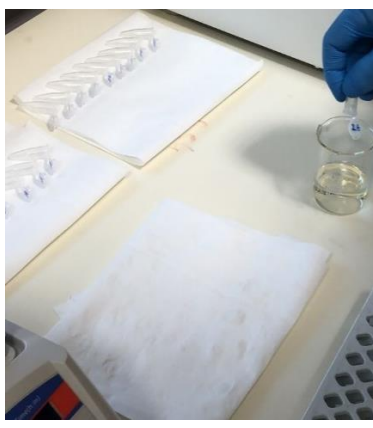
(f)



(g)



(h)



(i)

**Şekil 3. 3** DNA izolasyon aşamaları

### 3.2.2 SRAP Analizi

Çalışmada yer alan genotiplerin genetik olarak tanımlanması için moleküler yöntemlerden biri olan SRAP (Sequence Related Amplified Polymorphism) yöntemi kullanılmış ve 11 adet ileri (Forward) ve 10 adet geri (Reverse) SRAP primeri (Çizelge

3.3) farklı şekillerde kombine edilerek toplam 45 primer kombinasyonu (Çizelge 3.4) kullanılmıştır.

**Çizelge 3. 3** Çalışmada kullanılan SRAP primerlerine ait sekans bilgileri

<b>Primer (F)</b>	<b>Sekans Bilgisi (F)</b>	<b>Primer (R)</b>	<b>Sekans Bilgisi (R)</b>
ME01	TGAGTCCAAACCGGATA	EM02	GACTGCGTACGAATTTGC
ME02	TGAGTCCAAACCGGAGC	EM03	GACTGCGTACGAATTGAC
ME03	TGAGTCCAAACCGGAAT	EM04	GACTGCGTACGAATTTGA
ME04	TGAGTCCAAACCGGACC	EM05	GACTGCGTACGAATTAAC
ME05	TGAGTCCAAACCGGAAG	EM08	GACTGCGTACGAATTCTG
ME06	TGAGTCCAAACCGGTAA	EM09	GACTGCGTACGAATTCAG
ME14	TGAGTCCAAACCGGTCT	EM10	GACTGCGTACGAATTTAG
ME16	TGAGTCCAAACCGGGCC	EM11	GACTGCGTACGAATTCCA
ME18	TGAGTCCAAACCGGGCT	EM12	GACTGCGTACGAATTCTT
ME19	TGAGTCCAAACCGGGTA	EM13	GACTGCGTACGAATTCTC
ME21	TGAGTCCAAACCGGTCA		

**Çizelge 3. 4** Çalışmada Kullanılan SRAP Primer Kombinasyonları

<b>No</b>	<b>Primer Kombinasyonu (F x R)</b>	<b>No</b>	<b>Primer Kombinasyonu (F x R)</b>
1	Me01 x Em02	24	Me06 x Em10
2	Me01 x Em03	25	Me06 x Em11
3	Me01 x Em04	26	Me06 x Em12
4	Me01 x Em05	27	Me14 x Em02
5	Me01 x Em08	28	Me14 x Em03
6	Me02 x Em09	29	Me14 x Em04
7	Me02 x Em10	30	Me14 x Em05
8	Me02 x Em11	31	Me14 x Em08
9	Me02 x Em12	32	Me16 x Em10
10	Me02 x Em13	33	Me17 x Em05
11	Me03 x Em02	34	Me18 x Em09
12	Me03 x Em03	35	Me18 x Em10
13	Me03 x Em04	36	Me18 x Em11
14	Me03 x Em05	37	Me19 x Em02
15	Me03 x EM10	38	Me19 x Em03
16	Me03 x Em13	39	Me19 x Em04
17	Me04 x Em10	40	Me19 x Em05
18	Me05 x Em02	41	Me21 x Em09
19	Me05 x Em03	42	Me21 x Em10
20	Me05 x Em04	43	Me21 x Em11
21	Me05 x Em05	44	Me21 x Em12
22	Me05 x Em08	45	Me21 x Em13
23	Me06 x Em09		

### 3.2.3 PCR Analizi

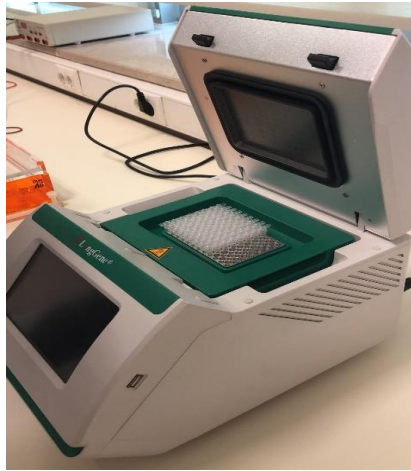
Çalışmada yürütülen SRAP PCR analizi Yıldız ve ark., (2011)'nın kavunda kullandıkları protokole göre yürütülmüştür. SRAP primerlerinin test edilmesinde kullanılan PCR protokolü Çizelge 3.5'te ve PCR koşulları ise Çizelge 3.6'da sunulduğu şekilde LongGene A300 Thermal cycler cihazında gerçekleştirilmiştir (Şekil 3.4).

**Çizelge 3. 5** SRAP primerlerinin test edilmesinde kullanılan PCR protokolü

Bileşen	Miktar
PCR Master Mix (Dreamtaq Green Master Mix)	7.5 µl
SRAP Primeri İleri (Forward)	1 µl (10 pmol)
SRAP Primeri Geri (Reverse)	1 µl (10 pmol)
Genomik DNA	3µl (10 ng/µl)
Deiyonize su	2.5 µl
Toplam	15 µl

**Çizelge 3. 6** SRAP analizlerinde kullanılan PCR Koşulları

Sıcaklık (°C)	Süre (dk)	Yapılan İşlem	Döngü Sayısı
94	2	Ön denatürasyon	1
94	1	DNA'nın çift ipliklerinin ayrılması (denatürasyon)	5
35	1	Primer bağlanması (annealing) - yapışma	5
72	1	Yeni iplikçiğin yazılımı (extension) - uzama	5
94	1	DNA'nın çift iplikçiğinin ayrılması (denatürasyon)	35
50	1	Primer bağlanması (annealing) - yapışma	35
72	1	Yeni iplikçiğin yazılımı (extension) - uzama	35
72	5	Son yazılım - uzama	1



(a)

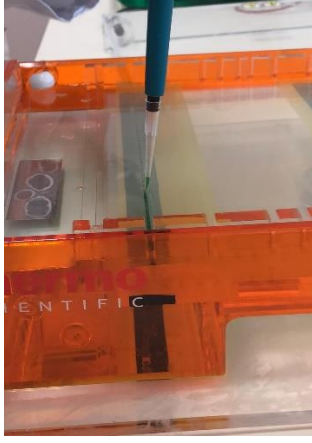


(b)

**Şekil 3. 4** SRAP primerlerinin PCR dizilimi (a) ve döngüsü (b)

### 3.2.4 Agaroz Jel Elektrofrez ve Görüntülemesi

Beyaz baş lahana genotiplerinin SRAP markırları karakterizasyonu için PCR çalışmalarından elde edilen ürünler, içerisinde 1x TAE tampon çözeltisi (Tris + Asetik asit + EDTA) bulunan elektrofrez tankında %2'lik (Şekil 3.5 (a)) agaroz (FisherScientific) jelde 100 V ve 300 mA akımda koşturulmuştur. Agaroz jel üzerinde ayrılan bantların ağırlıklarının tahmini amacıyla jele en az 1 sıra 100 bp (New England Biolabs Inc.; Şekil 3.6) marker DNA Ladder yüklenmiştir. Elektrofrez işlemi 4 saat süre ile devam ettirilmiştir. Elektrofrez işleminden sonra jel 20 dakika süre ile ethidium bromide çözeltisinde bekletilmiş ve saf su ile yıkanarak UV transilluminatörde (INGENIUS, Syngene) görüntülenmiştir (Şekil 3.5 (b)).

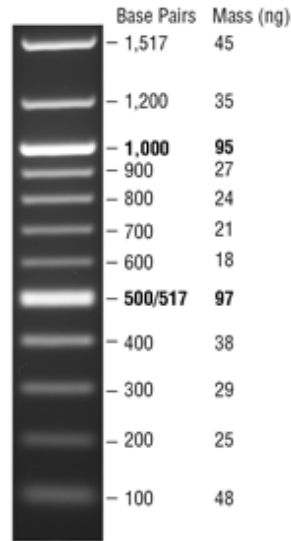


(a)



(b)

Şekil 3. 5 Agaroz jele PCR ürünlerinin yüklenmesi ve yürütülmesi (a); UV görüntüleme (b)



Şekil 3. 6 100 bp DNA Ladder Baz Çifti Ağırlıkları



### 3.2.5 SRAP Markırlarının Değerlendirilmesi

Çalışmada yapılan elektroforez işlemi sonucunda oluşan her bir primer çifti için her genotipe ait bant profilleri binominal veri olarak (1/0) skorlanmıştır. Her bir SRAP primer kombinasyonunun oluşturduğu toplam bant sayısı ve oluşan polimorfik bant sayıları ve efektif allel frekansları hesaplanmıştır. Primer kombinasyonlarının çalışmada kullanılan beyaz baş lahana hatlarını ayırmadaki başarısının göstergesi olan polimorfizm bilgi içeriği (PIC) aşağıdaki formül kullanılarak hesaplanmıştır.

$$PIC_j = 1 - \sum_{i=1}^n p_i^2 \quad (3.1)$$

i= j'inci primerin i'inci alleli

n= j'inci primerin allel sayısı

p = allel frekansı

### 3.2.6 SRAP Markırlarının İstatistik Analizi

Beyaz baş lahana gen havuzundaki hat ve çeşitlerin genetik olarak benzerliklerinin ortaya konması amacıyla Jackard benzerlik indeksine göre NTSYS-pc (Numerical Taksonomy and Multivare Analysis System) paket programında değerlendirilmiştir (Rholf, 1993). Bu amaca yönelik olarak saf hatlar arasındaki uzaklık Jackard benzerlik indeksine göre DICE (Dice, 1943) modülünde UPGMA (Unweighted Pair-Group Method Algorithm) metodu kullanılarak kümeleme analizi yapılmış ve dendrogramları oluşturulmuştur.

## **4. BULGULAR ve TARTIŞMA**

### **4.1 Beyaz Baş Lahana Islah Hatlarının Moleküler Karakterizasyonu**

#### **4.1.1 SRAP Primerlerinin Etkinliđi**

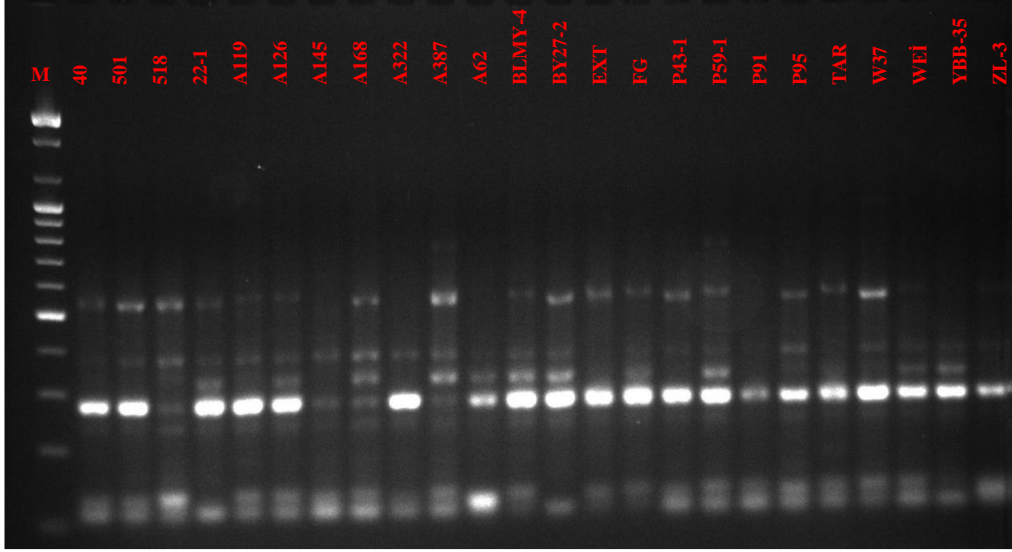
Karadeniz Tarımsal Araştırma Enstitüsü tarafından temin edilen 24 adet beyaz baş lahana ıslah hatları arasındaki genetik farklılıkları belirlemek amacıyla toplam 45 SRAP primer kombinasyonu kullanılarak moleküler analizleri yapılmıştır. Polimorfik SRAP primer kombinasyonlarına ait deđerlendirmeler Çizelge 4.1’de verilmiştir.

Beyaz baş lahana hatlarının ayırlamasında kullanılan 45 primer kombinasyonunun tamamı polimorfik olarak gözlemlenmiştir. Primer kombinasyonları ıslah hatlarında toplam 257 adet bant üretmiştir. Görüntülenen allellerin 194 (%74) adedi polimorfik olurken 67’si ıslah hatları arasında polimorfizm göstermemiştir. Çalışmada kullanılan primer kombinasyonu başına ortalama 5.7 allel elde edilirken primer kombinasyonu başına ortalama polimorfik allel sayısı da 4.3 olarak hesaplanmıştır. Me05\_Em04 primer kombinasyonu test edilen kombinasyonlar içerisinde en fazla toplam allel (12 allel) üreten primer kombinasyonu olmuştur. Me19\_Em02 ve Me19\_Em03 primer kombinasyonlarında primer kombinasyonu başına toplam 11 allel ile bunu takip etmiştir. Me02\_Em10, Me03\_Em03 ve Me18\_Em11 primer kombinasyonları da çalışmada primer kombinasyonu başına en az allel (2 allel) üreten primer kombinasyonları olmuştur. En fazla sayıda polimorfik allel üreten (10 adet) primer kombinasyonları Me03\_EM10, Me14\_Em08 ve Me19\_Em03 olurken Me14\_Em03 ve Me18\_Em11 kombinasyonları da 1’er adet polimorfik allel üretmiştir. Şekil 4.1’de beyaz baş lahana ıslah hatlarından elde edilen primerlerin bant profilleri verilmiştir.

Çalışmada kullanılan toplam 45 SRAP primer kombinasyonunun polimorfizm oranı deđerleri %33 ile %100 arasında deđişmiştir (ortalama %74.45). Primer kombinasyonlarının büyük çoğunluğu %70’in üzerinde bir polimorfizm oranı deđerleri verirken Me14\_Em03 ve Me21\_Em11 primer kombinasyonları %33 ile en düşük polimorfizm oranı deđerlerini vermiştir.

**Çizelge 4. 1** SRAP Primerlerinin Beyaz Baş Lahanada Oluşturdukları Allel Sayıları ve Polimorfizm Bilgi İçerikleri (PBI)

Primer	Polimorfik Allel Sayısı	Monomorfik Allel Sayısı	Toplam Allel Sayısı	Polimorfizm Oranı (%)	Polimorfizm Bilgi İçeriği	Efektif Allel Frekansı
Me01_Em02	5	2	7	71	0.59	1.58
Me01_Em03	2	2	4	50	0.29	1.12
Me01_Em04	2	1	3	67	0.43	1.22
Me01_Em05	2	1	3	67	0.25	1.36
Me01_Em08	5	0	5	100	0.44	1.57
Me02_Em09	3	0	3	100	0.55	1.74
Me02_Em10	2	0	2	100	0.50	1.49
Me02_Em11	2	2	4	50	0.35	1.46
Me02_Em12	3	1	4	75	0.76	1.31
Me02_Em13	3	3	6	50	0.39	1.35
Me03_Em02	4	0	4	100	0.59	1.37
Me03_Em03	2	0	2	100	0.70	2.15
Me03_Em04	2	1	3	67	0.38	1.12
Me03_Em05	3	1	4	75	0.52	1.42
Me03_EM10	10	0	10	100	0.73	1.50
Me03_Em13	4	0	4	100	0.53	1.41
Me04_Em10	4	1	5	80	0.37	1.28
Me05_Em02	5	0	5	100	0.49	1.54
Me05_Em03	5	4	9	56	0.39	1.25
Me05_Em04	8	4	12	67	0.37	1.28
Me05_Em05	6	1	7	86	0.46	1.53
Me05_Em08	3	2	5	60	0.51	1.71
Me06_Em09	4	1	5	80	0.43	1.07
Me06_Em10	3	3	6	50	0.17	1.23
Me06_Em11	4	3	7	57	0.31	1.31
Me06_Em12	7	1	8	88	0.54	1.58
Me14_Em02	7	1	8	88	0.55	1.36
Me14_Em03	1	2	3	33	0.33	1.03
Me14_Em04	6	0	6	100	0.44	1.48
Me14_Em05	2	2	4	50	0.41	1.34
Me14_Em08	10	0	10	100	0.75	1.87
Me16_Em10	8	1	9	89	0.63	1.64
Me17_Em05	5	0	5	100	0.77	1.45
Me18_Em09	5	2	7	71	0.55	1.28
Me18_Em10	4	1	5	80	0.65	1.73
Me18_Em11	1	1	2	50	0.39	1.49
Me19_Em02	8	3	11	73	0.67	1.47
Me19_Em03	10	1	11	91	0.75	1.70
Me19_Em04	4	1	5	80	0.46	1.37
Me19_Em05	5	2	7	71	0.60	1.48
Me21_Em09	4	1	5	80	0.53	1.46
Me21_Em10	4	2	6	67	0.34	1.46
Me21_Em11	2	4	6	33	0.31	1.15
Me21_Em12	3	3	6	50	0.27	1.36
Me21_Em13	2	2	4	50	0.16	1.22
<b>Toplam</b>	194	63	257		-	-
<b>Ortalama</b>	4.3	1.4	5.7	74.45	0.48	1.43



**Şekil 4. 1** Me01\_Em08 primerlerinden elde edilen beyaz baş lahanaya ıslah hatlarına ait bant profilleri

Beyaz baş lahanaya ıslah hatlarının moleküler olarak ayrılmasında kullanılan SRAP primerlerinin polimorfizm bilgi içeriği (PBI) değerleri de 0.16 ile 0.77 (ortalama 0.48) arasında değişmiştir. Me17\_Em05, Me02\_Em12 ve Me19\_Em03 yüksek PBI değerine (sırasıyla 0.77, 0.76 ve 0.75) sahip primer kombinasyonları olarak belirlenirken Me21\_Em13 (0.16) ve Me06\_Em10 (0.17) düşük PBI değerlerine sahip olmuştur. Kullanılan markır sistemleri arasında SRAP'in çok sayıda polimorfik allel üretebilen bir moleküler markır sistemi olduğu Guo ve Luo (2006) tarafından bildirilmiştir. Çalışmamızda kullanılan 45 SRAP primer kombinasyonundan elde edilen toplam 257 adet bant ve 194 adet polimorfik bant sayısı araştırmacıların tespitiyle uyumlu olduğunu göstermektedir. Beyaz baş lahanaya ile aynı familyadan olan brokoli genotiplerinin SRAP primerleri ile moleküler olarak ayrılmasında 28 SRAP primer kombinasyonunun toplam 312 adet allel ürettiği ve polimorfizm oranının %68.26 olduğu bildirilmiştir (Jing ve ark., 2011). Araştırmacılar primer kombinasyonu başına ortalama polimorfik bant sayısının 7.6 olduğunu rapor etmişlerdir. Yapılan başka bir çalışmada Jing ve ark., (2014) brokoli ve akraba türler arasındaki genetik çeşitlilik ve ilişkiyi belirlemek amacıyla 28 SRAP primer kombinasyonu kullanmış çalışma sonucunda toplam 302 adet bant (203'ü polimorfik) ürettiği ve polimorfizm oranının %67.22 olduğu bildirilmiştir. Yan ve Zang (2005) yaptıkları çalışmada 20 hibrit karpuz çeşiti arasındaki genetik varyasyonun SRAP markır tekniği kullanılarak belirlenmesini amaçlamış yaptıkları moleküler analizler için 25 adet SRAP primer

kombinasyonu kullanmıştır. Araştırmacılar analizler sonucunda toplam 331 adet allel üretildiğini bunların 135 adedinin polimorfik olduğunu belirtmiştir. Me6\_Em2 primer kombinasyonu en fazla toplam allel (23 allel) üreten primer kombinasyonu olduğu en az allel üreten primer kombinasyonunun toplam 11 allel ile Me1\_Em5 primer kombinasyonuna ait olduğu ayrıca en yüksek polimorfizm oranına (%68) sahip primer kombinasyonunun Me1\_Em3 olduğu bu primer kombinasyonunun ürettiği 22 allelden 15'inin polimorfik olduğu bildirilmiştir. Ferriol ve ark., (2003) 69 kabak genotipi için AFLP ve SRAP olmak üzere iki markır tekniğinden yararlanarak analiz etmiştir. 11 primer kombinasyonu kullanarak yaptıkları SRAP analizleri sonucunda toplam 88 adet allel elde etmiş bunların da 64'ünün polimorfik olduğunu ve polimorfizm oranını %72,7 olarak belirlemişlerdir. Me7\_Em5 primer kombinasyonunun en fazla allel üreten primer kombinasyonu (15 adet) olduğunu en az allel üreten primer kombinasyonlarının ise Me2\_Em1 ve Me8\_Em1 (4 adet) olduğu aynı zamanda Me2\_Em1 primer kombinasyonunun %100 polimorfizm gösterdiğini ve tüm bu analizler sonucunda SRAP markırlarının morfolojik varyasyonlarla daha iyi uyum sağladığını, daha fazla bilgi sunduğunu, morfolojilerin evrimsel geçmişi ile ilgili AFLP'den daha çok bilgi sağladığını bildirmişlerdir. Okumuş ve Balkaya (2007) 20 adet yaprak lahanası genotipini RAPD markır tekniğini kullanarak değerlendirmiş yaptıkları moleküler analizler sonucunda 60'ı (%54,5) polimorfik olan 110 adet allel elde etmişlerdir. Gülşen ve ark., (2007) tarafından yapılan çalışmada 23 banya genotipi arasındaki çeşitlilik ve ilişkiler SRAP markır tekniği ve fenotipik belirteçler kullanılarak incelenmiştir. 39 SRAP primer kombinasyonu kullanarak yaptıkları moleküler analizler sonucunda %50'si polimorfik olan toplam 97 adet allel üretilmiştir. Channa ve ark., (2016) yaptıkları çalışmada 77 adet *Brassica napus* ıslah hattının genetik çeşitliliğini analiz etmek için SRAP ve SSR markır tekniğinden yararlanmıştır. Araştırmacılar SRAP analizleri için 47 SRAP primer kombinasyonu kullanmıştır. Yapılan SRAP moleküler analizleri sonucunda toplam 270 adet polimorfik allel üretildiğini primer başına ortalama polimorfik allel sayısının SRAP markır tekniğinde 5.74 olduğunu, SSR primerlerinin ise toplam 194 adet polimorfik allel ürettiğini ve primer başına ortalama polimorfik allel sayısının da 3.46 olarak belirlendiğini bildirmişlerdir. Polimorfik allel yüzdesi olarak SRAP primer kombinasyonları %37.50 ile %85.71 arasındaki oranlarda değişirken SSR primerleri

için bu oran %25 ile %100 arasında değişiklik gösterdiği belirtilmiştir. Yapılan başka bir çalışmada 60 adet *Brassica napus* genotipi arasındaki genetik çeşitlilik 20 adet SRAP primer kombinasyonu kullanarak incelenmiştir. Araştırmada elde edilen toplam 425 allelin 162'sinin polimorfik olduğu belirlenmiştir. En fazla allel oluşturan primer kombinasyonu Me2\_Em17 (37 adet) olurken en fazla polimorfik allel üreten primer kombinasyonu Me2\_Em18 olduğu belirtilmiştir (Ahmad ve ark., 2014). Li ve ark., (2013) yine *Brassica napus* türüne ait 34 genotip arasındaki genetik varyasyonun ortaya konmasında 24 SRAP primer çifti ve 17 SSR primer kombinasyonu kullanmışlardır. Araştırmacılar SRAP primerlerinin toplam 145 allel (primer çifti başına ortalama 6 allel) ve SSR primerlerinin de toplam 99 allel (primer çifti başına ortalama 5.82 allel) ürettiğini ayrıca primerlerin PBI değerleri SRAP için 0.19 ile 0.74 (ortalama 0.48) SSR için 0.12 ile 0.74 (ortalama 0.40) arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Wu ve ark., (2009) 95 adet hardal (*Brassica juncea*) genotipinden oluşan bir koleksiyonun moleküler düzeyde çeşitliliğini belirlemek amacıyla kullandıkları SRAP primer kombinasyonlarının toplam 326 allel ürettiğini bunların 161'inin polimorfik olduğunu belirlemiş, polimorfizm oranının %52.70 (Em04\_Me01) ile %21.88 (Em01\_Me03) arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Turp genotipleri arasındaki genetik çeşitliliğin tanımlanması amacıyla RAPD, ISSR ve SRAP markır sistemlerinin karşılaştırıldığı başka bir çalışmada 35 RAPD primerinin primer başına ortalama 11.77 allel olmak üzere toplam 412 allel (352'si polimorfik), 22 ISSR primerinin primer başına ortalama 7.14 olmak üzere toplam 250 allel (213'ü polimorfik) ve 17 SRAP primer kombinasyonunun da primer çifti başına ortalama 13.71 olmak üzere toplam 233 allel (199'u polimorfik) ürettiği bildirilmiştir (Liu ve ark., 2008). Araştırmacılar SRAP primer kombinasyonlarının ürettiği allel sayısının 6 ile 17 arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Primerlerin polimorfizm oranlarına bakıldığında SRAP primerlerinin daha polimorfik olduğu görülmektedir. Ayrıca soğan genotiplerinin ayırılması amacıyla RAPD ve SRAP markır tekniklerinin kullanıldığı başka bir çalışmada (Mansour ve ark., 2020) 20 RAPD primerinin toplam 320 allel ürettiği ve 8 SRAP primerinin de toplam 66 allel ürettiği bildirilmiştir. Her iki marker sisteminde de primerlerin yüksek PBI değerlere sahip olduğu bildirilmiş olmakla birlikte SRAP primerlerinin soğan genotiplerinin ayırılmasında daha başarılı olduğu bildirilmiştir.

## 4.2 Beyaz Baş Lahana Islah Hatları Arasındaki Genetik İlişkiler

### 4.2.1 Temel Bileşen Analizi (TBA)

Beyaz baş lahana ıslah hatları arasındaki varyasyonun belirlenmesinde SRAP markırları ile elde edilen verilere Temel Bileşen Analizi (TBA) uygulanmıştır. Elde edilen bulgular temel bileşenlerinin ilkinde hatlar arasındaki varyasyonun %82.41 olduğu görülmüştür (Çizelge 4.2; Şekil).

**Çizelge 4.2.** SRAP primer kombinasyonlarına ait temel bileşen analizi

Bileşen Eksenleri	Öz Değer	Varyasyon (%)	Toplam Varyasyon (%)
1	19.779	82.41	82.41
2	0.468	1.95	84.36
3	0.382	1.59	85.96
4	0.316	1.32	87.27
5	0.289	1.20	88.48
6	0.265	1.11	89.58
7	0.247	1.03	90.61
8	0.233	0.97	91.58
9	0.201	0.84	92.42
10	0.196	0.82	93.24
11	0.184	0.77	94.01
12	0.181	0.76	94.76
13	0.163	0.68	95.44
14	0.149	0.62	96.06
15	0.137	0.57	96.63
16	0.131	0.55	97.18
17	0.118	0.49	97.67
18	0.111	0.46	98.13
19	0.098	0.41	98.53
20	0.086	0.36	98.89
21	0.081	0.34	99.23
22	0.075	0.31	99.54
23	0.060	0.25	99.79
24	0.050	0.21	100.00

Çizelgede de görüldüğü gibi temel bileşenlerin ilk 7 ekseninin açıkladığı toplam varyasyon %90'ın üzerinde çıkmıştır. Elde edilen bulgular SRAP markırları ile oluşturulan dendrogramda genotiplerin iyi doğru bir şekilde dağıldığının göstergesi niteliğindedir. Nitekim Melchinger (1993) temel bileşen eksenlerinin ilk 2 ya da

3'ünde açıklanan toplam varyasyon değerinin %25'ten daha az olması durumunda kümeleme analizlerinde genotiplerin grafikler üzerinde dağılımının hatalı olabileceğini bildirmiştir. Yürüttüğümüz bu çalışmada SRAP primer kombinasyonları ile ayrımlanan 24 beyaz baş lahana hattının oluşturulan geometrik düzlemlerde ve kümelemelerde dağılımlarının doğruya en yakın şekilde temsil edildiği kanısına varılmıştır. Channa ve ark., (2016) 77 adet kolza (*Brassica napus* L.) genotipinin genetik çeşitliliğinin belirlenmesi için kullandıkları SSR ve SRAP primerlerine ait verilere uygulanan temel bileşen analizinde bileşenlerin ilk 2 ekseninin sırasıyla toplam varyasyonun %5.19 ve %4.19'unu açıkladığını bildirmişlerdir. Zhang ve ark., (2017) ise *Brassica rapa* spp. genotiplerinin ayrımlanmasında yine SRAP ve SSR markırlarını kombine etmişlerdir. Araştırmacılar elde ettikleri verilere uyguladıkları temel bileşen analizinde bileşenlerin ilk 2 ekseninde toplam varyasyonun sırasıyla %15.80 ve %6.79'unun açıkladığını bildirmişlerdir. Nacar ve ark., (2017) tarafından yapılan başka bir çalışmada ise 38 yazlık kabak genotipi 11 SRAP markır kombinasyonu kullanılarak moleküler karakterizasyonu yapılmıştır. Yapılan temel bileşenler analizi sonuçları genetik çeşitlilik açıkça ortaya koymuş ve genotiplerin genetik benzerlik düzeylerinin 0.63 ile 0.95 arasında değiştiği bildirilmiştir.

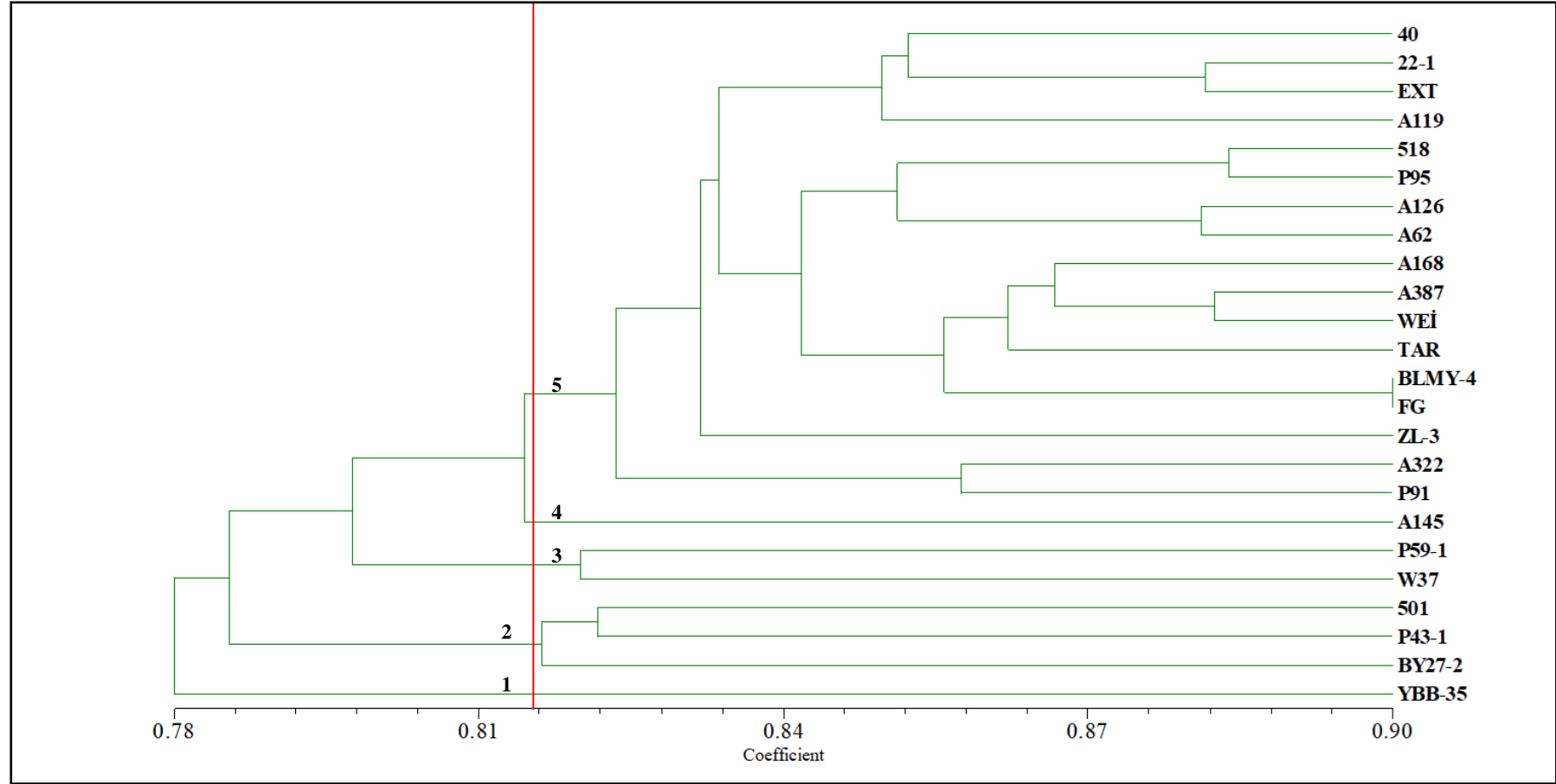
### 5.2.2 Kümeleme Analizi

Beyaz baş lahana ıslah hatları arasındaki genetik ilişkilerin ortaya konması amacı ile kullanılan SRAP markır verilerinden UPGAMA yöntemine göre oluşturulan gruplandırma ve korelasyon matrisi değerleri sırasıyla Şekil 4.2 ve Çizelge 4.2'de verilmiştir. Markır verilerine dayalı genetik ilişkilerin gösterildiği korelasyon matrisi ile bu ilişkinin görsel ifadesi olan dendrogramın uyumluluğunu gösteren ortalama korelasyon katsayısı değeri  $r=0.81647$  olarak hesaplanmıştır. Ortalama korelasyon katsayısı değeri ile genotipler arasındaki benzerliklerin pozitif yönlü ve son derece yüksek olduğunu göstermektedir. Moleküler veriler kapsamında kullanılan genotiplerin benzerlikleri kümeleme analizi sonucunda elde edilen dendrogram grafiği ile ortaya konulmuştur. Bu kapsamda, beyaz baş lahana ıslah hatları 5 ana kümede toplanmıştır. Şekil 4.2'te de görüldüğü gibi genotiplerin büyük çoğunluğu 5 nolu kümede yer alırken 1 numaralı kümede sadece YBB-35 nolu ıslah hattı yer almıştır. İki nolu kümede BY72-2, P43-1 ve 501 nolu ıslah hatları, üç nolu kümede W37 ve



P59-1 nolu ıslah hatları, dört nolu kümede A145 nolu ıslah hattı bulunurken diğer ıslah hatları 5 nolu kümede toplanmıştır.

Genetik karakterizasyon çalışmalarında gen havuzunun niteliği çeşit/genotip/hatlar arasındaki benzerliğin yönü ve derecesine bağlı olarak değişen en önemli faktördür. SRAP markırları ile oluşturulan dendrogram grafiğinde beyaz baş lahana ıslah hatlarının benzerlik değerleri korelasyon katsayıları ile ifade edilmiş olup; bu değerlerin 0.73 ile 0.90 arasında değiştiği belirlenmiştir. Beyaz baş lahana ıslah hatlarına ait korelasyon katsayılarını içeren çizelge incelendiğinde genetik olarak en uzak hatların W37 ile YBB-35 olduğu görülmektedir ( $r=0.73$ ). Öte yanda birbirine en yakın beyaz baş lahana ıslah hatlarının da FG ile BLMY-4 olduğu belirlenmiştir ( $r=0.90$ ).



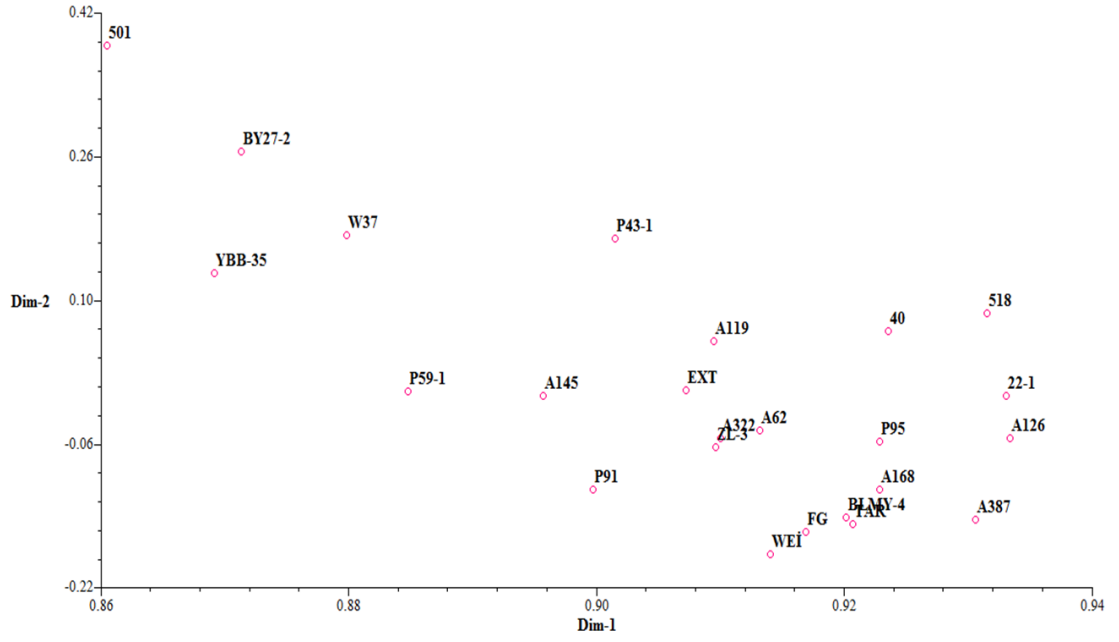
Şekil 4. 2 SRAP Verilerinden Elde Edilen Beyaz Baş Lahana Islah Hatlarına Ait Dendrogram

**Çizelge 4. 3** Beyaz Baş Lahana Islah Hatları Arasındaki Korelasyon Matrisi

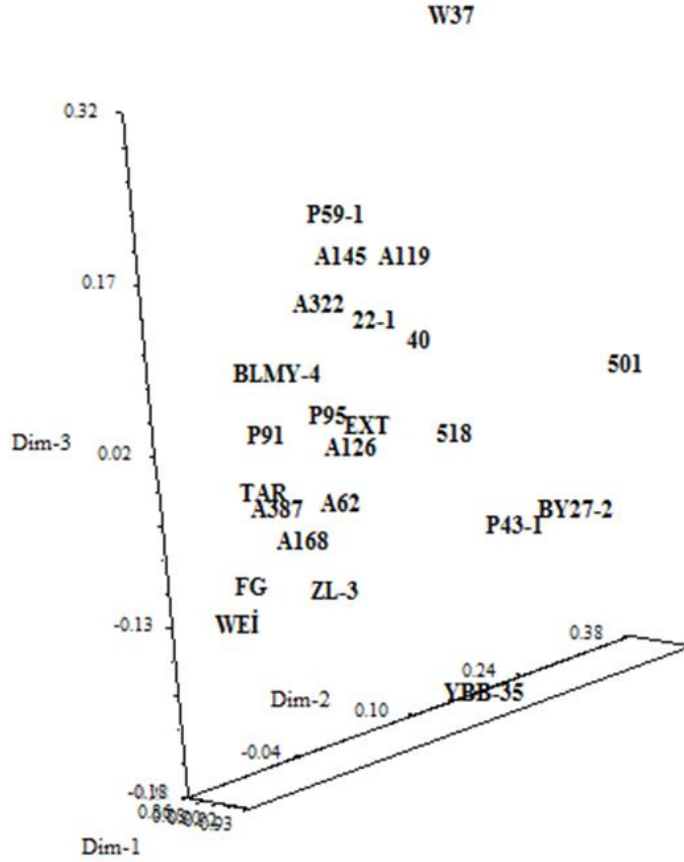
	40	501	518	22-1	A119	A126	A145	A168	A322	A387	A62	BLMY-4	BY27-2	EXT	FG	P43-1	P59-1	P91	P95	TAR	W37	WEİ	YBB-35	
<b>40</b>	1.00																							
<b>501</b>	0.80	1.00																						
<b>518</b>	0.85	0.82	1.00																					
<b>22-1</b>	0.88	0.78	0.86	1.00																				
<b>A119</b>	0.85	0.79	0.84	0.87	1.00																			
<b>A126</b>	0.85	0.80	0.87	0.86	0.82	1.00																		
<b>A145</b>	0.82	0.76	0.83	0.84	0.82	0.85	1.00																	
<b>A168</b>	0.83	0.76	0.85	0.83	0.82	0.87	0.81	1.00																
<b>A322</b>	0.84	0.75	0.82	0.85	0.84	0.82	0.84	0.82	1.00															
<b>A387</b>	0.85	0.76	0.86	0.86	0.83	0.88	0.82	0.87	0.84	1.00														
<b>A62</b>	0.83	0.76	0.83	0.84	0.81	0.88	0.80	0.85	0.82	0.85	1.00													
<b>BLMY-4</b>	0.84	0.78	0.83	0.86	0.82	0.86	0.82	0.86	0.83	0.86	0.83	1.00												
<b>BY27-2</b>	0.80	0.81	0.83	0.80	0.78	0.77	0.75	0.80	0.79	0.77	0.78	0.77	1.00											
<b>EXT</b>	0.83	0.76	0.86	0.88	0.83	0.83	0.79	0.84	0.80	0.81	0.81	0.80	0.79	1.00										
<b>FG</b>	0.85	0.75	0.83	0.85	0.80	0.86	0.81	0.84	0.81	0.87	0.83	0.90	0.78	0.82	1.00									
<b>P43-1</b>	0.84	0.82	0.85	0.83	0.81	0.84	0.79	0.81	0.80	0.83	0.81	0.79	0.82	0.81	0.82	1.00								
<b>P59-1</b>	0.81	0.75	0.83	0.81	0.78	0.82	0.78	0.82	0.80	0.83	0.80	0.84	0.75	0.78	0.79	0.77	1.00							
<b>P91</b>	0.81	0.74	0.83	0.82	0.81	0.85	0.81	0.83	0.86	0.83	0.80	0.83	0.74	0.79	0.82	0.82	0.78	1.00						
<b>P95</b>	0.84	0.75	0.89	0.84	0.82	0.87	0.81	0.83	0.86	0.85	0.84	0.84	0.78	0.82	0.85	0.81	0.82	0.86	1.00					
<b>TAR</b>	0.83	0.74	0.85	0.85	0.86	0.86	0.82	0.87	0.81	0.86	0.83	0.86	0.78	0.87	0.86	0.80	0.80	0.82	0.84	1.00				
<b>W37</b>	0.83	0.79	0.80	0.83	0.83	0.81	0.81	0.78	0.80	0.79	0.80	0.81	0.76	0.80	0.74	0.77	0.82	0.76	0.82	0.77	1.00			
<b>WEİ</b>	0.82	0.75	0.81	0.83	0.81	0.84	0.79	0.87	0.84	0.89	0.82	0.85	0.77	0.84	0.86	0.81	0.79	0.81	0.82	0.87	0.76	1.00		
<b>YBB-35</b>	0.79	0.78	0.82	0.78	0.77	0.81	0.75	0.80	0.75	0.78	0.82	0.75	0.77	0.77	0.79	0.80	0.75	0.77	0.82	0.77	0.73	0.79	1.00	
<b>ZL-3</b>	0.83	0.76	0.83	0.85	0.81	0.82	0.81	0.85	0.83	0.86	0.83	0.81	0.80	0.83	0.82	0.80	0.76	0.81	0.82	0.83	0.77	0.87	0.80	

Li ve ark., (2013) *Brassica napus* türüne ait 34 genotip arasındaki genetik varyasyonun ortaya konmasında 24 SRAP ve 17 SSR primer kombinasyonu kullanmış ve yapılan SRAP analizleri sonucunda 34 genotip arasındaki genetik benzerlik katsayısının 0.56 ile 0.94 arasında çıktığını ve genetik uzaklık değerinin de 0.62 ile 0.91 arasında çıktığını bildirmişlerdir. Araştırmacılar *Brassica napus* genotiplerinin ayırmsanmasında SRAP markırlarının SSR markırlarına göre kümeleme analizinde daha başarılı olduğunu bildirmişlerdir. Zhang ve ark., (2017) farklı *Brassica* türlerine ait toplam 65 genotipin genetik ilişkilerinin incelenmesi amacıyla SRAP ve SSR markırlarını kullanmış yapılan moleküler analizlerde 43 SRAP ve 36 SSR primer kombinasyonu kullanılmıştır. Kümeleme analizinde genotipler arasındaki benzerlik indeksi değerleri 0.65 ile 0.97 arasında değişmiş olup araştırmacılar *Brassica* türlerine ait genotipler arasındaki genetik uzaklık değerlerini SRAP markır verileri ile 0.03-0.51, SSR markır verileri ile de 0.05-0.56 olarak hesaplamışlardır.

Genetik karakterizasyon çalışmalarında elde edilen korelasyon matrisi çok boyutlu (2 ya da daha fazla) grafikler halinde görselleştirilerek daha kolay yorumlamalar yapılabilmektedir (Thompson ve ark., 1998; Skroch ve ark., 1998). Beyaz baş lahana ıslah hatlarının SRAP markırlarından elde edilen verilere uygulanan faktör analizinden elde edilen benzerlikler iki boyutlu ve üç boyutlu düzlemde gösterilmiştir (Şekil 4.3, Şekil 4.4). Bu düzlemler incelendiğinde korelasyon katsayısında olduğu gibi W37 ve YBB-35 ıslah hatlarının birbirlerine uzak olduğu belirlenmiştir. Ayrıca bu ıslah hatlarının genetik yönden uzak düzlemde yer alması sonucunda genetik olarak varyasyonun yüksek olduğunu göstermektedir.



**Şekil 4. 2** Beyaz Baş Lahana Islah Hattının Temel Bileşen Analizinden Elde Edilen Eksenler ile Oluşturulan İki Boyutlu Düzlemde Dağılımı



**Şekil 4. 3** Beyaz Baş Lahana Islah Hattının Temel Bileşen Analizinden Elde Edilen Eksenler ile Oluşturulan Üç Boyutlu Düzlemde Dağılımı

## 6. SONUÇ ve ÖNERİLER

Türkiye bitki genetik kaynakları ve çeşitliliği açısından dünyanın en önemli ülkeleri arasında yer almakla birlikte birçok türün orijini veya gen merkezi konumundadır. Sahip olduğumuz bu zengin genetik çeşitlilik, ıslah çalışmalarında değerlendirilerek yeni yerli ve milli hibrit çeşitlerin geliştirilmesine olanak sağlamaktadır. Geçmişte ıslah çalışmaları üreticiler tarafından yapılan seleksiyonlar sonucu yeni populasyonların oluşturulması şeklinde yapılırken günümüzde geliştirilen biyoteknolojik yöntemler ile genetik tanımlamalar ve akrabalık ilişkileri belirlenerek seleksiyon çalışmaları daha sistematik şekilde yapılmakta zaman, işgücü ve maliyet yönünden tasarruf sağlanmaktadır.

Beyaz baş lahanalar; fenotipik varyasyonun en fazla görüldüğü, baş lahanalar arasında en çok tercih edilen kışlık sebze türüdür buna karşın bu türde hibrit çeşit tohumluk üretimi yapılmamakta ve çeşitlerin neredeyse tamamı ithal edilmektedir. Ülkemizde beyaz baş lahana yetiştiriciliği yapan üreticiler daha çok yerel ve açıkta tozlanan çeşitleri kullanmakta ancak sahip olduğu üstün özelliklerden dolayı yetiştiricilikte hibrit çeşit kullanan üretici sayısı gün geçtikçe artmaktadır. Hibrit lahana çeşit tohumluk üretimindeki bu açığımızı kapatmak için üretici ve tüketici talebi doğrultusunda hastalık ve zararlı dayanımı yüksek, verimli, kaliteli hibrit çeşit ıslah programları yürütülmeli bu çalışmalar yapılırken kısa sürede başarılı sonuçlar alabilmek için moleküler yöntemlere başvurulmalıdır.

Islah çalışmalarında genotipleri sadece morfolojik özelliklerine göre tanımlayarak karakterize etmek güvenilir bir yöntem değildir. Yapılan bu çalışma sonucunda beyaz baş lahana ıslah hatları arasındaki varyasyon moleküler düzeyde test edilmiş olup yapılan analizler sonucunda oluşan dendograma bakıldığında ıslah hatları arasında genetik olarak varyasyonun yüksek olduğu kanısına varılmıştır.

Sonuç olarak hibrit çeşit ıslahında kullanılacak olan ıslah hatlarının birbirine olan genetik uzaklıklarının/yakınlıklarının belirlenmesi yürütülecek ıslah programlarında kısa sürede başarıya ulaşabilmek ve melez gücünü ortaya çıkarabilmek açısından önemlidir.

## 7. KAYNAKLAR

- Ahmad, R., Quiros, CF., Rahman, H. & Swati, ZA. (2014). Genetic diversity analyses of *Brassica napus* accessions using SRAP molecular markers. *Plant Genetic Resources*, 12(1), 14-21.
- Al-Shehbaz, IA. & Warwick, SI. (2006). A synopsis of *Smelowskia* (Brassicaceae). *Harvard Papers in Botany*, 11(1), 91–100.
- Al-Shehbaz, IA. (1973). The biosystematics of the genus *Thelypodium* (Cruciferae). *Contributions from the Gray Herbarium of Harvard University*, 3–148.
- Anonim, (2021). <https://www.drdatastats.com/illere-gore-turkiyede-sebze-uretimi/> (Erişim tarihi: 05.05.2022).
- Appel, O. & Al-Shehbaz, IA. (2003). Cruciferae. In: Kubitzki, K., Bayer, C. (eds) Flowering Plants-Dicotyledons. *The Families and Genera of Vascular Plants*, vol 5. Springer, Berlin, 75–174.
- Aşçıoğlu, KT. (2009). Bazı lahanaya genotiplerinin morfolojik ve moleküler tanımlanmasına yönelik araştırmalar. Yüksek Lisans Tezi, Ege Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı, İzmir.
- Balkaya, A., Yanmaz, R., Apaydın, A. & Kar, H. (2005). Morphological characterization of white head cabbage (*Brassica oleracea* var. *capitata* subvar. *alba*) genotypes in Turkey. *New Zealand Journal of Crop and Horticultural Science*, 33(4), 333-341.
- Bayraktar, K. (1981). Sebze yetiştirme. Cilt II (Kültür Sebzeleri). Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi, Yayın No: 169, İzmir, 480s.
- Bozokalfa, M., Kaygısız Aşçıoğlu, T. & Eşiyok, D. (2017). Biber genotiplerinin genetik çeşitliliklerinin srap markörleri kullanılarak belirlenmesi. *Anadolu Tarım Bilimleri Dergisi*, 32 (3), 321-329.
- Cebeci, E., Gozen, V., Keskin, L., & Yildirim, A. (2020). Morphologic and molecular assessments of cucumber (*Cucumis sativus* L.) landraces. *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca*, 48(2), 604-614.
- Channa, SA., Tian, H., Wu, HQ. & Hu, SW. (2016). Analysis of genetic diversity among Rapeseed cultivars and breeding lines by SRAP and SSR molecular markers. *Pakistan Journal of Botany*, 48(6), 2409-2422.
- Dice, LR. (1943). The biotic provinces of North America. *Journal of Mammalogy*, 24(4),509.
- Dickson, M.H. & Wallace, D.H. (1986). Cabbage breeding. In: Bassett MJed. *Breeding vegetables crops*. 395-432.
- Espósito, MA., Martin, EA., Cravero, VP. & Cointy, E. (2007). Characterization of pea accessions by SRAP's markers. *Scientia horticultrae*, 113(4), 329-335.
- Ferriol, M., Picó, B. & Nuez, F. (2004b). Morphological and molecular diversity of a collection of *Cucurbita maxima* landraces. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 129(1), 60–69.

- Ferriol, M., Pico, B., & Nuez, F. (2003). Genetic diversity of a germplasm collection of *Cucurbita pepo* using SRAP and AFLP markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 107(2), 271-282.
- Ferriol, M., Picó, B., de Córdoba, P.F. & Nuez, F. (2004a). Molecular Diversity of a Germplasm Collection of Squash (*Cucurbita moschata*), Determined by SRAP and AFLP Markers. *Crop Science Society of America*, 44, 653-664.
- Framarzpour, A., Abdoli-Nasab, M., Rezvan Nezhad, E. & Baghizadeh, A. (2021). Evaluation of Genetic Diversity of Rapeseed (*Brassica napus* L.) Cultivars Using SRAP Markers. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 23(2), 447-456.
- Gülşen, O. & Mutlu, N. (2005). Bitki biliminde kullanılan genetik markırlar ve kullanım alanları. *Alatarım*, 4(2), 27-37.
- Gülşen, O., Karagül, S. & Abak, K. (2007). Diversity and relationships among Turkish okra germplasm by SRAP and phenotypic marker polymorphism. *Biologia*, 62(1), 41-45.
- Guo, D. L., & Luo, Z. R. (2006). Genetic relationships of some PCNA persimmons (*Diospyros kaki* Thunb.) from China and Japan revealed by SRAP analysis. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 53(8), 1597-1603.
- Haymes, K.M. (1996). Mini-Prep Method Suitable for a Plant Breeding Program. *Plant Molecular Biology Reporter*, 14(3), 280-284.
- İnan, H. 2008, Çekirdek Kabaklarında Morfolojik ve Moleküler Karakterizasyon, Yüksek Lisans Tezi, Çukurova Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı, Adana.
- Jing, Z., Pei, X., Tang, Z., Zhang, X., Luo, T., Liu, Q., & Zhu, S. (2014). Genetic Diversity and Relationship Analysis of Broccoli with Its Related Species by SRAP Markers. *Biotechnology Bulletin*, (6), 101.
- Jing, Z., Tang, Z., Zhang, X., Luo, T., Liu, Q., Zhu, S., Ye, Z., Wang, Y. & Li, Z. (2011). Mature and origin as a marker of genetic diversity in early-mid broccoli (*Brassica oleracea* var. *italica*) based on SRAP analysis. *African Journal of Agricultural Research*, 6(1), 296-299.
- Kaçar, Y., Uzun, A., Polat, I., Yesiloglu, T., Yilmaz, B., Gulsen, O., Tuzcu, O., Kamiloglu, M., Kurt, S. & Seday, U. (2013). Molecular characterization and genetic diversity analysis of mandarin genotypes by SSR and SRAP markers. *Journal of Food, Agriculture & Environment*, 11(1), 516-521.
- Kar, H. & Karaağaç, O. (2016). Türkiye’de baş lahana ıslahı. *Türktob*, 5 (20), 24-29.
- Kayın, H. (2011). Ayçiçeğinde (*Helianthus annuus* L.) kendileme depresyonu ve melez gücü üzerinde bir araştırma. Doktora Tezi, Uludağ Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı, Bursa.
- Levi, A. & Thomas, C.E. (2007). DNA markers from different linkage regions of watermelon genome useful in differentiating among closely related watermelon genotypes. *HortScience*, 42(2), 210-214.



- Li, G. & Quiros, CF. (2001). Sequence-related amplified polymorphism (SRAP), a new marker system based on a simple PCR reaction: its application to mapping and gene tagging in Brassica. *Theoretical and Applied Genetics*, 103(2-3), 455-461.
- Li, Y., Liu, GF., Ma, LM., Liu, TK., Zhang, CW., Xiao, D., Zheng, HK., Chen, F. & Hou, XL. (2020). A chromosome-level reference genome of non-heading Chinese cabbage [*Brassica campestris* (syn. *Brassica rapa*) ssp. *chinensis*]. *Horticulture research*, 7.
- Liu, L. W., Zhao, L. P., Gong, Y. Q., Wang, M. X., Chen, L. M., Yang, J. L., & Wang, L. Z. (2008). DNA fingerprinting and genetic diversity analysis of late-bolting radish cultivars with RAPD, ISSR and SRAP markers. *Scientia Horticulturae*, 116(3), 240-247.
- Mansour, EM., Elballa, MM., El Hussein, AA., Abdalla, AW. H., Gadir, IKA., Abbo, AS. & Marmar, A. (2020). Assessment of Genetic Variability among Onion (*Allium cepa* L.) Cultivars using RAPD and SRAP Molecular Markers. *University of Khartoum Journal of Agricultural Sciences*, 28: 1-24.
- Melchinger, AE. (1993). Use of RFLP markers for analysis of genetic relationships among breeding materials and prediction of hybrid performance. *International Crop Science*, 1, 621-628.
- Monteiro, A. & Lunn, T. (1998). Trends and perspectives of vegetable Brassica breeding World- Wide. *World Conference on Horticultural Research*. 17-20 June, Rome, Italy.
- Nacar, Ç., Aras, V., Tekin, S., Fidan H., Ünlü, M. & Sarı, N. (2017). Zucchini yellow mosaic virüsüne tolerat yazlık kabak (*Cucurbita pepo*) hatlarında genetik farklılığın SRAP markır sistemleriyle belirlenmesi. *Akademik Ziraat Dergisi*, 6, 115-120.
- Nas, Y. (2016). Biber hatlarında moleküler markörlerle genetik ilişkilerin belirlenmesi. Yüksek Lisans Tezi, Ege Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tohumluk Bilimi ve Teknolojisi Anabilim Dalı, İzmir.
- Nieuwhof, M. (1969). Cole crops; botany, cultivation and utilization. World Crops Books, London. 353p.
- Okumuş, A. & Balkaya, A. (2007). Estimation of genetic diversity among Turkish kale populations (*Brassica oleracea* var. *acephala* L.) using RAPD markers. *Russian Journal of Genetics*, 43(4), 411-415.
- Pınar, H., Yildiz, E., Kaplankiran, M., Toplu, C., Unlu, M., Serce, S. & Ercisli, S. (2017). Molecular characterization of some selected persimmon genotypes and cultivars by SRAP and SSR markers. *Genetika*, 49(2), 693-704.
- Ruiz, JJ., García-Martínez, S., Picó, B., Gao, M. & Quiros, CF. (2005). Genetic variability and relationship of closely related Spanish traditional cultivars of tomato as detected by SRAP and SSR markers. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 130(1), 88-94.
- Şimşek, O., Curuk, P., Aslan, F., Bayramoglu, M., Izgu, T., da Silva, JAT., Aka Kacar, Y. & Yalcin Mendi, Y. (2016). Molecular characterization of Cyclamen

- species collected from different parts of Turkey by RAPD and SRAP markers. *Biochemical genetics*, 55(1), 87-102.
- Skroch, P. W., Nienhuis, J., Beebe, S., Tohme, J., & Pedraza, F. (1998). Comparison of Mexican common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) core and reserve germplasm collections. *Crop Science*, 38(2), 488-496.
- Solmaz, I., Kaçar, Y., Sarı, N. & Şimşek, Ö. (2016). Genetic diversity within Turkish watermelon [*Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsumura & Nakai] accessions revealed by SSR and SRAP markers. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 40(3), 407-419.
- Solmaz, İ., Sarı, N. & Aka-Kaçar, Y. (2013). Bazı Karpuz Genotiplerinin SSR Ve SRAP Markörleri İle Karakterizasyonu. *Çukurova Üniversitesi Fen ve Mühendislik Bilimleri Dergisi*, 29(2), 58-68.
- Song, K., Osborn, TC. & Williams, PH. (1990). Brassica taxonomy based on nuclear restriction fragment length polymorphisms (RFLPs): 3. Genome relationships in Brassica and related genera and the origin of *B. oleracea* and *B. rapa* (syn. *campestris*). *Theoretical and Applied Genetics*. 79, 497–506.
- Song, KM., Osborn, TC. & Williams, PH. (1988). Brassica taxonomy based on nuclear restriction fragment length polymorphisms (RFLPs):2. Preliminary analysis of subspecies within *B. rapa* (syn. *campestris*) and *B. oleracea*. *Theoretical and Applied Genetics*, 76, 593–600.
- Tamam, A. (2008). Bazı Avokado (*Persea americana* Mill.) Çeşitlerinin Morfolojik ve Moleküler Karakterizasyonu. Yüksek Lisans Tezi, Çukurova Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Biyoteknoloji Anabilim Dalı, Adana.
- Thompson, J. A., Nelson, R. L., & Vodkin, L. O. (1998). Identification of diverse soybean germplasm using RAPD markers. *Crop Science*, 38(5), 1348-1355.
- Tian, HY., Channa, SA. & Hu, SW. (2017). Relationships between genetic distance, combining ability and heterosis in rapeseed (*Brassica napus* L.). *Euphytica*, 213(1), 1-11.
- Topçu, V., Boyacı, F. & Aktaş, H. (2016). Kendileme yoluyla saflaştırılmış bazı patlıcan hatlarının morfolojik ve moleküler karakterizasyonu. *Ziraat Fakültesi Dergisi*, 11(1), 43-53.
- Uysal, E., Pinar, H. & Uzun, A. (2019). SRAP Marker Based Comparison with Yamula Eggplant Genotypes and Some Other Eggplant Varieties. *Current Trends in Natural Sciences*, 8(15), 95-100.
- Uzun, A. (2009). Turunçgillerde genetik çeşitliliğin SRAP markırları ile karakterizasyonu. Doktora Tezi, Çukurova Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı, Adana.
- Vural H., Eşiyok D., Duman İ., 2000. Kültür Sebzeleri (Sebze Yetiştirme). Ege Üniversitesi Basım Evi, Bornova, İzmir, 440 s.
- Yan, L. & Chunqing, Z. (2005). Studies on Genetic Diversity with a Molecular Marker SRAP of Watermelon Hybrids, *Acta Horticulturae Sinica*, 32 (4), 643647.

- Yıldız, M., Ekbiç, E., Keleş, D., Şensoy, S. & Abak, K. (2011). Use of ISSR, SRAP, and RAPD markers to assess genetic diversity in Turkish melons. *Scientia Horticulturae*, 130, 349-353.
- Yılmaz, N., Kaya, N., Pınar, H., Hancı, F. & Uzun, A. (2021). Detailed Morphological and Molecular Characterizations of Melon (*Cucumis melo* L.) Accessions Collected from Northern Cyprus and Turkey. *Horticultural Science and Technology*. 471-481.
- Yuan, J., Liu, H., Song, S., Sun, G. & Chen, R. (2015). SRAP markers for flower stalk color in Chinese kale. *Journal of Animal and Plant Science*, 25, 55-58.
- Zhang, X., Chen, H., Channa, S. A., Zhang, Y., Guo, Y., Klima, M., & Hu, S. (2017). Genetic diversity in Chinese and exotic *Brassica rapa* L. accessions revealed by SSR and SRAP markers. *Brazilian Journal of Botany*, 40(4), 973-982.

## ÖZGEÇMİŞ

Kişisel Bilgiler	
Adı Soyadı	Cemregül TIRINK
Doğum Yeri	
Doğum Tarihi	
Uyruğu	<input checked="" type="checkbox"/> T.C. <input type="checkbox"/> Diğer:
Eğitim Bilgileri	
Lisans	
Üniversite	Ondokuz Mayıs Üniversitesi
Fakülte	Ziraat Fakültesi
Bölümü	Bahçe Bitkileri
Mezuniyet Yılı	28.05.2018
Yüksek Lisans	
Üniversite	Ordu Üniversitesi
Enstitü Adı	Fen Bilimleri Enstitüsü
Anabilim Dalı	Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı
Mezuniyet Tarihi	Tarih girmek için tıklayın veya dokununuz.