



T. C.

ORDU ÜNİVERSİTESİ

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**ORTA VE DOĞU KARADENİZ BÖLGESİNDEN
TOPLANAN PAZI (*Beta vulgaris* var. *cicla*)
GENOTİPLERİNİN BİYOKİMYASAL, MORFOLOJİK VE
MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU**

MALİK ARSAL KÖSE

DOKTORA TEZİ

BAHÇE BİTKİLERİ ANABİLİM DALI

ORDU 2021

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.

İmza

Malik Arsal KÖSE

Bu çalışma Ordu Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinatörlüğünün B-1913 numaralı projesi ile desteklenmiştir.

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

ORTA VE DOĞU KARADENİZ BÖLGESİNDEN TOPLANAN PAZI (*Beta vulgaris* var. *cicla*) GENOTİPLERİNİN BİYOKİMYASAL, MORFOLOJİK VE MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU

MALİK ARSAL KÖSE

ORDU ÜNİVERSİTESİ FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

BAHÇE BİTKİLERİ ANABİLİM DALI

DOKTORA TEZİ, 88 SAYFA

(TEZ DANIŞMANI: DOÇ. DR. ERCAN EKBİÇ)

Bu çalışmada, Doğu Karadeniz bölgesinden toplanan 47 adet pazı genotiplerinin morfolojik, biyokimyasal ve moleküler karakterizasyonu yapılmıştır. Pazı genotipleri iki yıl süre ile Giresun koşullarında açık alanda yetiştirilmiş ve morfolojik özellikler UPOV kriterlerine göre değerlendirilmiştir. Morfolojik gözlem verilerine TBA uygulanmış, fide ve yaprak renk özellikleri ile yaprak iriliği karakterlerinin pazı genotiplerinin ayırılmasında önemli olduğu görülmüştür. Temel bileşenlerin ilk 5 ekseninde toplam varyasyonun %72.06'sının açıklandığı belirlenmiştir.

Toplanan genotiplerinin biyoaktif bileşenlerini belirlemede fenolik ve flavonoid analizleri ile birlikte DPPH ve FRAP aktiviteleri de belirlenmiştir. Elde edilen bulgular ışığında toplam fenolik, flavonoid ve antioksidan aktivitesi (DPPH ve FRAP) bakımından G13, G27, G31, G33 ve G44 genotipler öne çıkmıştır.

Pazı genotipleri arasında polimorfik olarak belirlenen 28 SRAP primeri toplam 120 bant oluşturmuş ve bunların 101'i polimorfik olmuştur. Primer çifti başına ortalama 4.29 toplam bant elde edilirken polimorfik bant sayısı da 3.61 olmuştur. Primer çiftlerinin PBİ değerleri 0.28 ile 0.88 (ortalama 0.58) arasında değişmiştir. Oluşturulan dendrogramda genotipler 5 grupta kümelenebilir. Benzerlik indeksi değerleri 0.58 ile 0.93 arasında değişmiştir. G22 ile G30 genotipleri en benzemez pazı genotipleri olur iken G16 ve G18 genotipleri ise birbirlerine genetik olarak en yakın genotipler olmuşlardır. SRAP verilene uygulanan temel bileşen analizinde öz değeri 0.5'ten büyük olan ilk 5 temel bileşen eksenini toplam varyasyonun %86.04'ünü açıklamıştır.

Anahtar Kelimeler: Fenolik Bileşikler, Moleküler, Pazı, PCR, SRAP, UPOV.

ABSTRACT

BIOCHEMICAL, MORPHOLOGICAL AND MOLECULAR CHARACTERIZATION OF SWISS CHARD (*Beta vulgaris* var. *cicla*) GENOTYPES COLLECTED FROM THE CENTRAL AND EASTERN BLACK SEA REGION

MALİK ARSAL KÖSE

ORDU UNIVERSITY INSTITUTE OF NATURAL AND APPLIED
SCIENCES

HORTICULTURE

PHD THESIS, 88 PAGES

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

In this study, morphological, biochemical and molecular characterization of 47 swiss chard genotypes collected from the Eastern Black Sea region was performed. Collected chard genotypes were grown in Giresun province conditions in an open field during two years and morphological traits were evaluated according to UPOV criteria. PCA based on the morphological data showed that the colors of seedling and leaf and leaf size characteristics were the principal characteristics in the differentiation of chard genotypes. It was determined that 72.06% of the total variation was explained in the first 5 axes of the principal components.

In determining the bioactive components of the genotypes, DPPH and FRAP activities were determined together with phenolic and flavonoid analyzes. In the light of the findings, G13, G27, G31, G33 and G44 genotypes stood out in terms of total phenolic, flavonoid and antioxidant activity.

Twenty-eight SRAP primer pairs produced a total of 120 bands, of which 101 were polymorphic among chard genotypes. While an average of 4.29 total bands per primer pairs was obtained, the average polymorphic band number was 3.61 per primer pairs. The PIC values of the primer pairs ranged from 0.28 to 0.88 (mean 0.58). In the dendrogram created, genotypes were clustered in 5 groups. Similarity index values ranged from 0.58 to 0.93. G22 and G30 were the most dissimilar chard genotypes, while G16 and G18 were genetically closest genotypes to each other. In PCA applied to the SRAP data, the first 5 principal component axes with an eigenvalue greater than 0.5 explained 86.04% of the total variation.

Key words: Phenolic Compound, Molecular, PCR, SRAP, Swiss Chard, UPOV.

TEŞEKKÜR

Tüm çalışmalarım süresince bilgi ve tecrübesiyle bana yol gösteren, ayrıca istatistiksel analizlerin yapılması ve yorumlanması aşamasında yardımlarını esirgemeyen değerli hocam Doç. Dr. Ercan EKBİÇ' e içten teşekkürlerimi sunarım. Tez çalışmamın her aşamasında bilgi ve tecrübesini bizden esirgemeyen değerli hocam Doç. Dr. Burhan ÖZTÜRK'e, sebze yetiştiriciliği konusunda bilgi ve tecrübemizi artıran sayın hocam Doç. Dr. Atnan UĞUR'a teşekkür ederim. Bu zorlu ve uzun süreçte beni motive eden desteklerini esirgemeyerek yanımda olan ve ideallerimi gerçekleştirmemi sağlayan değerli eşim Ayla KÖSE'ye teşekkür eder, çalışmam boyunca şirinlikleri ile beni daima stresten uzak tutan çocuklarım Ayşe Gülşen, Hüseyin Kağan ve Furkan Aras'ın gözlerinden öperim. Çalışmam boyunca her zaman beni motive eden, çalışmalara birebir katılan, her aşamasında yardımlarını esirgemeyen değerli arkadaşlarım, Ahmet AYDEMİR, Ahmet Cem SARIAYDIN, Aykut PEKDEMİR, Barış YARAMIŞ, İlker BANKAOĞLU, Haydar ÜNLÜ ve Mustafa Özgür GÜRAL'a şükranlarımı sunarım. Ayrıca, çalışmalarım sırasında ve ömrüm boyunca manevi ve maddi desteklerini hiç esirgemeyen canım annem Ayşe KÖSE'ye ve bugün bu çalışmalarını yapmamda asıl neden olan manevi varlığını daima yanımda hissederek her şartta güç aldığım babam Hüseyin KÖSE'ye ve ismini zikredemediğim tüm arkadaşlarıma sevgi, saygı ve şükranlarımı sunarım.

İÇİNDEKİLER

	Sayfa
TEZ BİLDİRİMİ	I
ÖZET	II
ABSTRACT	III
TEŞEKKÜR	IV
İÇİNDEKİLER	V
ŞEKİL LİSTESİ	VII
ÇİZELGE LİSTESİ	IX
SİMGELER ve KISALTMALAR LİSTESİ	X
1. GİRİŞ	1
2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR	9
2.1 Morfolojik Karakterizasyon ile İlgili Çalışmalar	9
2.2 Biyokimyasal Karakterizasyon ile İlgili Çalışmalar.....	11
2.3 Moleküler Karakterizasyon ile İlgili Çalışmalar	13
3. MATERYAL ve YÖNTEM	16
3.1 Materyal	16
3.1.1 Bitki Materyali	16
3.1.2 Deneme Yerinin Toprak Özellikleri	18
3.2 Yöntem.....	18
3.2.1 Genotiplerin Morfolojik Olarak Değerlendirilmesi	18
3.2.2 Genotiplerin Biyokimyasal Analizleri	25
3.2.3 Genotiplerin Moleküler Karakterizasyonu	27
3.2.4 İstatistiksel Analiz.....	31
4. BULGULAR ve TARTIŞMA	32
4.1 Morfolojik Karakterizasyon Çalışmalarına Ait Bulgular	32
4.1.1 Fide Antosiyanin Renklenmesi Yoğunluğu	36
4.1.2 Yaprak Uzunluğu	36
4.1.3 Yaprak Duruş Pozisyonu	37
4.1.4 Yaprak Ayası Uzunluğu.....	38
4.1.5 Yaprak Ayası Genişliği.....	39
4.1.6 Yaprak Ayası Yeşil Rengin Yoğunluğu	40
4.1.7 Yaprak Ayası Kenar Şekillenmesi	41
4.1.8 Yaprak Ayası Parlaklığı	41
4.1.9 Yaprak Ayası Kabarcıklanma Durumu:.....	42
4.1.10 Yaprak Ayası Antosiyanin Renklenmesi,	43
4.1.11 Yaprak Ayası Antosiyanin Renklenmesi Yoğunluğu	44
4.1.12 Yaprak Sapı Uzunluğu,	45
4.1.13 Yaprak Sapı Genişliği,	46
4.1.14 Yaprak Sapı İç Kesit Eğriliği.....	47
4.1.15 Yaprak Sapı Rengi	48
4.1.16 Çiçeklenme Başlangıç Zamanı	48
4.1.17 Kümeleme Analizi	49
4.1.18 Pazı Genotiplerinin Morfolojik Özelliklere Ait Temel Bileşen Analizi (TBA).....	51
4.2 Biyokimyasal Ölçümlere Ait Değerlendirme	57

4.2.1	Genotiplerin Toplam Fenolik Bileşik Değerleri	59
4.2.2	Genotiplerin Flavonoid Değerleri	62
4.2.3	Genotiplerin DPPH Aktiviteleri.....	63
4.2.4	Genotiplerin FRAP Aktiviteleri	66
4.2.5	Antioksidan Aktivitesi ve Fenolik Madde İçeriği Arasındaki İlişki	66
4.3	Pazı Genotiplerinin Moleküler Karakterizasyonu	68
4.3.1	SRAP Primerlerinin Etkinliği	68
4.3.2	Pazı Genotip ve Çeşitleri Arasındaki Genetik İlişkiler.....	70
4.4	Morfolojik, Biyokimyasal ve Moleküler Verilerle Elde Edilen Sonuçların Karşılaştırılması	75
5.	SONUÇ ve ÖNERİLER	78
6.	KAYNAKLAR	81
	ÖZGEÇMİŞ	88

ŞEKİL LİSTESİ

	Sayfa
Şekil 3.1 Pazı Genotiplerin Toplandığı Coğrafi Alanlar	16
Şekil 3.2 Genotiplerin Gözlem Bahçesindeki Görünümleri	17
Şekil 3.3 Fide Antosiyanin Renklenmesi Yoğunluğu Sınıfları.....	20
Şekil 3.4 UPOV Yaprak Uzunluğu Sınıfları.....	20
Şekil 3.5 UPOV Yaprak Duruş Pozisyonu Sınıfları	20
Şekil 3.6 UPOV Yaprak Ayası Uzunluğu Sınıfları	21
Şekil 3.7 UPOV Yaprak Ayası Genişliği Sınıfları	21
Şekil 3.8 UPOV Yaprak Ayası Yeşil Rengin Yoğunluğu Sınıfları	21
Şekil 3.9 UPOV Yaprak Ayası Kenar Şekillenmesi Sınıfları.....	22
Şekil 3.10 UPOV Yaprak Ayası Parlaklığı Sınıfları.....	22
Şekil 3.11 UPOV Yaprak Ayası Kabarcıklaşma Sınıfları.....	22
Şekil 3.12 UPOV Yaprak Ayası Antosiyanin Renklenmesi Sınıfları.....	23
Şekil 3.13 UPOV Yaprak Ayası Antosiyanin Renklenmesi Yoğunluğu Sınıfları.....	23
Şekil 3.14 Yaprak Sapı Uzunluğu Sınıfları.....	23
Şekil 3.15 UPOV Yaprak Sapı Genişliği Sınıfları.....	24
Şekil 3.16 UPOV Yaprak Sapı İç Kesit Eğriliği Sınıfları.....	24
Şekil 3.17 UPOV Yaprak Sapı Rengi Sınıfları.....	24
Şekil 3.18 UV-vis Spektrofotometre Cihazından Görünüm	26
Şekil 4.1 2017 ve 2018 Yılı Denemlerinde Pazı Genotiplerinin Fide Antosiyanin Renklenmesi Yoğunluğu Dağılımı	36
Şekil 4.2 2017 ve 2018 Yılı Denemlerinde Pazı Genotiplerinin Yaprak Uzunluğu Dağılımı	37
Şekil 4.3 2017 ve 2018 Yılı Denemlerinde Yaprak Duruş Pozisyonu Dağılımı	38
Şekil 4.4 2017 ve 2018 Yılı Denemlerinde Yaprak Ayası Uzunluğu Dağılımı	38
Şekil 4.5 2017 ve 2018 yılı denemlerinde yaprak ayası genişliği dağılımı	39
Şekil 4.6 2017 ve 2018 Yılı Denemlerinde Yaprak Ayası Yeşil Rengin Yoğunluğu Dağılımı.....	40
Şekil 4.7 2017 ve 2018 Yılı Denemlerinde Yaprak Ayası Kenar Şekillenmesi Dağılımı.....	41
Şekil 4.8 2017 ve 2018 Yılı Denemlerinde Yaprak Ayası Parlaklığı Dağılımı.....	42
Şekil 4.9 2017 ve 2018 Yılı Denemlerinde Yaprak Ayası Kabarcıklaşma Dağılımı	43
Şekil 4.10 2017 ve 2018 Yılı Denemlerinde Yaprak Ayası Antosiyanin Renklenmesi Dağılımı.....	43
Şekil 4.11 2017 ve 2018 Yılı Denemlerinde Yaprak Ayası Antosiyanin Renklenmesi Dağılımı.....	44
Şekil 4.12 2017 ve 2018 Yılı Denemlerinde Yaprak Sapı Uzunluğu Dağılımı.....	46
Şekil 4.13 2017 ve 2018 Yılı Denemlerinde Yaprak Sapı Genişliği Dağılımı.....	47
Şekil 4.14 2017 ve 2018 Yılı Denemlerinde Yaprak Sapı İç Kesit Eğriliği Dağılımı	47
Şekil 4.15 2017 ve 2018 Yılı Denemlerinde Yaprak Sapı Rengi Dağılımı.....	48

Şekil 4.16 2017 ve 2018 Yılı Denemlerinde Çiçeklenme Başlangıç Zamanı Dağılımı	49
Şekil 4.17 Pazı genotiplerinin UPOV' a Göre Kümeleme Dendogramı	50
Şekil 4.18 İlk Temel Bileşen Ekseninde Değişkenlerin Varyasyona Katkısı.....	54
Şekil 4.19 İkinci Temel Bileşen Ekseninde Değişkenlerin Varyasyona Katkısı.....	54
Şekil 4.20 Üçüncü Temel Bileşen Ekseninde Değişkenlerin Varyasyona Katkısı....	55
Şekil 4.21 Dördüncü temel Bileşen Ekseninde Değişkenlerin Varyasyona Katkısı..	55
Şekil 4.22 Beşinci Temel Bileşen Ekseninde Değişkenlerin Varyasyona Katkısı	56
Şekil 4.23 Morfolojik Özellikler Bakımından Temel Bileşen Analizi İle Pazı Genotiplerinin 2 Boyutlu Düzlemde Dağılımı	57
Şekil 4.24 Genotiplerin Yetiştirme Dönemlerine Ait Toplam Fenolik Bileşik Değerleri	61
Şekil 4.25 Genotiplerin Yetiştirme Dönemlerine Flavonoid Değerleri	63
Şekil 4.26 İncelenen Genotiplerin FRAP Ve DPPH Değerleri.....	65
Şekil 4.27 ME02-EM10 (A) ve ME19-EM09 (B) Primerlerinden Elde Edilen Pazı Genotip Ve Çeşitlerine Ait Bant Profilleri	69
Şekil 4.28 SRAP Verilerinden Elde Edilen Pazı Genotip Ve Çeşitlerine Ait Dendrogram	72
Şekil 4.29 Pazı Genotiplerinin Temel Bileşen Analizinden Elde Edilen Eksenler İle Oluşturulan İki Boyutlu Düzlemde Dağılımı	74
Şekil 4.30 Pazı Genotiplerinin Temel Bileşen Analizinden Elde Edilen Eksenler İle Oluşturulan Üç Boyutlu Düzlemde Dağılımı	75
Şekil 4.31 UPOV Verileri Ve Moleküler Verilerle Oluşturulan Dendogramların Karşılaştırılması.....	77

ÇİZELGE LİSTESİ

	<u>Sayfa</u>
Çizelge 3.1 Doğu Karadeniz Bölgesinden Toplanan Genotipler.....	18
Çizelge 3.2 Deneme Parselinin Toprak Özellikleri	18
Çizelge 3.3 UPOV'a Göre Çalışmaya Konu Olan Kriterler	19
Çizelge 3.4 Denemede Kullanılan SRAP Primerler	29
Çizelge 3.5 PCR Koşulları.....	30
Çizelge 4.1 Pazı Çeşit ve Genotiplerinin Fenotipik Özellikler Bakımından Sınıflandırılması	33
Çizelge 4.2 Toplanan Pazı Genotiplerinin Fenotipik Özelliklerine Ait Bulgular.....	34
Çizelge 4.3 UPOV Kriterleri Kapsamında İncelenen Morfolojik Özelliklerin Pazı Genotipleri Arasındaki Varyansa Katkıları.....	53
Çizelge 4.4 Pazı Genotiplerinin 2017 Yılına Ait Biyokimyasal İçerikleri	58
Çizelge 4.5 Pazı Genotiplerinin 2018 Yılına Ait Biyokimyasal İçerikleri	59
Çizelge 4.6 SRAP Primerlerinin Pazıda Oluşturdukları Allel Sayıları ve Polimorfizm Bilgi İçerikleri (PBİ)	68
Çizelge 4.7 SRAP Markırlarına Dayalı Temel Bileşen Analizi	70
Çizelge 4.8 Pazı Genotipleri Arasındaki Korelasyon Matrisi.....	73

SİMGELER ve KISALTMALAR LİSTESİ

AFLP	: Amplified Fragment Length Polymorphism (Çoğaltılan Parça Uzunluğu Farklılığı)
Bp	: Base pair (Baz çifti)
Cm	: Santimetre
ÇBZ	: Çiçeklenme Başlangıç Zamanı
DNA	: Deoksiribonükleik asit
dNTP	: Deoksi-nükleotit trifosfat
EDTA	: Etilen diamin tetra asetik asit
FARY	: Fide Antosiyenin Renklenmesi Yoğunluğu
ISSR	: İnter-Simple Sequence Repeat
MAS	: Moleküler Markırlı Seleksiyon
PCR	: Polymerase Chain Reaction (Polimeraz Zincir Reaksiyonu)
RNase	: Ribonükleaz
SRAP	: Sequence-related amplified polymorphism
SSR	: Simple Sequence Repeats (Basit Dizi Tekrarları)
Tm	: Melting Temperature (Primerin DNA'ya bağlanma sıcaklığı)
TR S	: Tris (hydroxymethyl) aminomethane
UPOV	: International Union for the Protection of New Varieties of Plant
YAAR	: Yaprak Ayası Antosiyenin Renklenmesi
YAA Y	: Yaprak Ayası Antosiyenin Renklenmesi Yoğunluğu
YAG	: Yaprak Ayası Genişliği
YAK	: Yaprak Ayası Kabarcıklanma
YAP	: Yaprak Ayası Parlaklık
YAU	: Yaprak Ayası Uzunluğu
YKŞ	: Yaprak Ayası Kenar Şekillenmesi
YDP	: Yaprak Duruş Pozisyonu
YSG	: Yaprak Sapı Genişliği
YSKE	: Yaprak Sapı İç Kesit Eğriliği
YSR	: Yaprak Sapı Rengi
YSU	: Yaprak Sapı Uzunluğu
YU	: Yaprak Uzunluğu
YYY	: Yaprak Ayası Yeşil Rengin Yoğunluğu
µl	: Mikrolitre
µM	: Mikromolar

1. GİRİŞ

Pazı, ıspanakgiller (*Chenopodiaceae*) familyasında yer almakta olup bilimsel adı; "*Beta vulgaris var. Cicla*"dır. Pazının anavatanı Akdeniz ve Avrupa sahil kuşaklarıdır. Yaprakları için yetiştirilen ve ilk kez 9. yüzyıla kadar uzanan Mezopotamya literatüründe bahsedilmektedir (Denton ve ark., 2004). Arkeolojik araştırmalar yaklaşık 2500 yıldır Çin'de yetiştirildiğini göstermiştir (Shun ve ark., 2000). Morfolojik karakterlere dayanarak, *Beta* cinsi sebzeler, kültürü yapılan ve yabani formlar olmak üzere iki gruba ayrılmıştır. İkinci grupta yer alan yabani formlar (*Beta vulgaris maritima*), tüm türlerin ata formunu temsil eden eşsiz türlerdir. Kültürü yapılan grubu, şeker pancarları (*Beta vulgaris saccharifera*), yemlik pancar (*Beta vulgaris crassa*), pazı (*Beta vulgaris cicla*) ve kırmızı pancarlar (*Beta vulgaris rubra*) oluşturmaktadır (Lewellen, 2009). Düşük kalorili olan pazı askorbik asit (Vitamin C) içeriği açısından oldukça zengindir (Pokluda ve Kuben, 2002; Alibas, 2006). B1, B2, B6, vitaminleri de bulunmaktadır (Maynard ve Hochmuth, 1997). Pazı oldukça besleyici bir sebze türüdür. Ayrıca pazı içerisinde palmitik, sitrik, oleik (Omega-9), linoleik asit (Omega-6) gibi uçucu yağ asitleri, folik asit, pektin, askorbik asit, fosfolipit, glikolipit ve polisakkaridler de bulunmaktadır (BolKent ve ark., 2000). Pazı tohumları, yaprakları ve kökleri, bitki gelişim aşamasına bağlı olarak fenolik bileşikler bakımından zengindir (Ninfali ve Bacchiocca, 2003; Váli ve ark., 2007). Ülkemizde 2019 yılı verilerine göre toplam 5277 dekar alanda toplam 7770 ton pazı üretimi gerçekleştirilmiştir (Anonim, 2017).

Pazı; çeşidine göre yaprak, sap veya her ikisi birden yenen iki yıllık serin iklim sebzesidir. Pazı yaprakları için yetiştiriciliği yapılan bir bitkidir. Hasat edilen bitkinin kökü kış boyunca besin biriktirmeye devam eder, ertesi yıl ilkbaharda çiçek açarak tohum oluşturur ve fizyolojik olarak yaşam döngüsünü tamamlar. Pazı tohumları normalde birden fazla tohum içerir ve bunlara poligerm denir. Son yıllarda tohum üretiminde poliploidi, monogermite ve ticari hibritlerin üretimi olmak üzere üç farklı prosedürün olduğu belirlenmiştir (Lange ve ark., 1999). Pazı ayırt edici rengi nedeniyle çeşitlerin yaprak sapsarı kırmızı, beyaz, mor, sarı ve yeşil olabilir ayrıca yaprakları da yeşil, kırmızı, mor damarlı küçük ve yeşil olabilmektedir (Nonnecke, 1989). Dünyanın birçok yerinde yıl boyunca yetiştirilen pazı, düşük maliyeti dolayısı

ile pek çok geleneksel yemekde kullanılmaktadır (Gao ve ark., 2009). Pişirirken renk düzgün dağılır. Pazı insan beslenmesinde önemli bir yere sahiptir. Serin iklim sebzeler grubuna giren pazı genelde açıkta yetiştirilmesinin ve severek tüketilmesinin yanında, besleyici değer yönünden zengin olmasının da önemli rolü bulunmaktadır. Dünya genelinde insanlar tarafından tüketilen 1000 farklı besin ögesi incelenmiş, insan sağlığı için önem açısından pazı yedinci sırada yer almıştır (Kim ve ark., 2015).

Bütün bitki metabolizmalarında, sekonder metabolit olarak bulunan ve bitkilerin kendilerini biyotik ve abiyotik stres faktörlerine, bitki zararlılarına karşı korumada ve üreme ve yayılmada rolleri olan çok sayıda farklı nitelik ve miktarlarda çeşitli fenolik bileşikler bulunmaktadır (Saldamlı, 2007). Pazı ile yapılan bilimsel çalışmaların büyük miktarını fenolik içerik ve antioksidan aktiviteleri oluşturmaktadır. İnsan beslenmesinde tüketilen diğer sebzelerle karşılaştırıldığında pazı yüksek antioksidan aktivite gösterdiği belirlenmiştir (Bolkent ve ark., 2000; Saçan ve Yanardağ, 2004). Fenolik bileşikler, enfeksiyon, yaralanma ve UV radyasyon gibi stres koşullarına tepki olarak bitkinin normal gelişimi süresince sentezlenmektedir (Justesen ve ark., 1998). Bu besinsel niteliklerin, sıcaklık, ışık ve mineral besin düzeyleri gibi farklı kültürel uygulamalarla geliştirilmesi, bitkisel üretim sistemlerinde yaygın bir uygulama haline gelmiştir. Bitki fenollerini genel olarak temel fenolik yapıya bağlı olan karbon atomlarının sayısı temel alınarak sınıflandırılmış olup bu fenolik bileşikler, fenolik asitler ve flavonoidler olarak iki gruba ayrılırlar (Robards ve ark., 1999; Cemeroğlu ve ark., 2004; Balasundram ve ark., 2006).

Bitkisel materyallerde bulunan fenolikler incelendiğinde bu iki grup içinde en önemli yeri, kimyasal yapıları ve biyolojik fonksiyonları itibariyle çeşitliliği çok fazla olan flavonoidler oluşturmaktadır (Robards ve Antolovich, 1997). Flavonoidler önemli düzeyde antioksidan ve şelatlama özelliklerine sahip difenilpropanoidler olup genellikle bitkilerde bulunmakta ve insanlar tarafından sentezlenememektedirler (Peterson ve Dwyer, 1998; Pokorny ve ark., 2001; Heim ve ark., 2002; Sivam, 2002). Flavonoidler gıdalarda da en yaygın bulunan polifenollerdir. Yaklaşık 6500 farklı flavonoid bilinmektedir (Saldamlı, 2007). Flavonoidler için farklı sınıflandırmalar mevcut olmasına karşın yapısal olarak beş gruba ayrıldığı bildirilmektedir (Nizamlioğlu ve Nas, 2010). Bunlar; antosiyanidinler, flavonlar ve flavonoller, kateşinler ve löykoantosiyanidinler, flavanonlar, proantosiyanidinlerdir (Nizamlioğlu

ve Nas, 2010). Flavonoidler bitki fizyolojisinde farklı rollere sahiptir. Örneğin, çiçeklerdeki ve meyvelerdeki sarıdan kırmızıya hatta koyu mora kadar çeşitli renklerden sorumludurlar. Flavonoidler yıllar önce bilinmesine rağmen son yıllarda yapılan çalışmalarda flavonoidlerin antioksidan özelliklerinin yanında antiinflamatuar, antiviral, antialerjik, antitrombotik ve diğer özelliklerinin de olduğu tespit edilmiştir (Bors ve ark., 1990; Stavric, 1994a,b).

Gen kaynaklarının korunmasında ve ıslah çalışmalarında izlenecek stratejilerin oluşturulmasında ilk basamak olan genetik çeşitliliğin belirlenmesinde moleküler markırlar önemli bir araçtır. Moleküler markır teknikleri, bitkiden alınacak çok az miktarda dokudan elde edilen DNA ile bütün bir genomun analizini mümkün kılması, genellikle yetiştirme koşullarının markırın ifadesini etkilememesi gibi birçok üstünlükleriyle, son yıllarda gen kaynakları karakterizasyonunda yoğun olarak kullanılmaktadır. Böylece bitki gen kaynakları daha doğru ve kesin bir şekilde karakterize edilmeye başlanmıştır. Ancak bu markır sistemlerinin morfolojik markırlara alternatif değil, onların tamamlayıcısı olarak ele alınması daha bütünsel bir yaklaşım olacaktır.

Kullanılan yöntemler bakımından moleküler markırlar, hibridizasyona dayalı markırlar ve Polimeraz Zincir Reaksiyonuna (PCR) dayalı markırlar olarak iki ana gruba ayrılabilir. Hibridizasyona dayalı markırlara örnek olarak; RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism/Sınırlı Parça Uzunlukları Polimorfizmi), PCR tabanlı markırlara örnek olarak; SSR (Simple Sequence Repeat/Basit Tekrarlı Diziler veya Mikrosatelitler), RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA/Rastgele Çoğaltılmış DNA Polimorfizmi), AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism/Çoğaltılmış Parça Uzunluğu Polimorfizmi), ISSR (Inter Simple Sequence Repeat/Basit Tekrarlı Diziler Arası Polimorfizm) verilebilir. Bu markır sistemlerinin dışında; SRAP (Sequence Related Amplified Polymorphism), SCAR (Sequence Characterized Amplified Regions), STS (Sequence Tagged Site), CAPS (Cleaved Amplified Polymorphic), ALP (Amplicon Length Polymorphism) ve bunlara ilaveten DNA sekanslamasına dayalı SNP (Single Nucleotide Polymorphism) markırları ve MP-PCR (Microsatellite Primed Polymerase Chain Reaction), AP-PCR (Arbitrarily Primed Polymerase Chain Reaction), AS-PCR (Allele Specific Polymerase Chain Reaction),

DAF (DNA Amplification Fingerprinting) stratejileri de polimorfizmin belirlenmesinde kullanılmaktadır.

SRAP (Sequence Related Amplified Polymorphism), Zincir reaksiyonuna (PCR) dayalı olup DNA'daki açık okuma bölgelerinin (ORFs, Open Reading Frames) çoğaltılması temeline dayanır. SRAP primerleri geliştirirken ilk önce merkezde CCGG bazları kullanarak ORF bölgelerindeki ekzonlar (gen kodlayan bölge) hedef olarak alınır. İleri (forward) primeri (başlatıcı) onyedii nükleotit, geri (reverse) primeri onsekiz nükleotit uzunluğundadır. Geri primerler DNA'nın intron (gen kodlamayan bölge) ve promoter (kodlama başlangıcı tanıma) bölgelerini, ileri primerler ise DNA'nın ekzon bölgelerini çoğaltır (amplifiye eder). İleri primerlerinde 5' ucundaki ilk 14 nükleotid, geri primerlerinde ilk 15 nükleotid aynıdır. 3' ucuna yakın olan üç nükleotid tesadüfi seçim sonucu oluşturulmuştur. Primerin başındaki 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). SRAP markır sistemi, tekrarlanabilen, kolay uygulanabilen ucuz ve etkili bir yöntem olarak değerlendirilmiş, genetik çeşitliliğin, belirlenmesinde etkili ve ucuz bir işlem olarak kullanılmaktadır (Uzun, 2009).

Moleküler belirteçler (markırlar), genomdaki herhangi bir gen bölgesi ya da gen bölgesi ile ilişkili DNA parçası olarak birçok alanda kullanılabilir. Bunlar arasında; genetik varyasyonun araştırılması, türlerin taksonomik tanımlanmasının yapılması, filogenetik akrabalıkların bulunması, genetik haritalama ve genom analizlerinde moleküler belirteçlerin kullanımı ıslahçılar için ihtiyaç duyulan bir alandır (Turunç ve Kaçar, 2010).

Genotipler arasında farklılık göstermeyen markırlar, monomorfik markırlar olarak bilinirler. Aynı veya farklı türlerin bireyleri arasında farklılık gösteren markırlar ise polimorfik markırlar olarak isimlendirilirler ve bunlar, farklılıkları belirlediği için monomorfik olanlardan daha yararlıdır.

Çeşitli iklim özelliklerine yer şekillerine, verimli topraklara sahip ve tarım sektöründe çalışan yoğun nüfusu ile çok geniş ürün çeşidini ticari anlamda yetiştiren ülkemiz gelecekte Dünya tarımında önemli üretici konumunda olacaktır. Sebze yetiştiriciliğinde önemli bir yere sahip olan ülkemiz bölgenin gıda üretim merkezi

görülmekte ve bu yönde yatırımlar yapılmaktadır. Bitkilerin ilk olarak ortaya çıktığı ve evrimlerini tamamladıkları yerlere “Gen Merkezi” veya “Anavatan” adı verilmektedir. Çeşitli bilim insanları dünyada farklı gen merkezleri olduğunu bildirmiştir. Bu gen merkezleri incelendiğinde Türkiye’nin hem gen merkezi olarak hem de çeşitli gen merkezlerine yakın olması ayrı bir öneme sahip olduğunu göstermektedir (Ağaoğlu, 1997). Bu nedenle Türkiye dünyada yetişen birçok meyve ve sebze türünün gen merkezi konumundadır. Ekolojik koşullarının bahçe bitkilerinin yetiştiriciliğine uygun olması, Türkiye’nin göç yollarının üzerinde bulunması ve Anadolu’nun tarihin ilk çağlarından beri pek çok medeniyetin yaşadığı bir alan olması Türkiye’nin gen merkezi olmasına neden olmuştur (Demir, 1990; Ağaoğlu, 1997). Çeşitli gen kaynaklarına sahip olan ülkemiz pek çok bitki türünün olduğu gibi pazının da anavatanıdır.

Bu genetik kaynaklar, ülkemizin en önemli doğal kaynaklarıdır. Bu kaynakları muhafaza etmenin yanında bu potansiyelin faydaya dönüştürülmesi de gerekmektedir. Bu genetik materyallerden faydalanmak için ekonomik öneme sahip özelliklere ilişkin genlerin çıkarılıp kullanılması ile sağlanabilecektir. Çalışmalar sonucu elde edilecek genler doğrudan kendi ürünlerimizde kullanarak ya da patent hakkı karşılığı ekonomik kazanca dönüştürülebilecektir.

Bitki genetik kaynaklarının farklı kullanım olanakları vardır. Bunların başında yerli ve bölgeye adapte olmuş formların doğadan toplanıp doğrudan ya da üretilip ıslah edildikten sonra kullanılması gelmektedir. Bu formların bir diğer kullanım alanı ise, modern kültür çeşitlerinin fakir olan gen havuzlarının genişletilmesidir (Şehirali ve ark., 2005) Geleneksel çeşitler, ekili ürünlerin yabancı veya ilkel formları, bitkinin yenilebilir kısımlarında bazı mikro besleyicileri biriktirme kabiliyetinin arttığını ve bitkilerin tespit edilip ıslah yöntemlerinin uygulanması, bitkilerin mikro besin seviyelerinin zenginleştirebileceğini göstermiştir (Frossard ve ark., 2000; Davey ve ark., 2009).

Günümüzde üstün verimli, fakat dar genetik tabanlı olan modern çeşitler başta çevresel baskılara (hastalık, zararlı, soğuk ve kurak vb.) dayanıklılık yönünden gen eksikli olduklarından, ıslahçılar sürekli olarak kalıtsal materyalin yeni kaynaklarını aramaktadırlar. Bu yönden uzun süreli programlarda kantitatif karakterleri, kısa ya da

orta süreli programlarda kalitatif karakterleri aktarmada bitki genetik kaynakları doğrudan ya da köprü türler olarak kullanılmaktadır. Ancak sürdürülebilir kullanım, bitki genetik kaynaklarının iyi değerlendirilmesine bağlıdır. Bitki genetik kaynaklarının gıda ve tarım için kullanımını iyileştirmek, materyalin korunma süresince tüm özelliklerinin belirlenmesiyle sağlanabilir (Şehirali ve Özgen, 1987). Son yıllarda ıslah stratejileri, insan beslenmesine ve sağlığına önemli katkı sağlayabilecek vitamin ve mineral beslenmesini arttıracak, bitkinin besin bileşimini geliştirmeye odaklanmıştır (Grusak ve DellaPenna, 1999). Gıdaların besin özelliklerinin bitki ıslahı yoluyla artırılması, yaygın mineral eksiklikleriyle mücadele için bir strateji olarak önerilmiştir. Geleneksel çeşitler, ekili ürünlerin yabani veya ilkel formları, bitkinin yenilebilir kısımlarında bazı mikro besinleri biriktirme kabiliyetinin arttığını göstermiş, mevcut mikro besin bakımından zengin olan genotiplerin araştırılmasının ya da ıslah yöntemlerinin uygulanmasının, bitkilerin mikro besin elementi seviyelerini zenginleştirebileceği belirtilmiştir (Frossard ve ark., 2000; Davey ve ark., 2009).

Pazı dünyanın çeşitli bölgelerinde tüketilmesine rağmen, genotiplerinin mineral bileşimi çalışılmamıştır (Pokluda ve Kuben, 2002). Pazı ülkemizde özellikle Doğu Karadeniz bölgesinde yetiştirilmekte olup, yörede birçok yemek ve turşu yapımında kullanılmakta ve severek tüketilmektedir. Yüzyıllardır sebzelerin beslenmedeki önemi nedeniyle sürekli ıslah çalışmaları yapılmakta ve daha kaliteli ve daha bol ürün veren sebze türleri geliştirilmektedir. Bol ürün veren ve daha kaliteli bitkilerin yetiştirilmesi genetik kaynağının yok olması problemini de beraberinde getirmektedir. Genetik çeşitliliğini yitirerek birbirine yakın genetik yapıya sahip bireylerden oluşan bir türün değişen çevre koşullarına uyumu güçleşmekte, hastalık ve zararlılara dayanımı azalmaktadır. Bu nedenle gen kaynağı olarak daha fazla yerel türlere ihtiyaç duyulmaktadır.

Ülkemiz pazının gen merkezleri arasında bulunmaktadır. Bu nedenle ve ülkemizin sahip olduğu farklı ekolojiler nedeniyle özellikle sahil bölgelerinde pazının ekonomik olarak yetiştirilebilme olanağı vardır. Son yıllardaki nüfus artış hızı, iklim şartlarındaki değişim, küresel ısınma sonucu yağışlarda düzensizlik, kuraklıkların artma öngörüsü, toprakların kuraklık ve çoraklaşma tehdidi altında olması, hastalık ve zararlıların yaygınlaşması, farklı bitki türleri içinde hastalık oluşturması, dayanıklı

genotiplerin ıslahını ve pazı üretiminde bu çeşitlerin kullanımını zorunlu hale getirmektedir.

Yetiştikleri bölgelerin iklim ve topografik şartları, hastalık ve zararlılar gibi çeşitli çevre koşullarına yüzyıllardan beri uyum sağlamış türlerden oluşan bu gen kaynakları gen çeşitliliği bakımından oldukça önemlidir. Çalışma bölgemiz pazı gen çeşitliliği açısından oldukça zengindir. Bölgede pazı yetiştiriciliği geleneksel olarak yapılmakta, yetiştiricilik döneminde alınan tohumlar bir sonraki yıl kullanılmakta ve bu işlem yüzyıllardır devam etmektedir. Pazının tohumla yetiştiriliyor olması genetik yapı itibarıyla birbirinden farklı çok çeşitli bireylerin oluşmasını sağlamış ve yöre şartlarına uyum sağlamış pazı genotiplerini artırmıştır. Bu durum ürün kalitesi ve verim açısından üstün genotiplerin seçilmesini ve üretime sunulmasını önemli ölçüde kolaylaştırmaktadır. Gen kaynaklarımızın tanımlanması, korunması için yapılan morfolojik ve biyokimyasal çalışmalar yetersiz kalmaktadır. Bu nedenle son yıllarda gerçekleştirilen moleküler marker çalışmaları önem kazanmıştır.

Ülkemizde farklı türlerde geniş koleksiyona sahip gen kaynaklarındaki popülasyonlar etkin bir şekilde morfolojik veya moleküler yöntemlerle tanımlanmadığından ülkemizdeki pazı popülasyonlarının, popülasyon içi veya arasındaki genetik varyasyonu tam olarak ortaya konamamıştır. Çalışmada yer alan hatların birbirleri ile olan genetik ilişkilerin morfolojik, biyokimyasal ve moleküler yöntemlerle tanımlanması, ıslah amacına yönelik hatların seçiminde kullanılacak materyallerin elde edilmesini mümkün kılacaktır.

Bu noktadan hareketle planlanan çalışmada Doğu Karadeniz bölgesinden toplanan pazı genotipleri UPOV (The International Union for the Protection of New Varieties of Plants) tanımlama listesine (deskriptör) uygun olarak morfolojik özellikler bakımından tanımlanacak, biyokimyasal ve moleküler yöntemlerle farklı gen havuzlarına ait bazı pazı çeşitlerinin SRAP primerleri kullanılarak pazı genotiplerine ait morfolojik, biyokimyasal ve genetik yapı, bu genotipler arasındaki genetik çeşitlilik tespit edilecektir. Bu çalışmanın ışığında elde edilen sonuçlar ile üzerinde çalışılan yerel popülasyon içindeki genetik varyasyonunun ortaya konulması ve yeni çeşitler geliştirmeye yönelik ıslah programlarında daha etkin şekilde yer alması mümkün olacaktır. Araştırma sonucunda elde edilecek verilerin Ulusal Gen Bankası Veri

Tabanında yer alarak, pazı gen kaynaklarımızın deęerlendirilmesine yönelik gelecekteki projelere ışık tutması da amaçlanmaktadır.

2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

2.1 Morfolojik Karakterizasyon ile İlgili Çalışmalar

Tez konusunu oluşturan pazıda morfolojik, biyokimyasal ve moleküler karakterizasyon için yapılmış çeşitli çalışmalar mevcuttur:

Fehr ve Hadley (1980), morfolojik çeşitliliğin bitki ıslahı çalışmalarında öneminin büyük olduğunu ve varyasyonların bilinmesi ve dağılışı durumlarının tespit edilmesi, ıslah programlarının uygulanması bakımından değer taşıdığını bildirmiştir. Ayrıca sebze ıslahında agronomik özelliklerin genetik yönden değerlendirilmesinde genetik varyasyon önem taşıdığını bu varyasyonların birbirleriyle olan kısmi büyüklükleri popülasyonun genetik özelliklerinin tanımlanmasında yardımcı olduğunu belirtmişlerdir.

Mesbah ve ark. (1997), pazıda yaptıkları çalışmada bazı morfolojik özelliklerin kromozoma özgü olduğunu ve bu özelliklerin pazıların sınıflandırması için çok yararlı olduğunu ancak mevcut çalışma, bu morfolojik özelliklerin, ek belirteçlerin yardımı olmadan tüm yabancı kromozomların tanımlanması için yeterli olmadığını bildirmişlerdir. *B. procumbens* ve *B. patellaris*'in çeşitli kromozomlarının moleküler özellikleri veya bitki morfolojisi üzerindeki etkileri arasında gözlemlenen benzerlikler nedeniyle, *B. procumbens*'in *B. patellaris*'in evrimsel tarihinde yer almış olabileceği sonucuna varıldığını belirtmişlerdir.

Gaspar ve ark. (2002), yapmış oldukları çalışmada bazı çevresel faktörlerin hem mevsimsel olarak hem de çok daha kısa periyotlarda büyük değişimler gösterdiği, özellikle ılıman iklim bölgelerinde yetişen bitkilerin, hızla değişen çevresel koşulları özellikle sıcaklık ve ışık yoğunluğundaki değişimler ile mücadele edebilmesi için esnek bir metabolizmaya sahip olduğunu ve metabolik aktiviteleri ile çevresel koşullar arasında bir koordinasyon oluşturabildiğini bildirmişlerdir. Çevresel stres faktörlerinin bitkilerin yapısal ve fonksiyonel anlamda şekillenmesini sağlayan temel etkenler arasında önemli bir konuma sahip olduğunu tespit etmişlerdir.

Pokluda ve Kuben (2002), yaptıkları çalışmada 12 pazı çeşidinin (*Beta vulgaris ssp. cicla L.*) yaprak ve saplarına ait bazı morfolojik özellikleri incelemişlerdir. Bu

çalışmada tüm çeşitlerin bitki boylarının 425 mm ile 579 mm arasında olduğu, sap genişliğinin ise 13.6 mm ile 35.5 mm arasında değiştiğini belirlemişlerdir.

Mohammadi ve Prasanna (2003), bitkilerde genetik çeşitliliğin analizi makul ölçüde doğru ve tarafsız tahminleri için kümeleme prosedürleri ve genetik ilişkilerin objektif belirlenmesi için toplam varyasyonun ilk iki veya üç bileşen oranının %25'ten büyük olması gerektiğini ve akraba genotipler arasındaki mesafelerin belirlenmesinde, toplam varyasyonun %25 den küçük olduğu durumlarda hataların olabileceğini bildirmişlerdir.

Bozokalfa ve ark. (2011), yaptıkları çalışmada farklı coğrafi koşullardan toplanan pazı örnekleri arasında agromorfolojik özellikler bakımından geniş bir değişkenlik gözlemlendiğini, incelenen bitki özelliklerinde yaprak ağırlığı, petiol genişliği, yaprak sapı kalınlığı, yaprak ayası uzunluğu, yaprak sapı uzunluğu ve yaprak ayası genişliğinin en belirgin karakterler olduğunu bildirmişlerdir.

Bozkalfa ve ark. (2016), 52 pazı genotipinde yapmış oldukları çalışmada pazı genotiplerinin agromorfolojik özelliklerini değerlendirilerek genetik ilişkileri ve çeşitliliği belirlemişlerdir. Temel bileşen analizleri (PCA), agromorfolojik özellikler için toplam varyasyonların %77.26'sını açıklarken, pazı genotiplerinin dört ana kümeye ayrıldığı ve pazı genotiplerini ayırmada yaprak ağırlığı, yaprak sapı genişliği, yaprak sapı kalınlığı, yaprak ayası uzunluğu ve yaprak ayası genişliğinin, temel özellikler olduğunu bildirmişlerdir.

Andrello ve ark. (2017), Yapmış oldukları çalışmada, yabani pazı genotiplerinin genetik varyasyonunu belirleyerek yabani taksonlar (*Beta macrocarpa*, *B. patula*, *B. vulgaris subsp. adanensis* ve *B. vulgaris subsp. maritima*) ile yem pancarı, şeker pancarı ve pazıda genetik yapıdan kaynaklanan farklılaşmayı ortaya koymuştur. Türler arasında güçlü farklılaşmanın olduğunu bu farklılaşmanın coğrafyadan kaynaklı bir genetik yapının olduğunu göstermişlerdir. Çalışma sonucu genetik yapının, çevresel değişkenler ile bağlantılı türler arasındaki farklılıkların doğru bir şekilde tahmin edilmesi ve genetik varyasyonlar arasındaki istatistiksel ilişkileri test etmek için faydalı olduğu sonucuna varmışlardır.

Tan ve ark. (2017), Türkiye'de Beta türlerinin morfolojik karakterizasyonu sonucu, yabani ve kültür formları arasındaki gen akışından kaynaklanan sürekli bir

varyasyon saptanmıştır. *Beta* seksiyonunda pigmentasyon, tüylülük, bitki tipi, çiçeklenme, çiçek tohum kümeleri, polen fertilitesi ve yaprak tiplerinde varyasyon gözlemlenirken, *Corollinae* seksiyonunda çiçek ve yaprak özelliklerinde geniş varyasyon görülmüştür.

Emre (2020), Türkiye'nin farklı bölgelerinden toplamış olduğu 53 farklı pazı genotipi 2 yerli ve 2 yabancı çeşidi agronomik özellikler bakımından değerlendirmiş, belirlenen özellikler yönünden yüksek düzeyde agro-morfolojik varyasyonun varlığını ortaya koymuştur. Çalışmada kullanılan yerel pazı genotiplerinin belirlenen agronomik özellikleri incelendiğinde yaprak ayası uzunluğunu genotipler arası ortalama değerleri 38.30 cm ile 22.30 cm arasında olduğunu, yaprak ayası genişliğinin ise genotipler arasında ortalama 21.72 cm ile 13.64 cm arasında olduğunu ve ortalama değer 17.68 cm, genotiplerin yaprak sapı uzunluk değerleri ise ortalama 29.26 cm ile 11.83 cm arasında olduğunu tespit etmiştir.

2.2 Biyokimyasal Karakterizasyon ile İlgili Çalışmalar

Bolkent ve ark. (2000), pazıda yapmış olduğu fitokimyasal taramaları ile bazı yağ asitlerinin (palmitik, stearik, oleik, linoleik ve linolenik asitler), fosfolipidler, glikolipitler, polisakaritler, askorbik asit, folik asit, pektin, saponinler, flavonoidler, fenolik asitlerin varlığını ortaya koymuşlardır.

Ninfali ve Bacchiocca (2003), pazı ve şeker pancarı üzerine yapmış oldukları çalışmada transplantasyondan 55-60 gün sonra bu bitkilerin maksimum fenolik içerik gösterdiğini, bu süreden sonra fenolik konsantrasyonun yaşlanma ile giderek azaldığını; aynı durumun flavonoid konsantrasyonunda da benzer bir eğilim gösterdiğini belirlemişler. Bu nedenle, maksimum fenolik ve flavonoid içeriği için, yaprakların olgunluk aşamasında toplanması gerektiğini belirtmişlerdir.

Pyo ve ark. (2004), pazı üzerine yapmış olduğu çalışmada toplam antioksidan aktivite ve toplam fenolik içeriklerini belirlemişlerdir. Araştırmacılar fenolik içeriklerin genotipe bağlı olarak değiştiğini beyaz genotiplerde 124.7 mg/100 g FW kırmızı genotiplerde ise 157.8 mg/100 g FW olarak tespit edildiğini belirtmişlerdir.

Georgiev ve ark. (2010), kırmızı pancarda flavonoidler üzerinde yapmış olduğu çalışmada kafeik asid miktarını 0.203 mgg⁻¹ dw, kateşini 0.372 mgg⁻¹dw, epikateşini 0.857 mgg⁻¹dw ve rutini 1.096 mgg⁻¹dw olarak tespit etmişlerdir.

Sacan ve Yanardag (2010), pazının antioksidan aktivitesi üzerine yaptıkları çalışmada fenolik madde miktarını $31.09 \pm 3.34 \mu\text{g}$ pirokateşol/mg ekstrakt flavonoid miktarını da $11.88 \pm 1.46 \mu\text{g}$ kateşin/mg ekstrakt olarak tespit etmişlerdir.

Gennari ve ark. (2011), yapmış oldukları çalışmada pazıda fenolik içeriğin 246.77 mg/g olarak çıktığını bildirmişlerdir.

Peter ve Ryan (2011), kırmızı pancar suyunda yapmış oldukları çalışmada FRAP miktarını $9.97 \pm 0.22 \text{ mmol TE } 100 \text{ g}^{-1} \text{ fw}$ toplam fenolik madde miktarını $97.72 \pm 0.52 \text{ mg GAE } 100 \text{ g}^{-1} \text{ fw}$ olarak tespit etmişlerdir.

Ninfali ve Angelino (2013), yapmış oldukları çalışmada fenolik madde miktarını pazı yapraklarında $11.12 \pm 0.56 \text{ mg.g}^{-1}\text{dw}$, pazı kökünde $0.72 \pm 0.04 \text{ mg.g}^{-1}\text{dw}$, pazı tohumlarında $1.88 \pm 0.07 \text{ mg.g}^{-1}\text{dw}$, kırmızı pancar yapraklarında $12.76 \pm 0.76 \text{ mg.g}^{-1}\text{dw}$, kırmızı pancar kökünde $1.77 \pm 0.08 \text{ mg.g}^{-1}\text{dw}$, flovonoid miktarını pazı yapraklarında $7.92 \pm 0.39 \text{ mg.g}^{-1}\text{dw}$, pazı kökünde $0.88 \pm 0.05 \text{ mg.g}^{-1}\text{dw}$, pazı tohumlarında $1.57 \pm 0.08 \text{ mg.g}^{-1}\text{dw}$, kırmızı pancar yapraklarında $11.64 \pm 0.81 \text{ mg.g}^{-1}\text{dw}$ ve kırmızı pancar kökünde $1.44 \pm 0.15 \text{ mg.g}^{-1}\text{dw}$ olarak tespit etmişlerdir.

Koubaier ve ark. (2014), kırmızı pancarın fenolik kompozisyonu ve antioksidan aktivitesi üzerine yaptıkları çalışmada fenoliklerin miktarları kökler ve gövdelerde sırasıyla yaklaşık 6.6 ± 0.7 ve $10.4 \pm 0.5 \text{ mg GAE g}^{-1}$ olarak, DPPH aktivitesinin kökte $5 \pm 1 \text{ EC}_{50} \mu\text{g mL}^{-1}$ gövdede $47 \pm 31 \text{ EC}_{50} \mu\text{g mL}^{-1}$ olarak çıktığını rapor etmişlerdir.

Wruss ve ark. (2015), yaptıkları çalışmada kırmızı pancarın yedi farklı genotipinde yapılan ölçmelerde fenolik içeriklerinin 0.80 g/l ile 1.30 g/l arasında değiştiğini ve FRAP değerinin de 13.1 mM TE ile 43.31 mM TE arasında çıktığını belirlemişlerdir.

Barros ve ark. (2016), yabani pazı genotipleri *Beta maritima* L. üzerinde yapmış olduğu çalışmada DPPH aktivitesini $1.35 \text{ mg dry ekstrakt/mL}$ metanol olarak belirlemiştir.

Mzoughi ve ark. (2019), yapmış oldukları çalışmada pazı yapraklarının fenolik bileşikleri karakterize edilmiş ve toplam fenolik içeriği $96.58 \pm 1.81 \text{ mg GAE/g}$

ekstrakt, toplam flavonoid içeriđi 30.08 ± 1.02 mg GAE/g ekstrakt ve DPPH deđerini de 0.75 ± 0.07 mg/mL olarak belirlemiřlerdir.

Ivanovic ve ark. (2021), yapmıř oldukları alıřmada farklı sulama ve gbreleme altında yetiřtirilen pazıların polifenol içeriđini, antioksidatif potansiyelini ve antiproliferatif aktivitesini belirlemiřler. Farklı NPK gbreleme rejimleri ve sulama uygulamalarının pazının antioksidan aktivitesini ve konsantrasyonunu deđiřtirdiđini tespit etmiřlerdir. Antioksidan konsantrasyonu iin sulama ve gbreleme etkileřiminin nemli olduđunu bildirmiřlerdir.

2.3 Molekler Karakterizasyon ile ilgili alıřmalar

Bitki genetik kaynakları materyalinin deđerinin, materyalin ıřlahta kullanılabilirliđiyle dođru orantılı olduđu materyalin zelliklerinin belirlenmesi ıřlahıların alıřacakları materyali tanımaları aısından nemli olduđu ayrıca karakterize edilmiř materyalle alıřmanın zaman ve olanaklardan tasarruf sađladıđı bilinmektedir (Aıkgz, 2004). Bitkilerin genetik karakterizasyonunda pek ok farklı marker tekniklerinin kullanıldıđı grlmektedir. Williams ve ark., (1990) DNA markırlarının stabil olduđunu, tm dokularda ortaya ıkabileceklerini, evre kořullardan etkilenmediklerini, dominant veya kodominant zellikte olabileceklerini ve kalıtımı basit ilkelere sahip olduđunu bildirmiřlerdir. Rafalski ve ark., (1996) ve Lowe ve ark., (1996) molekler markırların kltr eřitlerinin tanımlanmasında, genetik akrabalıkların belirlenmesinde, genetik haritalamada, gen kaynaklarının karakterizasyonunda, duplike olan genotiplerin belirlenmesinde, ıřlah programında kullanılacak ebeveynlerin belirlenmesinde kullanıldıđını, bunun yanında yeni geliřtirilen eřitlerin koruma altına alınmasında, tohumculukta safiyet analizlerinde, genetik kaynađın yapısını anlamada, genetik kaynađın tekrar organizasyonunda kullanıldıđını rapor etmiřlerdir. Ayrıca molekler markır teknolojisi, eřitli stres etmenleri ile iliřkili genom blgelerinin belirlendiđi ve genom yapısı hakkında bilgi edinildiđi alıřmalarda sıklıkla kullanılmaktadır. Ařađıda pazının da iinde bulunduđu *Beta* cinsine ait trlerde yapılan molekler karakterizasyon alıřmalarına yer verilmiřtir.

Hjerdin ve ark. (1994), RFLP tekniđini kullanarak 7 řeker pancarı ve 4 yem pancarı ıřlah hattı ile 21 yabani pancar genotipi arasındaki genetik varyasyonu

incelemişlerdir. Araştırmacılar şeker pancarı ıslah hatları arasındaki genetik varyasyonun yabancı pancar genotipleri arasındaki varyasyonla kıyaslanabilecek kadar önemli derecede yüksek olduğunu rapor etmişlerdir.

Lorenz ve ark. (1994), şeker pancarında stoplazmik erkek kısırlığı yönünden bitkilerin ayırılmasında RAPD tekniğini kullanmışlar ve bu tekniğin erkek fertil ve erkek kısır şeker pancarı bitkilerini ayırmada başarılı olduğunu rapor etmişlerdir.

Viard ve ark. (2004), mikrosatellitler, şeker pancarları, kaba ve deniz pancarları ve tarladaki yabancı pancarların genetik yapısını ve gen akışını incelemek için de yaygın olarak kullanıldığını bildirmişlerdir.

Wang ve ark. (2008), 49 şeker pancarı genotipinin genetik karakterizasyonunda SRAP ve SSR markır tekniklerini kullanmışlardır. Çalışmada 64 SRAP primer kombinasyonu kullanılmıştır. Araştırmacılar toplam 199 SRAP bandı (86'sı polimorfik %33.3) gözlemlediklerini ve primer kombinasyonu başına ortalama 18.0 bant elde edildiğini bildirmişlerdir. SRAP ve SSR tekniklerinin şeker pancarının genetik çeşitliliğinin ortaya konmasında etkili ve güvenilir olduğu rapor edilmiştir.

Wang ve ark. (2011), 33 SRAP primer kombinasyonu kullanarak 241'i Çin'in 3 önemli bölgesinden ve 9'u Çin dışından olmak üzere toplam 250 şeker pancarı genotipi arasındaki genetik ilişkileri değerlendirmişlerdir. Çalışmada 459'u polimorfik olmak üzere toplam 719 bant elde edilmiştir. Primer kombinasyonlarının ortalama polimorfizm oranı %63.8 olarak belirlenmiştir. Araştırmacılar çalışmada kullanılan bütün genotipler arasındaki ortalama genetik farklılık indeksinin 0.4165 olduğunu bildirmişlerdir. Ayrıca Çin genotipleri arasındaki genetik benzerlik indeksinin 0.6593, Çin dışından getirilen genotipler arasındaki benzerlik indeksinin 0.7528, monogerm genotipler arası benzerliğin 0.6945, poligerm tetraploid genotipler arasındaki benzerlik indeksinin 0.6816 ve polygerm diploid genotipler arası benzerlik indeksi değerinin de 0.6612 olduğunu bildirmişlerdir.

Izzatullayeva ve ark. (2014), 42 şeker pancarı genotipinin genetik karakterizasyonunda 12 RAPD ve 12 ISSR primerini kullanmışlardır. RAPD primerleri 190'ı polimorfik olmak üzere toplam 204 bant ve ISSR primerleri de 173'ü polimorfik olmak üzere toplam 178 bant vermiştir. Araştırmacılar ISSR markırlarının (%97.2) RAPD primerlerinden (%93.0) daha çok polimorfizm gösterdiğini

vurgulamışlardır. Her iki markır türü için de yüksek düzeyde genetik çeşitlilik indeksi değerleri (RAPD için 0.86 ve ISSR için 0.91) elde edildiği ve bu yöntemlerin şeker pancarı genotiplerin ayrımlanmasında birbirine yakın etkinlikte olduğu rapor edilmiştir.

Andrello ve ark. (2017), *Beta* grubunda (*Beta macrocarpa*, *B. patula*, *B. vulgaris* subsp. *adanensis* ve *B. vulgaris* subsp. *maritima*) ve kültür bitkilerini içeren yem pancarı, şeker pancarı, pazı ve kırmızı pancar'da SNP (tek nükleotid polimorfizmi) tekniği ile yaptıkları çalışmada *B. macrocarpa* ve *B. vulgaris* arasındaki farklılıkların yüksek olduğunu bunula birlikte popülasyonlar arasındaki polimorfizmin de bir hayli güçlü olduğunu bildirmişlerdir.

Şen (2019), yapmış olduğu çalışmada geliştirdiği mikrosatellite markırlar ile şeker pancarı genotiplerinin genetik ilişkilerini incelemiştir. Üretilen mikrosatellite markırlarının 11 şeker pancarı genotipini benzerliklerine göre 3 gruba ayırdığı rapor edilmiştir.

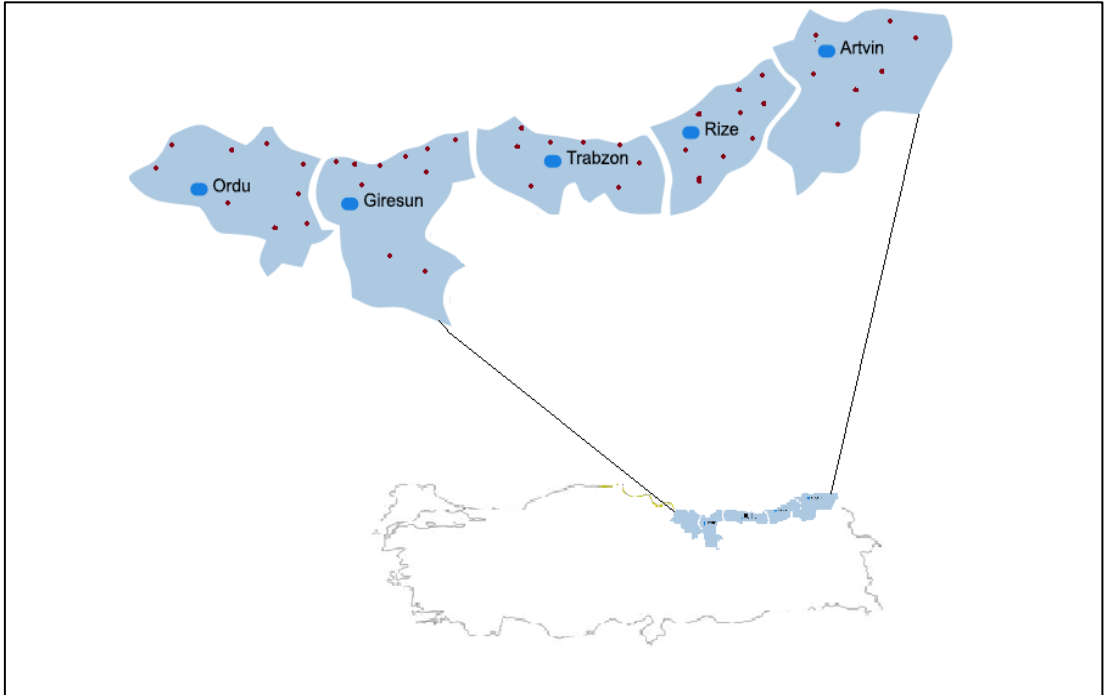
3. MATERYAL ve YÖNTEM

3.1 Materyal

3.1.1 Bitki Materyali

3.1.1.1 Morfolojik Gözlemler İçin Kullanılan Bitki Materyali

Bu tez çalışmasında kullanılan bitkisel materyaller Ordu, Giresun, Trabzon, Rize ve Artvin’de geleneksel tarzda pazı yetiştirilen alanları kapsayan Doğu Karadeniz bölgesinde Tarım ve Orman Müdürlüğü teknik personelleri tarafından belirlenen alanlardan toplanmıştır. Çalışmada, toplanan 45 pazı genotipine ilave olarak 2 adet de ticari çeşit incelenmiştir. Genotiplerin alındığı bölgeler harita üzerinde gösterilmiştir (Şekil 3.1). Çizelge 3.1’de gösterilen sahil kesimi ile yaklaşık 1500 m rakım arasından köklü materyal olarak alınan pazı genotipleri kökleri ile sökülerek 17x33 cm ebadındaki UV katkılı drenaj delikli siyah plastik tüplere topraklı bir şekilde yerleştirilerek deneme alanına taşınmıştır.



Şekil 3.1 Pazı Genotiplerin Toplandığı Coğrafi Alanlar

Toplanan genotipler gözlem bahçesinde oluşturulan parsellere dikilmiştir. Burada bir yıl açıkta yetiştirilerek çiçeklenmeleri sağlanmış ve bitki izolasyonu yöntemi ile kendilenerek tohumları alınmıştır (Şekil 3.2).



Şekil 3.2 Genotiplerin Gözlem Bahçesindeki Görünümleri

Deneme alanın tohum ekimi ilkbaharda yapılacağı için sonbahar döneminde toprak işleme öncesinde toprağa 3 ton/dekar organik gübre, 12 kg N, 10 kg P₂O₅ ve 15 kg K₂O verilmiştir. Daha sonra toprak sürülmüş ve bu vasıta ile organik madde ile kompoze gübreler toprağa karıştırılmıştır (Vural, 2000). Denemede sulama yağmurlama sulama sistemiyle yapılmış sulama işlemi haftada iki defa olmak üzere hasada kadar devam edilmiş, tüm kültürel işlemler düzenli olarak uygulanmıştır. Bitkiler yetiştirme dönemi boyunca iki defa elle çapalanmıştır. Bitkilerde hasat kriteri olarak 60 günlük yetiştirme periyodu esas alınmıştır. Hasat zamanı gelen bitkiler kök bölgesinden kesilerek gerekli ölçüm ve gözlemler yapılmıştır. Denemede her parselin pazıları elle hasa edilmiş ve aşağıda yöntemleri detaylandırılmış parametreler incelenmiştir.

Çizelge 3.1 Doğu Karadeniz Bölgesinden Toplanan Genotipler

Genotip	İl	İlçe	Genotip	İl	İlçe
G01	Artvin	Murgul	G25	Ordu	Mesudiye
G02	Artvin	Yusufeli	G26	Ordu	Kumru
G03	Artvin	Borçka	G27	Rize	Çamlıhemşin
G04	Artvin	Hopa	G28	Rize	Arhavi
G05	Artvin	Borçka	G29	Rize	İyidere
G06	Artvin	Merkez	G30	Rize	Pazar
G07	Artvin	Ardanuç	G31	Rize	Çayeli
G08	Artvin	Merkez	G32	Rize	Merkez
G09	Giresun	Alucra	G33	Rize	İkizdere
G10	Giresun	Doğankent	G34	Rize	Güneysu
G11	Giresun	Şebinkarahisar	G35	Rize	Pazar
G12	Giresun	Tirebolu	G36	Rize	Güneysu
G13	Giresun	Çanakçı	G37	Trabzon	Beşikdüzü
G14	Giresun	Merkez	G38	Trabzon	Sürmene
G15	Giresun	Güce	G39	Trabzon	Hayrat
G16	Giresun	Piraziz	G40	Trabzon	Arsin
G17	Giresun	Çanakçı	G41	Trabzon	Akçaabat
G18	Ordu	Kabadüz	G42	Trabzon	Maçka
G19	Ordu	Çamaş	G43	Trabzon	Tonya
G20	Ordu	Gürgentepe	G44	Trabzon	Araklı
G21	Ordu	Ünye	G45	Trabzon	Çarşıbaşı
G22	Ordu	Fatsa	G46	Şahit	Naobi
G23	Ordu	Fatsa	G47	Şahit	Yakut
G24	Ordu	Gülyalı			

3.1.2 Deneme Yerinin Toprak Özellikleri

Deneme alanın 0-20 cm'lik derinliğinden alınan toprağın özellikleri Çizelge 3.2'de gösterilmiştir.

Çizelge 3.2 Deneme Parselinin Toprak Özellikleri

Bünye	Killi-Tınlı	Alınabilir P (ppm)	40.32
Su Tutma Kap.	%59	Alınabilir K (ppm)	239.9
pH (1:2,5)	6.88	Alınabilir Ca (ppm)	2951
EC (mmhos/cm)	0	Alınabilir Mg (ppm)	179.7
Kireç %	%0.48	Alınabilir Fe (ppm)	35.79
Kum %	18.95	Alınabilir Cu (ppm)	3.20
Kil %	37.81	Alınabilir Mn (ppm)	14.56
Silt %	43.24	Alınabilir Zn (ppm)	7.07
Organik madde %	4.94	Alınabilir Na(ppm)	35.27

3.2 Yöntem

3.2.1 Genotiplerin Morfolojik Olarak Değerlendirilmesi

Doğu Karadeniz bölgesinden toplanan pazı genotipleri, 2016 yılında tohum elde etmek için bitki izolasyonu yöntemi ile kendilenmiş ve elde edilen tohumlar 2017 ve 2018 yıllarında iki yıl süresince, morfolojik gözlemleri yapılmak amacıyla Giresun İli Bulancak İlçesi İnce Köyü'nde yetiştirilmiştir. Çalışmanın her iki yılında da tohumlar ilkbahar döneminde 7 cm derinlik ve 5.5 cm çaplı gözlere sahip 48 gözlü viyollere ekilip fideler elde edilmiştir. Fidelerden homojen özellikte olanlar

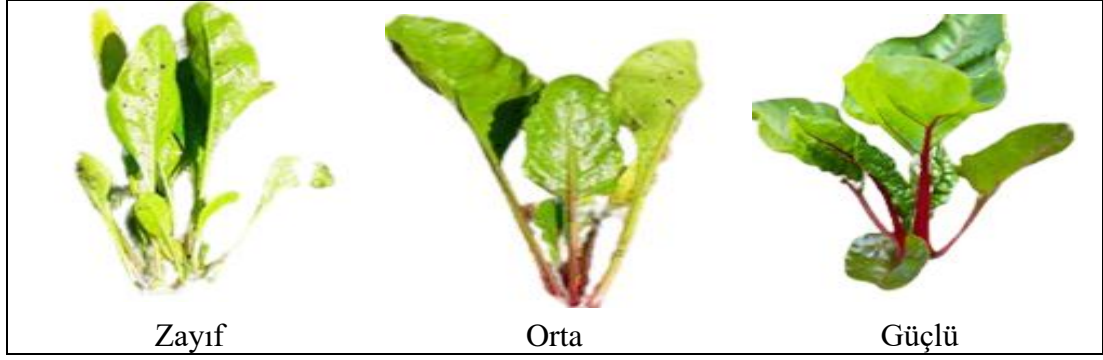
oluşturulan parsellere sıra arası 1 m ve sıra üzeri 30 cm olacak şekilde tesadüf parselleri deneme desenine göre 3 tekrarlı dikilmiştir. Her tekrarda 15 bitki bulundurulmuştur. Her iki yılda da UPOV (Anonim, 1998) kriterlerine göre morfolojik gözlemler yapılmıştır (Çizelge 3.3).

Çizelge 3.3 UPOV'a Göre Çalışmaya Konu Olan Kriterler

UPOV Kod No	TANIMLAMA KRİTERLERİ	KRİTERLERE AİT DEĞİŞKENLER VE PUANLAMALAR									
1	Fide Antosiyanin Renklenmesi Yoğunluğu	Zayıf	3	Orta	5	Güçlü	7				
3	Yaprak Uzunluğu	Kısa	1	Orta	3	Uzun	5				
4	Yaprak Duruş Pozisyonu	Dik	1	Yarı Dik	3	Yatık	5				
5	Yaprak Ayası Uzunluğu	Kısa	1	Orta	3	Uzun	5				
6	Yaprak Ayası Genişliği	Dar	3	Orta	5	Geniş	7				
7	Yaprak Ayası Yeşil Rengin Yoğunluğu	Çok Açık Yok	1	Açık	3	Orta	5	Koyu	7	Çok Koyu	9
8	Yaprak Ayası Kenar Şekillenmesi	veya Çok Zayıf	1	Zayıf	3	Orta	5	Güçlü	7		
9	Yaprak Ayası Parlaklık	Zayıf	3	Orta	5	Güçlü	7				
10	Yaprak Ayası Kabarcıklanma	Zayıf	3	Orta	5	Güçlü	7				
11	Yaprak Ayası Antosiyanin Renklenmesi	Var	1	Yok	3						
12	Yaprak Ayası Antosiyanin Renklenmesi Yoğunluğu	Zayıf	3	Orta	5	Güçlü	7				
13	Yaprak Sapı Uzunluğu	Çok Kısa	1	Kısa	3	Orta	5	Uzun	7	Çok Uzun	9
14	Yaprak Sapı Genişliği	Çok Dar Yok	1	Dar	3	Orta	5	Geniş	7	Çok Geniş	9
15	Yaprak Sapı İç Kesit Eğriliği	veya Çok Zayıf	3	Zayıf	5	Orta	7	Güçlü			
16	Yaprak Sapı Rengi	Beyaz	1	Sarı	2	Yeşil	3	Pembe	4	Mor	5
17	Çiçeklenme Başlangıç Zamanı	Erken	3	Orta	5	Geç	7				

Toplanan genotiplerin morfolojik karakterizasyon çalışmalarında belirlenen UPOV kriterlerinden kantitatif (ölçülen ve sayılan) özelliklerde sınıflandırma yapılmıştır.

Fide antosiyanin renklenmesi yoğunluğu UPOV kriterlerine göre zayıf, orta ve güçlü olarak üç sınıfta değerlendirilmiştir (Şekil 3.3). Antosiyanin renklenmesi fide hipokotil ve yaprak orta damarında gözlenerek tespit edilmiştir.



Şekil 3.3 Fide Antosiyanin Renklenmesi Yoğunluğu Sınıfları

UPOV kriterlerine göre yaprak uzunluğu uzun, orta ve kısa olmak üzere üç sınıfta değerlendirilmiştir (Şekil 3.4).



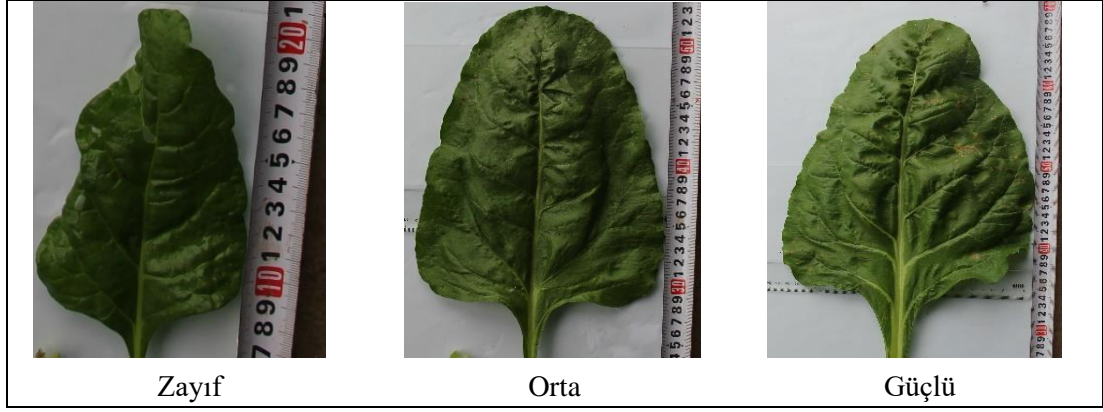
Şekil 3.4 UPOV yaprak Uzunluğu Sınıfları

Yaprak duruş pozisyonu UPOV kriterlerine göre yatık, yarı dik ve dik olmak üzere üç sınıfta değerlendirilmiştir (Şekil 3.5).



Şekil 3.5 UPOV Yaprak Duruş Pozisyonu Sınıfları

UPOV kriterlerine göre yaprak ayası kabarcıklanması zayıf, orta ve güçlü olmak üzere üç sınıfta değerlendirilmiştir (Şekil 3.6).



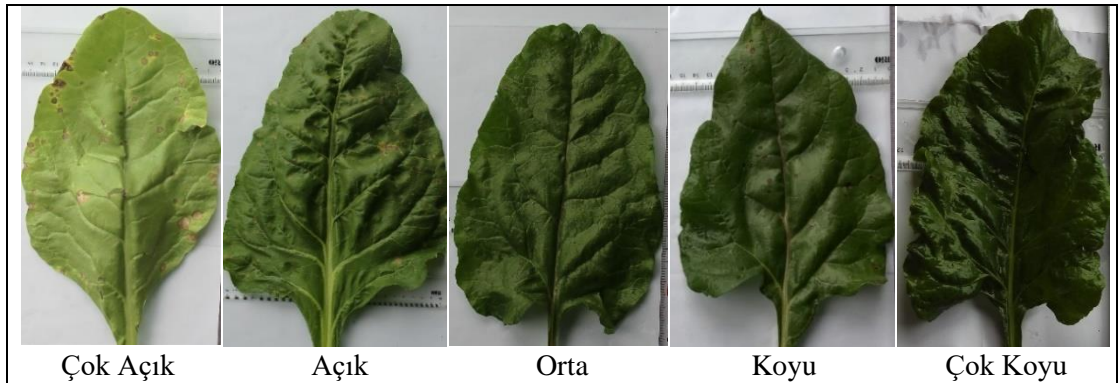
Şekil 3.6 UPOV Yaprak Ayası Uzunluğu Sınıfları

Yaprak ayası genişliği UPOV kriterlerine göre zayıf, orta ve güçlü olmak üzere üç sınıfta değerlendirilmiştir (Şekil 3.7).



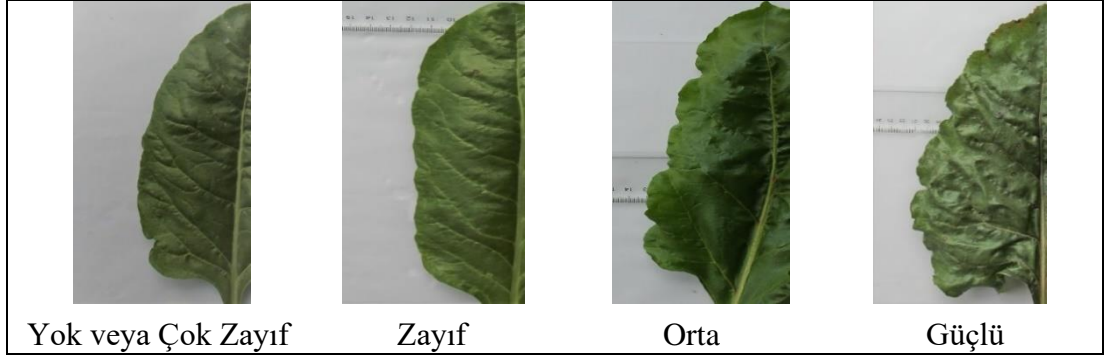
Şekil 3.7 UPOV Yaprak Ayası Genişliği Sınıfları

Yaprak ayası yeşil rengin yoğunluğu UPOV kriterlerine göre çok açık, açık orta, koyu ve çok koyu olmak üzere beş sınıfta değerlendirilmiştir (Şekil 3.8).



Şekil 3.8 UPOV yaprak Ayası Yeşil Rengin Yoğunluğu Sınıfları

Yaprak ayası kenar şekillenmesi UPOV yok veya çok zayıf, zayıf, orta ve güçlü olmak üzere dört sınıfta değerlendirilmiştir (Şekil 3.9).



Şekil 3.9 UPOV Yaprak Ayası Kenar Şekillenmesi Sınıfları

Yaprak ayası parlaklığı UPOV kriterlerine göre zayıf, orta ve güçlü olmak üzere üç sınıfta değerlendirilmiştir (Şekil 3.10).



Şekil 3.10 UPOV Yaprak Ayası Parlaklığı Sınıfları

UPOV kriterlerine göre yaprak ayası kabarcıklanması zayıf, orta ve güçlü olmak üzere üç sınıfta değerlendirilmiştir (Şekil 3.11).



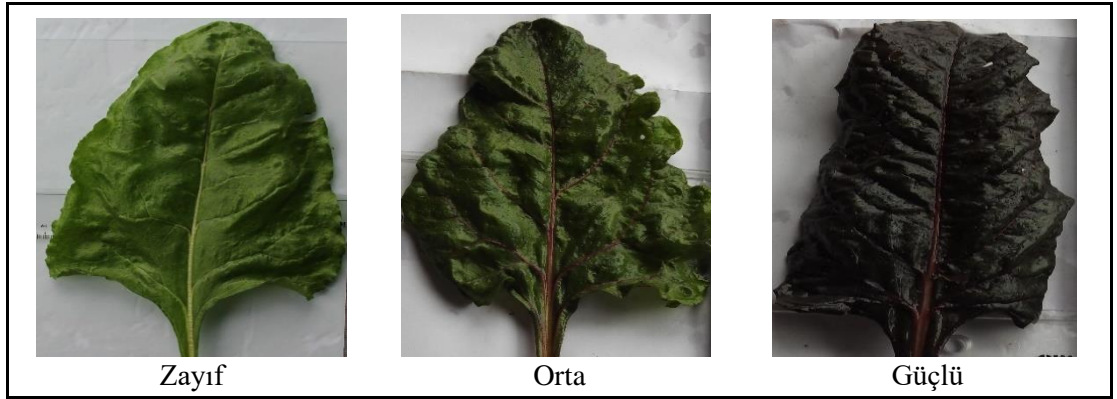
Şekil 3.11 UPOV Yaprak Ayası Kabarcıklanma Sınıfları

UPOV kriterlerine göre yaprak ayası antosiyanin renklenmesi yok ve var olmak üzere iki sınıfta değerlendirilmiştir (Şekil 3.12).



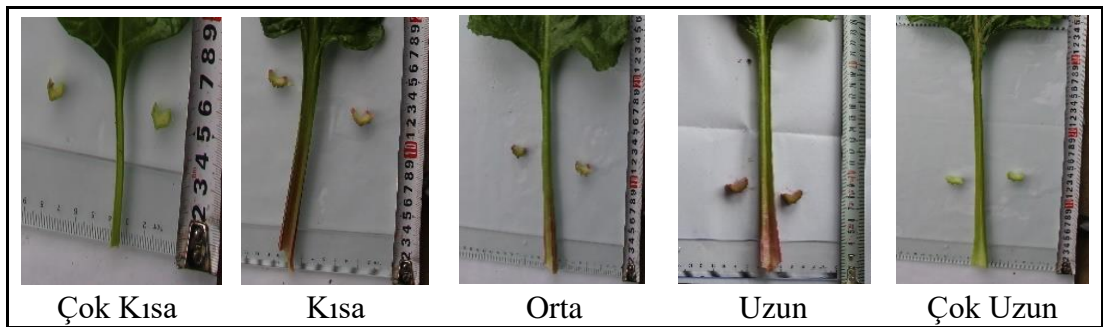
Şekil 3.12 UPOV Yaprak Ayası Antosiyanin Renklenmesi Sınıfları

Yaprak ayası antosiyanin renklenmesi yoğunluğu, UPOV kriterlerine göre zayıf, orta ve güçlü olmak üzere üç sınıfta değerlendirilmiştir (Şekil 3.13).



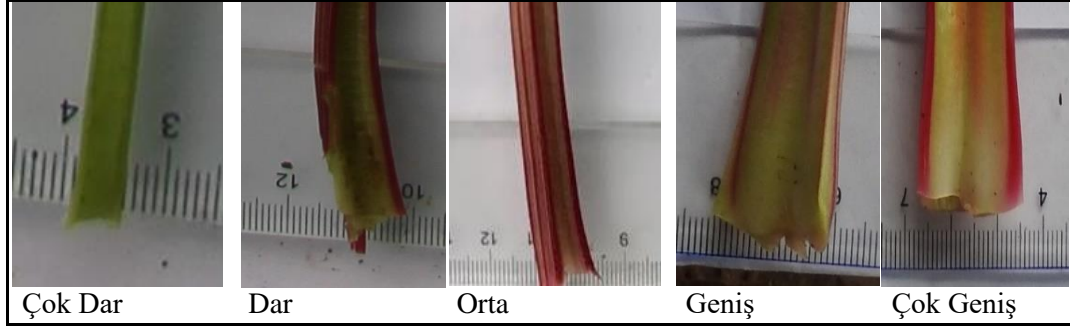
Şekil 3.13 UPOV Yaprak Ayası Antosiyanin Renklenmesi Yoğunluğu Sınıfları

UPOV kriterlerine göre yaprak sapı uzunluğu çok kısa, kısa, orta, uzun ve çok uzun olmak üzere beş sınıfta değerlendirilmiştir (Şekil 3.14).



Şekil 3.14 Yaprak Sapı Uzunluğu Sınıfları

Yaprak sapı genişliği, UPOV kriterlerine göre çok dar, dar, orta, geniş ve çok geniş olmak üzere beş sınıfta değerlendirilmiştir (Şekil 3.15).



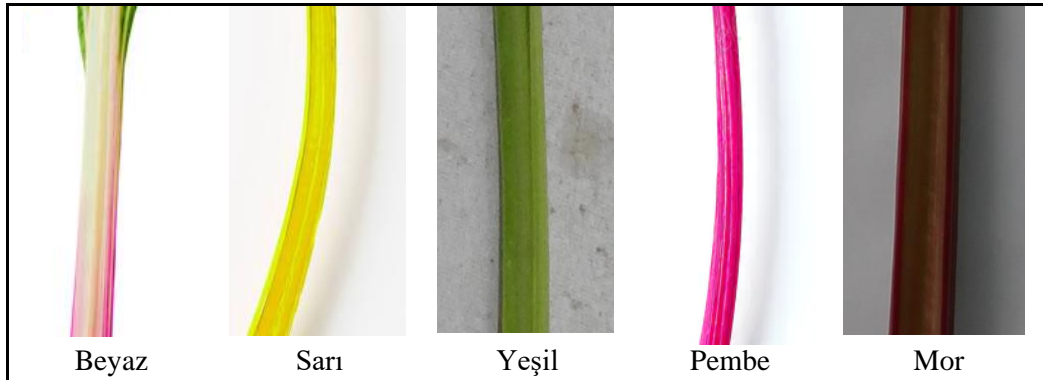
Şekil 3.15 UPOV Yaprak Sapı Genişliği Sınıfları

UPOV kriterlerine göre yaprak sapı iç kesit eğriliği yok veya çok zayıf, zayıf, orta ve güçlü olmak üzere dört sınıfta değerlendirilmiştir (Şekil 3.16).



Şekil 3.16 UPOV yaprak Sapı İç Kesit Eğriliği Sınıfları

Yaprak sapı rengi UPOV kriterlerine göre beyaz, sarı, yeşil, pembe ve mor olmak üzere beş sınıfta değerlendirilmiştir (Şekil 3.17).



Şekil 3.17 UPOV Yaprak Sapı Rengi Sınıfları

UPOV kriterlerine göre çiçeklenme başlangıç zamanı erken, orta ve geç olmak üzere üç sınıfta değerlendirilmiştir.

Sınıflandırma için UPOV kriterlerine göre değerlendirilen özellik bakımından ölçülen ve sayılan maksimum değerden minimum değer çıkarılmıştır. Elde edilen değer, değerlendirilen özelliğe ait sınıf sayısına bölünmüş ve sabit bir sayı belirlenmiştir. Sabit sayı ölçülen maksimum değerden çıkarılarak özelliğe ait sınıf sayısına göre değer aralıkları belirlenmiştir.

3.2.2 Genotiplerin Biyokimyasal Analizleri

3.2.2.1 Örneklerin Hazırlanması

Her bir genotipe ait deneme parselinden alınan pazı yaprakları, ilk olarak yaprak yüzeyindeki toz ve diğer kalıntıların temizlenmesi amacı ile musluk suyunda yıkanmıştır. Daha sonra örnekler tekrar saf su ile yıkanmış, paslanmaz mutfak bıçağı ile küçük parçalara ayrılmış ve elektrikli blenderi (Hamilton Beach, HBB250S, ABD) ile örnekler homojenat haline getirilmiştir. Yeterince yaprak örneği 50 ml'lik falkon tüpler içerisine yerleştirilmiş ve analizler yapılncaya kadar -18°C'de derin dondurucuda muhafaza edilmiştir.

Örnekler, analizlere başlamadan evvel oda koşullarında (22°C ve %80 oransal nem) çözünmesi için yaklaşık 3 saat bekletilmiştir. Daha sonra 2 g örnek 15 ml'lik falkon tüp içerisine alınmış ve üzerine 8 ml metanol eklenmiştir. Örnekler 2 gün süre ile 4 °C'de bekletilmiş ve akabinde örnekler 5 dakika süre ile 12.000 rpm devirde santrifüj (Hettich-Zentrifugen, Universal 320-R, Almanya) edilmiştir. Tüp içerisinden yeterince ekstrakt alınarak, toplam fenolik bileşikler, toplam flavonoid ve antioksidan aktiviteleri (DPPH ve FRAP testleri) analizleri yürütülmüştür. Çalışmada UV-vis 1700 spektrofotometre (Shimadzu, Japonya) cihazı kullanılmıştır (Şekil 3.18).



Şekil 3.18 UV-vis Spektrofotometre Cihazından Görünüm

3.2.2.2 Toplam Fenolik Bileşikler

Öztürk ve ark., (2019)'nın yürütmüş oldukları çalışmada ifade ettikleri yöntemle göre Folin-Ciocalteu's kimyasalı kullanılarak saptanmıştır. İlk olarak 600 µL pazı yaprak ekstraktı alınmış ve daha sonra ekstrakt üzerine 4.0 mL saf su eklenmiştir. Akabinde sırasıyla 100 µL Folin-Ciocalteu's ayırıcı ve %2 konsantrasyonda 300 µL sodyum karbonat (Na₂CO₃) ilave edilmiş ve 2 h oda koşullarında inkübasyona bırakılmıştır. İnkübasyondan sonra yeşilimsi bir renk alan çözeltinin UV-vis spektrofotometrede (Shimadzu, Japonya) 760 nm dalga boyunda okumaları yapılmış ve sonuçlar gallik asit cinsinden hesaplanarak, mg GAE 100 g⁻¹ taze ağırlık olarak ifade edilmiştir. Analizler 3 tekrarlı olarak gerçekleştirilmiş ve sonuçların ortalaması alınmıştır.

3.2.2.3 Toplam Flavonoid Analizi

Zhishen ve ark. (1999)'nın araştırmalarında ifade ettikleri yöntem modifiye edilerek belirlenmiştir. Hazırlanmış olan pazı ekstraktından 600 µL alınmış ve üzerine 3.7 mL metanol ilave edilmiş 4.3 mL'ye tamamlanmıştır. Daha sonra üzerine sırasıyla 100 µL %10'luk alüminyum nitrat [Al(NO₃)₃] ve 0.1 M amonyum asetat (NH₄CH₃CO₂) ilave edilerek çözelti 4.5 mL'ye tamamlanmış ve 40 dakika oda koşullarında karanlık ortamda bekletilmiştir. Örneklerde okumalar, UV-vis spektrofotometrede 415 nm'de yapılmıştır. Toplam flavonoid içeriği kuersetin'e eşdeğer (QE), mg QE 100 g⁻¹ taze örnek olarak sunulmuştur. Deneyler 3 tekrarlı olarak gerçekleştirilmiş ve sonuçların ortalaması alınmıştır.

3.2.2.4 Antioksidan Özelliklerin Belirlenmesi

Tez çalınmasında kullanılacak olan pazı genotiplerinin biyokimyasal özelliklerin belirlenmesi ve antioksidan içeriklerinin karşılatırılması için her bir pazı çeşidinin yaprak örnekleri antioksidan içerikleri analiz edildi.

DPPH antioksidan aktivitesi; Pazı yaprak örneklerinden elde edilen ekstraktın DPPH· serbest radikali giderme aktivitesi Blois (1958)'in metodu modifiye edilerek (Ozturk ve ark., 2019) tespit edilmiştir. Çalışmada, serbest radikal olarak DPPH· çözeltisi seçilmiştir. İlk olarak ekstrakttan, 500 µL alınmış ve üzerine 2.5 mL etanol ilave edilerek 3.0 mL'ye tamamlanmıştır. DPPH· serbest radikalının 0.1 mM etanol çözeltisinin 0.5 ml'lik miktarı, örneğin ekstraktı ve standart antioksidan çözeltisinin (50-500 µg/mL) toplam hacimleri 4 ml'ye tamamlanmıştır. Elde edilen çözelti, vorteks ile 1 dakika süre ile karıştırılmış ve 30 dakika oda koşullarında karanlık ortama konulmuştur. Daha sonra çözeltinin absorbansı UV-vis spektrofotometrede 517 nm'de okunmuştur. Elde edilen sonuçlar, mmol Trolox eşdeğer (TE) 100 g⁻¹ taze meyve cinsinden sunulmuştur. Yapılan tüm analizler 3 tekrarlı olarak gerçekleştirilmiş ve sonuçların ortalaması alınmıştır.

FRAP [Demir (III) indirgeme antioksidan gücü] antioksidan aktivitesi; FRAP analizi için Ozturk ve ark., (2019), ilk olarak fosfat tamponu (1.15 mL, 0.2 M, pH 6.7) hazırlanmış ve 100 µL pazı ekstrakt örneği üzerine potasyum ferrisiyanür (K₃Fe(CN)₆) (1.25 mL, %1) ile birlikte eklenmiştir. Daha sonra reaksiyon karışımı 50 °C'de 20 dakika süresince bekletildikten sonra oda sıcaklığına kadar soğutulmuştur. Akabinde trikloro asetik asit [TCA, (1.25 mL, %10)] ve demir klorit [FeCl₃ (0.25 mL, %0.1)] ilave edilmiş ve 1 dakika vorteks ile karıştırılmıştır. Son olarak, çözeltinin absorbansı UV-vis spektrofotometrede 700 nm'de okunmuştur. Elde edilen sonuçlar, mmol Trolox eşdeğer (TE) 100 g⁻¹ taze meyve cinsinden sunulmuştur. Yapılan tüm analizlerde 3 paralel tekrar yapılmış ve ortalama alınmıştır.

3.2.3 Genotiplerin Moleküler Karakterizasyonu

3.2.3.1 DNA İzolasyonu

DNA izolasyonu Haymes (1996)'nın geliştirdiği miniprep DNA izolasyon yöntemine göre gerçekleştirilmiştir.

Kullanılan Kimyasal ve Çözeltiler:

Çözelti A:

100 mM tris-HCl (pH8.0)
1.4 M NaCl
20 mM EDTA
%2 CTAB (hexadecyl-trimethyl-ammonium bromide)
%0.4 β -mercaptoethanol

Çözelti B:

240 ml kloroform
10 ml izoamil alkol

Çözelti C:

96 ml ETOH
4 ml 3 M NaAC (pH 5.2)

Çözelti D:

10 mM tris
1 mM EDTA (pH 8)

İzolasyon Protokolü:

1. Yaklaşık 100 mg (genç yapraklardan 3-4 tane) taze bitki yaprakları alınarak 1.5 ml eppendorf tüplere konulmuştur.
2. Örnekler mikro havaneli yardımcı ile tüplerin içerisinde iyice ezilmiştir.
3. Tüplere 500 μ l "A" çözeltisi eklenerek yavaşça iyi bir şekilde karıştırılmıştır.
4. Örnekler su banyosunda 30 dakika süreyle 65°C'de inkübasyona tabi tutulmuştur.
5. Tüplere 150 μ l "B" çözeltisi eklenerek karıştırılmıştır.
6. Örnekler 3 dk süreyle 14000 rpm devirde santrifüj edilmiştir.
7. Santrifüj işleminden sonra süpernatant sıvı temiz 1,5 ml'lik eppendorf tüplere aktarılmıştır.
8. Üzerine 600 μ l "C" çözeltisi eklenerek DNA çöktürülmüştür. Bu aşamada örnekler -20°C'de 2 saat tutularak daha fazla DNA elde edilmesi sağlanmıştır.
9. Örnekler 10000 rpm devirde 3 dk süre ile santrifüj edilmiş ve üstteki sıvı dökülerek DNA'nın tüplerin tabanında toplanması sağlanmıştır.
10. 300 μ l %70 ETOH eklenerek tekrar 3 dk süreyle santrifüj edilmiştir.
11. Üst sıvısı dökülen tüpler başaşağı oda sıcaklığında yaklaşık olarak 1 saat süreyle bekletilmiş ve üzerine 200 μ l "D" çözeltisi eklenip DNA çözüldürülmüştür.

3.2.3.2 SRAP Analizi

Çalışmada yer alan genotiplerin genetik olarak tanımlanması için moleküler yöntemlerden SRAP (Sequence Related Amplified Polymorphism) yöntemi kullanılmış ve 20 adet ileri ve 15 adet geri SRAP primer kombinasyonu test edilmiştir (Çizelge 3.4). Pazı genotipleri arasında polimorfizm gösteren primer çiftinin belirlenmesi amacı ile morfolojik olarak birbirlerinden farklı olduğu düşünülen 6 pazı genotipi kullanılmıştır. Buradan elde edilen polimorfik SRAP primer kombinasyonları denemeye konu tüm pazı genotiplerinin moleküler karakterizasyonunda kullanılmıştır.

Çizelge 3.4 Denemede Kullanılan SRAP Primerler

İleri Primeri (ME-)		Geri Primeri (EM-)	
ME01	TGAGTCCAAACCGGATA	EM02	GACTGCGTACGAATTTGC
ME02	TGAGTCCAAACCGGAGC	EM03	GACTGCGTACGAATTGAC
ME03	TGAGTCCAAACCGGAAT	EM04	GACTGCGTACGAATTGA
ME04	TGAGTCCAAACCGGACC	EM05	GACTGCGTACGAATTAAC
ME05	TGAGTCCAAACCGGAAG	EM06	GACTGCGTACGAATTGCA
ME06	TGAGTCCAAACCGGTAA	EM07	GACTGCGTACGAATTCAA
ME07	TGAGTCCAAACCGGTCC	EM08	GACTGCGTACGAATTCTG
ME09	TGAGTCCAAACCGGAGG	EM09	GACTGCGTACGAATTCAG
ME10	TGAGTCCAAACCGGAAA	EM10	GACTGCGTACGAATTTAG
ME12	TGAGTCCAAACCGGTAG	EM11	GACTGCGTACGAATTCCA
ME14	TGAGTCCAAACCGGTCT	EM12	GACTGCGTACGAATTCTT
ME16	TGAGTCCAAACCGGGCC	EM13	GACTGCGTACGAATTCTC
ME17	TGAGTCCAAACCGGGCG	EM14	GACTGCGTACGAATTTCG
ME18	TGAGTCCAAACCGGGCT	EM15	GACTGCGTACGAATTCTA
ME19	TGAGTCCAAACCGGGTA	EM16	GACTGCGTACGAATTCTG
ME21	TGAGTCCAAACCGGTCA		
ME23	TGAGTCCAAACCGGGGT		
ME24	TGAGTCCAAACCGGTTG		
ME25	TGAGTCCAAACCGGAGA		
ME26	TGAGTCCAAACCGGACT		

3.2.3.3 PCR

SRAP PCR çalışmaları Yıldız ve ark. (2011)'nin kavunda kullandıkları protokole göre yürütülmüştür. PCR reaksiyonları 7.5 µl PCR Master Mix (Dreamtaq Green Master Mix), 1 µl ileri primer (10 pmol), 1 µl geri primer (10 pmol), 3µl genomik DNA (10 ng/µl) ve 2.5 µl deiyonize su eklenerek toplam 15 µl hacimde gerçekleştirilmiştir. PCR analizleri Çizelge 3.5'de gösterilen reaksiyon koşullarına göre LongGene A300 cihazında gerçekleştirilmiştir.

Çizelge 3.5 PCR Koşulları

Sıcaklık	Süre		Döngü Sayısı
94°C	2 dak	Ön denatürasyon	1
94°C	60 s	denatürasyon	
35°C	60 s	yapışma	5
72°C	60 s	uzama	
94°C	60 s	denatürasyon	
50°C	60 s	yapışma	35
72°C	60 s	uzama	
72°C	5 dak	uzama	1

3.2.3.4 Gel Elektroforezi

Pazı genotiplerinin SRAP markırları karakterizasyonu için yürütülen PCR çalışmalarından elde edilen ürünler, içerisinde 1x TAE tampon çözeltisi (Tris + Asetik asit + EDTA) bulunan elektroforez tankında % 2'lik agaroz (FisherScientific) jelde 100 V ve 300 mA akımda koşturulmuştur. Agaroz jel üzerinde ayrılan bantların ağırlıklarının tahmini amacıyla 100 bp (baz çifti) marker DNA (ladder) kullanılmıştır. Elektroforez işleminden sonra jel 20 dakika süre ile ethidium bromide çözeltisinde bekletildikten sonra saf su ile yıkanarak UV transilluminatörde (INGENIUS, Syngene) görüntülenmiştir.

Verilerin Değerlendirilmesi:

Elektroforez sonucu oluşan her bir primer çifti için her genotipe ait bant profilleri binominal veri olarak (1/0) skorlanacaktır. Elde edilen veriler ışığında primerler tarafından taranan her bir lokustaki allel farklılıklarının belirlenmesi amacı ile primerlerin polimorfizm bilgi içeriği (PIC) aşağıdaki formül kullanılarak hesaplanmıştır.

Her bir primer çifti için her genotipe ait bant profilleri var (1) veya yok (0) şeklinde skorlanmıştır. Her bir SRAP primer kombinasyonunun oluşturdukları toplam bant sayıları, polimorfik bant sayıları belirlenmiştir. Primer kombinasyonlarının çalışmada kullanılan pazı hatlarını ayırmadaki başarısının göstergesi olan polimorfizm bilgi içeriği (PIC) aşağıdaki formül kullanılarak hesaplanmıştır.

$$PIC_j = 1 - \sum_{i=1}^n p_i^2$$

i= j'inci primerin i'inci alleli

$n = j$ 'inci primerin allel sayısı

p = allel frekansı

3.2.4 İstatistiksel Analiz

Morfolojik özelliklere ait verilerin istatistiksel olarak değerlendirilmesi amacı ile Past 3 ve NTSYS pc paket programları kullanılmıştır. Past 3 programı ile temel bileşen analizi yapılarak incelenen morfolojik özelliklerin pazı genotipleri arasındaki varyasyona katkıları belirlenmiştir. NTSYS pc programında da morfolojik özellikler bazında kümeleme analizi yapılarak pazı çeşit ve genotipleri arasındaki genetik benzerlikler ortaya konulmuştur. Biyokimyasal içeriklere ait veriler JMP v.10.0 da analiz edilerek incelenen tüm genotip ve çeşitlere ait minimum, maksimum, standart sapma ve varyasyon katsayısı değerleri belirlenmiştir.

Orta ve Doğu Karadeniz bölgesinden toplanan pazı genotiplerinin SRAP markırları yardımıyla genetik benzerliklerinin ortaya konması amacıyla NTSYS pc paket programı (Rholf, 1993) kullanılmıştır. Bu amaca yönelik olarak Jackard benzerlik indeksine göre DICE (Dice, 1943) modülünde UPGMA (unweighted-pair group method with arithmetic average) metodu kullanılarak kümeleme analizi yapılmış ve korelasyon matrisi oluşturulmuştur.

4. BULGULAR ve TARTIŞMA

Pazı genotipleri belirlemek amacıyla Doğu Karadeniz bölgesinden toplanan 45 pazı genotipi ve 2 ticari çeşidin (toplam 47 genotip ve çeşit) UPOV tanımlama kriterlerine göre morfolojik karakterizasyonları yapılmıştır.

4.1 Morfolojik Karakterizasyon Çalışmalarına Ait Bulgular

Doğu Karadeniz bölgesinden toplanan genotiplerinin morfolojik özelliklerini karşılaştırmak amacıyla UPOV tanımlama kriterleri baz alınarak toplam 16 özellik bakımından morfolojik olarak tanımlanmıştır. Genotiplerin yaprakları ve bitki gelişimi üzerinde yapılan ölçüm ve gözlemler alt başlıklar halinde aşağıda verilmiştir.

Toplanan edilen pazı genotiplerine ait UPOV kriterlerine göre ölçümler gelişimini tamamlamış bitkilerde yapılmıştır. Gelişimini tamamlamış yapraklarda fide antosiyanin renklenmesi yoğunluğu (FARY), yaprak uzunluğu (YU), yaprak duruş pozisyonu (YDP), yaprak ayası uzunluğu (YAU), yaprak ayası genişliği (YAG), yaprak ayası yeşil rengin yoğunluğu (YYY), yaprak ayası kenar şekillenmesi (YKŞ), yaprak ayası parlaklığı (YAP), yaprak ayası kabarcıklanma durumu (YAK), yaprak ayası antosiyanin renklenmesi (YAAR), yaprak ayası antosiyanin renklenmesi yoğunluğu (YAAY), yaprak sapı uzunluğu (YSU), yaprak sapı genişliği (YSG), yaprak sapı iç kesit eğriliği (YSKE), yaprak sapı rengi (YSR) ve çiçeklenme başlangıç zamanı (ÇBZ) gibi fenotipik ölçüm ve gözlemlere ait bulgular Çizelge 4.1 ve Çizelge 4.2'de verilmiştir. Çizelge 4.1'de de görüldüğü gibi denemenin her iki yılında bazı özellikler yönünden genotiplerin farklılık gösterdiği anlaşılmaktadır. İncelenen tüm özelliklerde az ya da çok farklılıklar gözlenmekle birlikte yaprak duruş pozisyonu, yaprak ayasında antosiyanin renklenmesi, yaprak kenar şekillenmesi, yaprak ayası parlaklığı, yaprak ayasında kabarcıklanma, yaprak sapı iç kesit eğriliği ve yaprak sapı rengi özelliklerinde her iki yılda da benzer özelliklerin kaydedildiği görülmüştür. Aşağıda incelenen bu özellikler ayrıntılı olarak verilmiştir. Çizelge 4.2'de ise denemenin her iki yılında da bir tekrarda bulunan bitkilerin çoğunluğunun gösterdiği özellik o genotipin UPOV kriterlerine göre taşıdığı özellik olarak kaydedilmiştir.

Çizelge 4.1 Pazı Çeşit ve Genotiplerinin Fenotipik Özellikler Bakımından Sınıflandırılması

İncelenen Özellikler	Sınıflar	Genotip Sayısı (adet)	
		2017 yılı	2018 yılı
Fide: Antosiyanin Renklenmesi Yoğunluğu	Zayıf	21	23
	Orta	14	16
	Güçlü	12	8
Yaprak: Uzunluk	Kısa	10	21
	Orta	23	26
	Uzun	14	0
Yaprak: Pozisyonu	Dik	15	15
	Yarı Dik	29	29
	Yatık	3	3
Yaprak Ayası: Uzunluk	Kısa	5	17
	Orta	25	28
	Uzun	17	2
Yaprak Ayası: Genişlik	Dar	4	6
	Orta	18	32
	Geniş	25	9
Yaprak ayası: Yeşil Rengin Yoğunluğu	Çok açık	1	0
	Açık	16	8
	Orta	9	16
	Koyu	18	20
	Çok koyu	3	3
Yaprak ayası: Kenar Şekillenmesi	Yok veya çok zayıf	10	10
	Zayıf	26	29
	Orta	11	8
Yaprak Ayası: Parlaklık	Güçlü	0	0
	Zayıf	15	13
	Orta	24	26
Yaprak ayası: Kabarcıklanma	Güçlü	8	8
	Zayıf	11	13
	Orta	26	21
Yaprak ayası: Antosiyanin Renklenmesi	Yok	36	36
	Var	11	11
Yaprak ayası: Antosiyanin Renklenmesi Yoğunluğu	Zayıf	31	30
	Orta	8	9
	Güçlü	8	8
Yaprak Sapı: Uzunluk	Çok kısa	7	9
	Kısa	9	12
	Orta	12	10
	Uzun	11	16
	Çok uzun	8	0
Yaprak Sapı: Genişlik	Çok dar	14	4
	Dar	14	15
	Orta	13	23
	Geniş	5	4
	Çok geniş	1	1
Yaprak Sapı: İç Kesit Eğriliği	Yok veya çok zayıf	0	0
	Zayıf	8	12
	Orta	30	28
Yaprak sapı: Renk	Güçlü	9	7
	Beyaz	0	0
	Sarı	0	0
	Yeşil	35	33
Çiçeklenme Başlangıç Zamanı	Pembe	0	0
	Mor	12	14
	Erken	6	3
	Orta	30	29
	Geç	11	15

Çizelge 4.2 Toplanan Pazı Genotiplerinin Fenotipik Özelliklerine Ait Bulgular

GENOTİPLER	FARY	YU	YDP	YAU	YAG	YYY	YKŞ	YAP
G01	Güçlü	Uzun	Dik	Orta	Orta	Koyu	Zayıf	Orta
G02	Zayıf	Kısa	Yarı Dik	Orta	Orta	Orta	Zayıf	Güçlü
G03	Güçlü	Orta	Yatık	Orta	Orta	Orta	Zayıf	Orta
G04	Orta	Uzun	Yarı Dik	Orta	Orta	Orta	Zayıf	Orta
G05	Orta	Orta	Yarı Dik	Orta	Geniş	Koyu	Zayıf	Orta
G06	Güçlü	Kısa	Yatık	Orta	Geniş	Çok Koyu	Zayıf	Orta
G07	Zayıf	Orta	Yarı Dik	Uzun	Geniş	Koyu	Orta	Orta
G08	Zayıf	Kısa	Dik	Kısa	Orta	Açık	Zayıf	Zayıf
G09	Zayıf	Uzun	Yarı Dik	Orta	Orta	Açık	Orta	Güçlü
G10	Orta	Orta	Yarı Dik	Orta	Geniş	Koyu	Orta	Orta
G11	Orta	Orta	Dik	Orta	Orta	Açık	Zayıf	Zayıf
G12	Zayıf	Orta	Yarı Dik	Orta	Orta	Orta	Zayıf	Orta
G13	Güçlü	Kısa	Dik	Orta	Orta	Koyu	Zayıf	Orta
G14	Zayıf	Orta	Yarı Dik	Orta	Geniş	Orta	Zayıf	Orta
G15	Zayıf	Orta	Dik	Uzun	Geniş	Orta	Zayıf	Orta
G16	Zayıf	Kısa	Dik	Kısa	Dar	Açık	Yok/Çok az	Orta
G17	Zayıf	Kısa	Dik	Kısa	Dar	Orta	Yok/Çok az	Zayıf
G18	Güçlü	Kısa	Dik	Kısa	Orta	Koyu	Orta	Orta
G19	Orta	Orta	Yarı Dik	Orta	Orta	Çok Koyu	Zayıf	Zayıf
G20	Orta	Kısa	Dik	Kısa	Orta	Orta	Zayıf	Zayıf
G21	Orta	Orta	Yarı Dik	Orta	Orta	Koyu	Zayıf	Orta
G22	Orta	Orta	Yarı Dik	Uzun	Geniş	Koyu	Orta	Orta Güçlü
G23	Güçlü	Orta	Yarı Dik	Orta	Orta	Koyu	Zayıf	Zayıf
G24	Zayıf	Kısa	Dik	Orta	Dar	Orta	Yok/Çok az	Orta
G25	Orta	Orta	Yarı Dik	Orta	Orta	Açık	Orta	Güçlü
G26	Zayıf	Orta	Yarı Dik	Orta	Orta	Açık	Yok/Çok az	Zayıf
G27	Orta	Orta	Yarı Dik	Kısa	Orta	Açık	Yok/Çok az	Zayıf
G28	Zayıf	Uzun	Yarı Dik	Uzun	Geniş	Orta	Zayıf	Orta
G29	Orta	Orta	Yarı Dik	Orta	Geniş	Koyu	Zayıf	Orta
G30	Güçlü	Uzun	Yarı Dik	Uzun	Geniş	Koyu	Zayıf	Güçlü
G31	Güçlü	Orta	Yarı Dik	Orta	Orta	Açık	Zayıf	Zayıf
G32	Güçlü	Orta	Yarı Dik	Orta	Geniş	Koyu	Zayıf	Güçlü
G33	Güçlü	Uzun	Yarı Dik	Orta	Geniş	Koyu	Yok/Çok az	Orta
G34	Zayıf	Orta	Yarı Dik	Uzun	Geniş	Açık	Yok/Çok az	Zayıf
G35	Zayıf	Orta	Dik	Orta	Orta	Orta	Zayıf	Zayıf
G36	Zayıf	Orta	Yatık	Uzun	Geniş	Koyu	Zayıf	Orta
G37	Zayıf	Orta	Dik	Uzun	Orta	Koyu	Zayıf	Zayıf
G38	Zayıf	Orta	Yarı Dik	Orta	Geniş	Açık	Zayıf	Zayıf
G39	Zayıf	Orta	Dik	Uzun	Orta	Orta	Orta	Zayıf
G40	Orta	Orta	Yarı Dik	Orta	Orta	Koyu	Yok/Çok az	Orta
G41	Zayıf	Uzun	Yarı Dik	Uzun	Geniş	Orta Açık	Zayıf	Güçlü
G42	Zayıf	Uzun	Yarı Dik	Uzun	Geniş	Açık	Yok/Çok az	Orta
G43	Zayıf	Orta	Yarı Dik	Orta	Geniş	Orta	Zayıf	Zayıf
G44	Zayıf	Uzun	Yarı Dik	Orta	Orta	Çok koyu	Orta	Güçlü
G45	Orta	Uzun	Dik	Orta	Orta	Koyu	Orta	Güçlü
G46	Güçlü	Kısa	Dik	Kısa	Dar	Koyu	Zayıf	Orta
G47	Güçlü	Uzun	Yarı Dik	Orta	Orta	Koyu	Zayıf	Orta

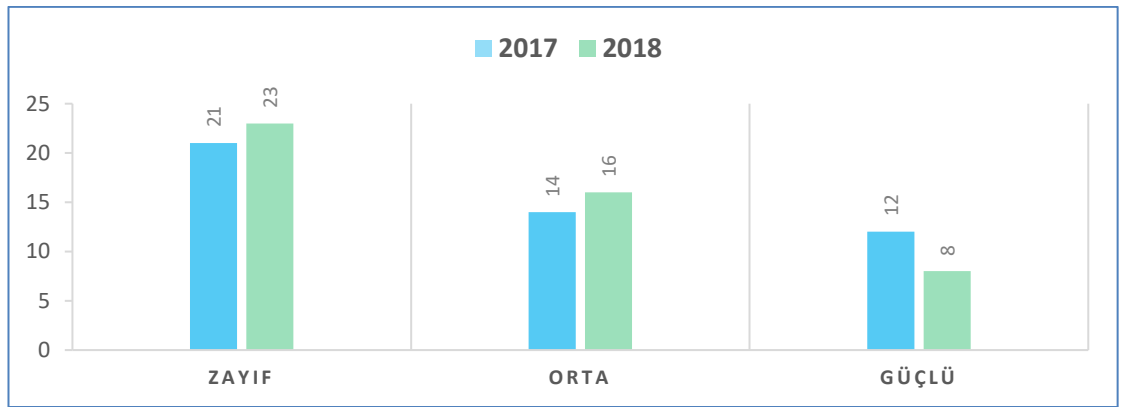
Çizelge 4.2 Toplanan Pazı Genotiplerinin Fenotipik Özelliklerine Ait Bulgular (Devamı)

GENOTİPLER	YAK	YAAR	YAAY	YAU	YAG	YSKE	YSR	ÇBZ
G01	Orta	Var	Orta	Uzun	Dar	Orta	Mor	Orta
G02	Orta	Yok	Zayıf	Kısa	Geniş	Orta	Yeşil	Orta
G03	Orta	Var	Güçlü	Orta	Dar	Orta	Yeşil	Orta
G04	Orta	Var	Orta	Uzun	Çok Dar	Orta	Yeşil	Orta
G05	Güçlü	Yok	Orta	Uzun	Dar	Zayıf	Yeşil	Orta
G06	Güçlü	Var	Güçlü	Çok Kısa	Geniş	Orta	Mor	Geç
G07	Güçlü	Yok	Zayıf	Uzun	Orta	Zayıf	Yeşil	Orta
G08	Zayıf	Yok	Zayıf	Çok Kısa	Dar	Zayıf	Yeşil	Erken
G09	Güçlü	Yok	Zayıf	Uzun	Orta	Güçlü	Yeşil	Geç
G10	Orta	Yok	Zayıf	Orta	Orta	Güçlü	Yeşil	Geç
G11	Zayıf	Yok	Zayıf	Kısa	Çok Dar	Orta	Yeşil	Orta
G12	Orta	Yok	Zayıf	Orta	Dar Orta	Orta	Yeşil	Orta
G13	Güçlü	Var	Güçlü	Orta	Dar Orta	Orta	Mor	Orta
G14	Orta	Yok	Orta	Orta	Orta	Orta	Yeşil	Orta
G15	Orta	Yok	Zayıf	Orta	Orta	Orta	Yeşil	Orta
G16	Orta	Yok	Zayıf	Çok Kısa	Dar	Orta	Yeşil	Geç
G17	Zayıf	Yok	Zayıf	Çok Kısa	Dar	Zayıf	Yeşil	Erken
G18	Orta	Var	Güçlü	Kısa	Orta	Orta	Mor	Orta
G19	Orta	Yok	Zayıf	Orta	Çok Dar	Orta	Yeşil	Orta
G20	Orta	Yok	Orta	Orta	Orta	Orta	Mor	Orta
G21	Orta	Yok	Zayıf	Uzun	Çok Dar	Zayıf	Mor	Orta
G22	Orta Güçlü	Yok	Zayıf	Kısa	Dar	Orta	Yeşil	Orta
G23	Orta	Var	Orta	Orta	Çok Dar	Zayıf	Mor	Erken
G24	Zayıf	Yok	Zayıf	Kısa	Çok Dar	Orta	Yeşil	Erken
G25	Güçlü	Yok	Zayıf	Kısa	Geniş	Orta	Mor	Geç
G26	Orta	Yok	Zayıf	Kısa	Orta	Orta	Yeşil	Orta
G27	Orta	Yok	Orta	Orta	Çok Dar	Güçlü	Mor	Orta
G28	Orta	Yok	Zayıf	Çok Uzun	Orta	Orta	Yeşil	Orta
G29	Orta	Yok	Zayıf	Orta	Çok Dar	Zayıf	Yeşil	Orta
G30	Güçlü	Var	Güçlü	Uzun	Dar	Orta	Yeşil	Orta
G31	Orta	Yok	Güçlü	Çok Uzun	Çok Dar	Orta	Mor	Orta
G32	Güçlü	Yok	Zayıf	Orta Uzun	Orta	Güçlü	Yeşil	Orta
G33	Orta	Var	Güçlü	Orta	Dar	Orta	Mor	Geç
G34	Güçlü	Yok	Zayıf	Uzun	Dar	Orta	Yeşil	Orta
G35	Zayıf	Yok	Zayıf	Uzun	Dar	Orta	Yeşil	Orta
G36	Orta	Yok	Zayıf	Çok Kısa	Çok Geniş	Güçlü	Yeşil	Geç
G37	Orta	Yok	Zayıf	Çok Kısa	Dar	Orta	Yeşil	Orta
G38	Zayıf	Yok	Zayıf	Uzun	Çok Dar	Orta	Yeşil	Orta
G39	Zayıf	Var	Zayıf	Kısa	Dar	Orta	Yeşil	Orta
G40	Güçlü	Yok	Orta	Uzun	Dar	Orta	Yeşil	Orta
G41	Güçlü	Yok	Zayıf	Uzun	Dar	Orta	Yeşil	Orta
G42	Orta	Yok	Zayıf	Uzun	Çok Dar	Orta	Yeşil	Orta
G43	Zayıf	Yok	Zayıf	Orta	Orta	Orta	Yeşil	Orta
G44	Orta	Yok	Zayıf	Orta	Geniş	Orta	Yeşil	Geç
G45	Güçlü	Yok	Zayıf	Uzun	Orta	Güçlü	Yeşil	Geç
G46	Güçlü	Var	Güçlü	Kısa	Çok Dar	Zayıf	Mor	Geç
G47	Orta	Var	Güçlü	Orta	Orta	Orta	Mor	Geç

4.1.1 Fide Antosiyanin Renklenmesi Yoğunluğu

Genotipler arasında fide antosiyanin renklenmesi yoğunluğu bakımından farklılık bulunduğu ve bu anlamda 22 genotipin fide antosiyanin renklenmesinin yoğunluğu çok az olduğu, 13 genotipin orta antosiyanin renklenmesi gösterdiği ve 12 genotipin yüksek antosiyanin renklenmesine sahip olduğu tespit edilmiştir. Buna göre, genotiplerin %48.9'unda fide antosiyanin renklenmesi yoğunluğunun olmadığı, genotiplerin %25.5'inde orta fide antosiyanin renklenmesi yoğunluğu ve %21.3'ünde ise güçlü fide antosiyanin renklenmesi yoğunluğu olduğu gözlenmiştir (Çizelge 4.2).

Denemenin her iki yılında da fide antosiyanin renklenmesi bakımından pazı genotiplerinin büyük çoğunluğunun zayıf düzeyde antosiyanin renklenmesi gösterdiği tespit edilmiştir (Şekil 4.1). 2017 yılında 21 genotip zayıf yoğunlukta renklenme gösterirken 2018 yılında bu sayı 23 olmuştur. Yine denemenin her iki yılında da orta ve güçlü yoğunlukta antosiyanin renklenmesi gösteren genotip sayısı sırasıyla 14 ve 12 olurken, 2017 yılında güçlü renklenme gösteren genotip sayısı 2018 yılına göre daha yüksek çıkmıştır.

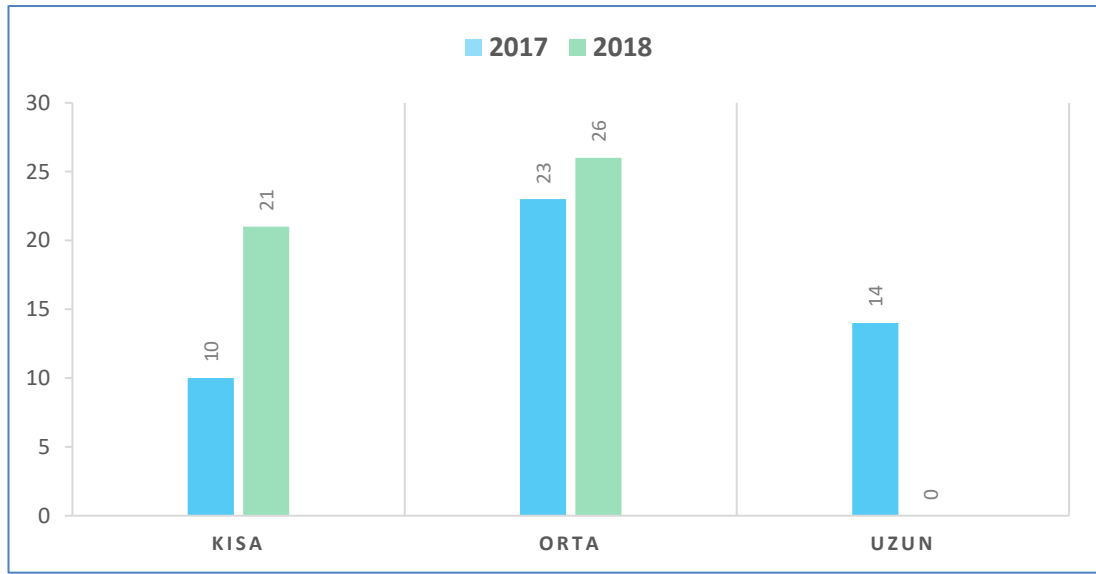


Şekil 4.1 2017 ve 2018 Yılı Denemlerinde Pazı Genotiplerinin Fide Antosiyanin Renklenmesi Yoğunluğu Dağılımı

4.1.2 Yaprak Uzunluğu

Yaprak uzunluğunu belirlemek için 47 pazı genotiplerinde yapılan morfolojik gözlemler sonucu 14 genotipin kısa, 26 genotipin orta uzunlukta ve 7 genotipin de uzun yaprağa sahip olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.2). Yaprak uzunluğu bakımından genotiplerde farklılıkların olduğu belirlenmiştir. Yetiştirdiğimiz genotiplerin %29.7'sinde kısa yaprak uzunluğuna sahip olduğu, genotiplerin %55.3'ünde orta yaprak uzunluğu ve %14.9'unda ise uzun yapraklı olduğu tespit edilmiştir.

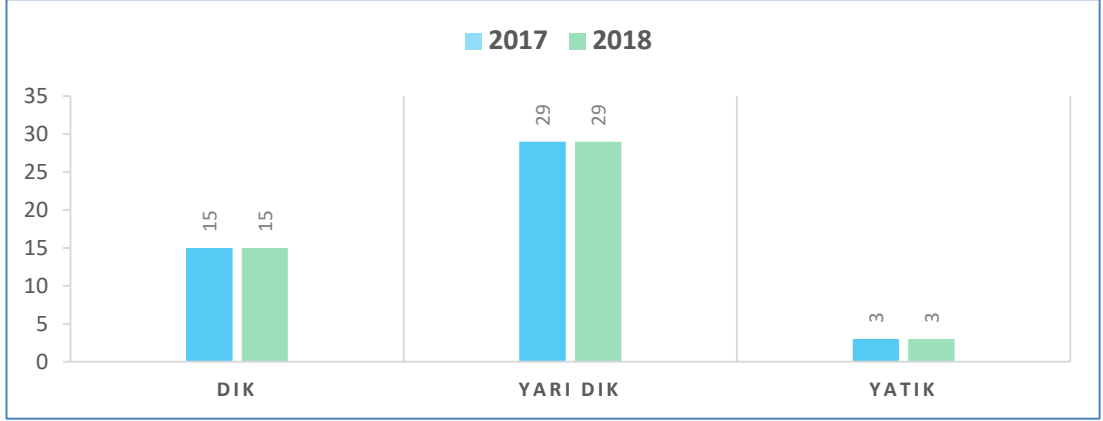
Denemenin ilk yılında uzun yaprak özelliği gösteren genotip sayısı yüksek çıkarken ikinci yılda uzun yapraklı genotip gözlenmemiştir. Bu durum çeşitli nedenlerden kaynaklanabilmektedir. Fenotipik özelliklerin ekolojik koşullardan yüksek derecede etkilenmiş olabileceği, akla en yakın gelen düşüncedir. Bununla birlikte yabacı tozlanan türlerde kendileme depresyonu da önemli etkenlerden biri olarak düşünülebilir. Nitekim yapılan çalışmalarda yaprak uzunluğu gibi fenotipik özelliklerin kendileme depresyonu nedeniyle ilerleyen generasyonlarda değişime uğradığı bildirmiştir (Hecker, 1972).



Şekil 4.2 2017 ve 2018 Yılı Denemlerinde Pazı Genotiplerinin Yaprak Uzunluğu Dağılımı

4.1.3 Yaprak Duruş Pozisyonu

Çizelge 4.2’de popülasyon yaprak duruş pozisyonuna göre değerlendirilmiştir. Yetiştirilen 47 pazı genotiplerinde yapılan morfolojik gözlemler sonucu bitki yaprak duruş pozisyonu özellikleri incelendiğinde, 3 genotipin yatık, 29 genotipin yarı dik ve 15 genotipin dik gelişim özelliğine sahip olduğu gözlemler sonucu tespit edilmiştir. Yaprak duruş pozisyonu değerlendirilen genotiplerin %6.4’nün yatık, %61.7’sinin yarı dik ve %31.9’unda dik özellikte olduğu belirlenmiştir. Yetiştiricilik dönemleri karşılaştırıldığında yaprak duruş pozisyonu dağılımında genotip sayılarında bir önceki yetiştiricilik yılına göre değişiklik gözlenmemiştir (Şekil 4.3).

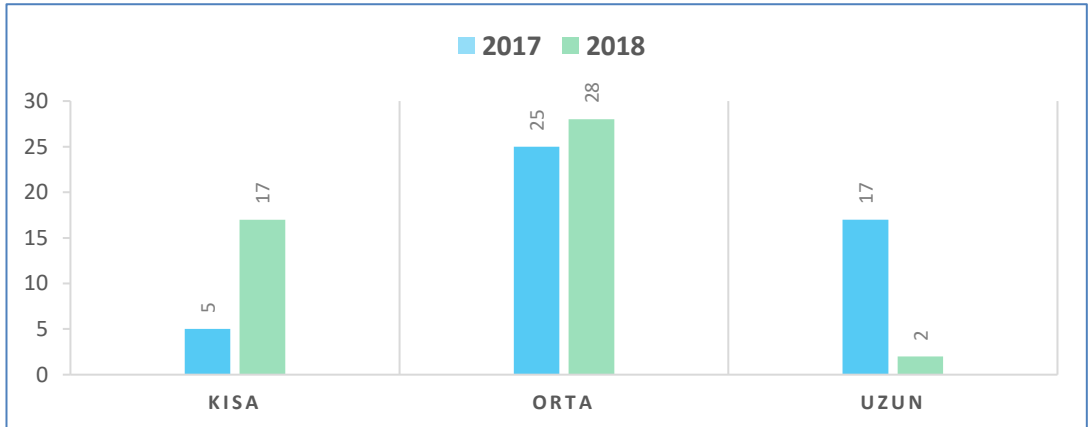


Şekil 4.3 2017 ve 2018 Yılı Denemlerinde Yaprak Duruş Pozisyonu Dağılımı

4.1.4 Yaprak Ayası Uzunluğu

Denemede kendilenerek yetiştirilen 47 pazı genotiplerinde yapılan morfolojik gözlemler sonucu yaprak ayası uzunluğunda farklılık bulunduğu ve bu anlamda 7 genotipin kısa 29 genotipin orta uzunlukta ve 11 genotipin de uzun yaprak ayasına sahip olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.2). Buna göre, genotiplerin %14.9'ünde kısa yaprak ayası uzunluğuna sahip olduğu, genotiplerin %61.7'sinde orta yaprak ayası uzunluğu ve %23.4'ünde ise uzun yaprak ayasına sahip olduğu tespit edilmiştir.

Birbirini izleyen iki yetiştiricilik yılı değerlendirildiğinde yaprak ayası özelliği bakımından birinci yıl 17 genotipin uzun yaprak özelliği gösterdiği, ikinci yıl 2 genotipin uzun yaprak özelliği gösterdiği tespit edilmiştir (Şekil 4.4). Araştırmanın her iki yılında (2017 ve 2018), aynı yetiştirme koşullarında elde edilen yaprak ayası uzunluğu verileri arasında önemli düşüşler yaşanmıştır. Bu durum farklı araştırmacılar tarafından (Hecker, 1972; Gaspar ve ark., 2002) yürütülen çalışmalarda da gözlemlenmiştir.



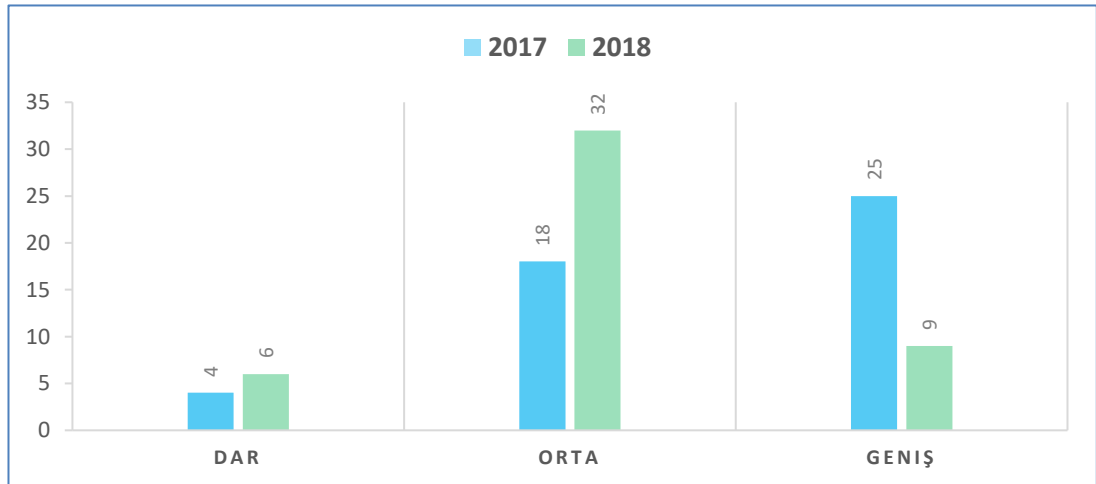
Şekil 4.4 2017 ve 2018 Yılı Denemlerinde Yaprak Ayası Uzunluğu Dağılımı

Denemede genotiplerin yaprak ayası uzunluğu değerleri ortalama 8.30 cm ile 22.30 cm arasında ölçülmüştür. Eşiyok ve ark., (2011) yapmış oldukları çalışmada ortalama yaprak ayası uzunluk değerlerinin 11.88 cm ile 27.56 cm arasında değiştiğini bildirmiştir. Yapmış olduğumuz çalışmada elde edilen yaprak ayası değerleri ile önceki çalışmalardan elde edilen değerlerin paralellik gösterdiği tespit edilmiştir.

4.1.5 Yaprak Ayası Genişliği

İki yetiştiricilik sezonu boyunca kendilenerek yetiştirilen 47 pazı genotipinde yapılan morfolojik gözlemler sonucu bu özelliğe göre oluşturduğumuz sınıflandırmada 6 genotipin dar, 32 genotipin orta ve 9 genotipin de uzun yaprak ayası genişliğine sahip olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.2). Buna göre, genotiplerin %12.8'inde dar yaprak ayası genişliğine, %68.1'inde orta yaprak ayası genişliğine ve %19.1'inde ise uzun yaprak ayası genişliğine sahip olduğu tespit edilmiştir.

İki yetiştiricilik yılı (2017) değerlendirildiğinde birinci yıl toplam 25 genotip uzun özellik gösterirken ikinci yıl 9 genotip uzun özellik göstermiştir. Yaprak ayası genişliği birinci yetiştiricilik dönemine kıyasla ikinci yetiştiricilik döneminde daha kısa çıkmıştır (Şekil 4.5). Buna göre gerek bu tez çalışmasından elde edilen iki yıllık veriler, gerekse diğer literatür kaynaklarından elde edilen veriler ışığında, pazının farklı çevre koşullarına göre morfolojik özelliklerinde ciddi değişimler yaşanabileceği düşünülmektedir.

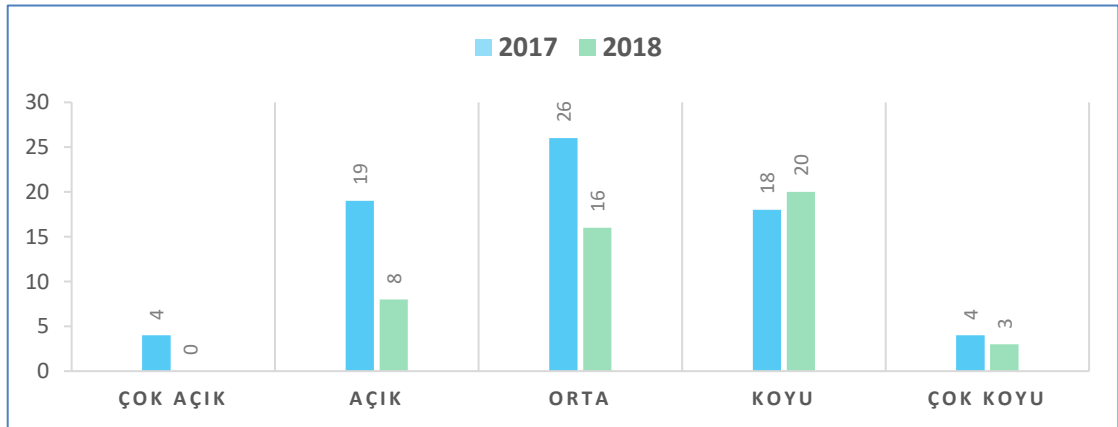


Şekil 4.5 2017 ve 2018 Yılı Denemlerinde Yaprak Ayası Genişliği Dağılımı

4.1.6 Yaprak Ayası Yeşil Rengin Yoğunluğu

UPOV kriterlerine göre yaprak ayası yeşil rengin yoğunluğu olan genotipler ile olmayan genotipleri ayırt etmek için bitkini olgunlaştığı dönemde genotipler değerlendirilmiştir. Yapılan sınıflandırmada 8 genotipte yaprak ayası yeşil rengin yoğunluğu açık olduğu, 16 genotipte orta orta yaprak ayası yeşil rengin yoğunluğu gösterdiği 20 genotipte koyu yaprak ayası yeşil rengin yoğunluğu ve 3 genotipte çok koyu yaprak ayası yeşil rengin yoğunluğu olduğu tespit edilmiştir. Buna göre, genotiplerin %21.6'sinde yaprak ayası yeşil rengin yoğunluğu olmadığı, genotiplerin %34'ünde orta yaprak ayası yeşil rengin yoğunluğu, genotiplerin %42.6'sında koyu yaprak ayası yeşil rengin yoğunluğu ve %6.4'ünde ise çok koyu yaprak ayası yeşil rengin yoğunluğu olduğu gözlenmiştir (Çizelge 4.2).

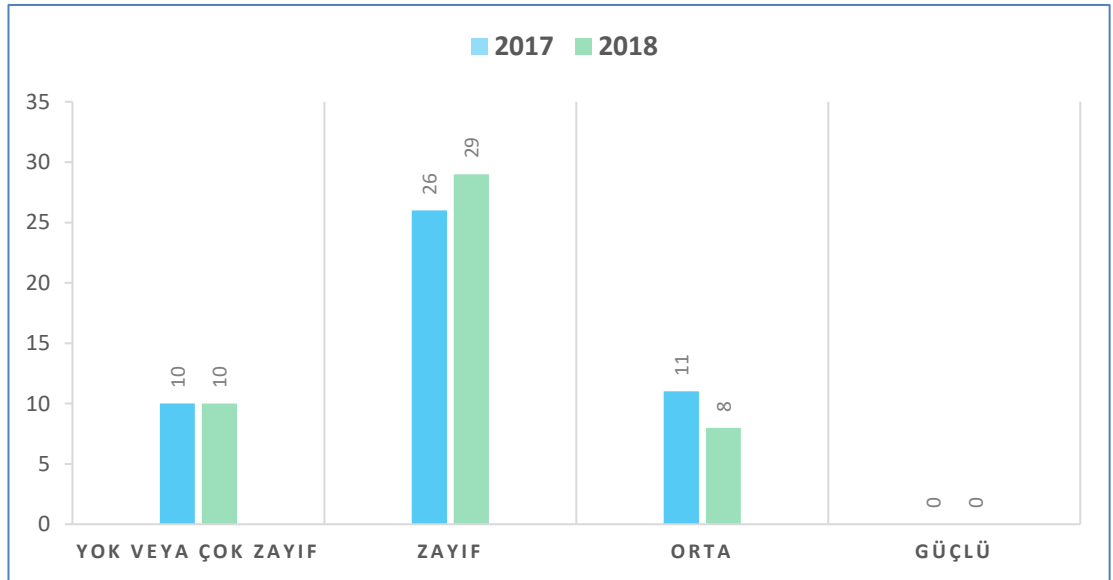
İki yetiştiricilik yılı karşılaştırıldığında genotiplerin yaprak ayası yeşil rengin yoğunluğu sayıları farklılık göstermiştir. Genotiplerin büyük çoğunluğu her iki yetiştiricilik yılında orta ve koyu yaprak ayası yoğunluğu sınıfında yer almıştır. 2017 yılında 19 genotip açık renk sınıfında yer alırken, 2018 yılında 8 genotip açık renk sınıfında yer almıştır. Birinci yetiştiricilik yılında orta sınıfta yer alan genotip sayısı 26 olurken ikinci yetiştiricilik yılında genotip sayısı 16 olmuştur. Bu iki özellik açısından genotip sayılarında belirgin farklılıklar meydana gelmiştir. Andrello ve ark., (2017) yapmış oldukları çalışmada, türler arasında güçlü farklılaşmanın coğrafyadan kaynaklı oluşan genetik yapının çevresel değişkenler ile bağlantılı olarak türler arasındaki farklılıklara neden olabileceğini bildirmiş, çalışmada tespit edilen farklı renk yoğunluklarının genetik yapıyla ilgili olduğu düşünülmektedir (Şekil 4.6).



Şekil 4.6 2017 ve 2018 Yılı Denemlerinde Yaprak Ayası Yeşil Rengin Yoğunluğu Dağılımı

4.1.7 Yaprak Ayası Kenar Şekillenmesi

UPOV kriterlerine göre yaprak ayası kenar şekillenmesi yok veya çok zayıf, zayıf, orta ve güçlü olarak üç sınıfta değerlendirilmiştir. İki yetiştiricilik sezonu boyunca kendilenererek yetiştirilen 47 pazı genotiplerinde yapılan morfolojik gözlemlerde, yaprak ayası kenar şekillenmesinin 9 genotipte yok veya çok zayıf, 29 genotipte zayıf, 9 genotipte orta olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.2). Buna göre, genotiplerin %19.1’inde yaprak ayası kenar şekillenmesinin olmadığı, genotiplerin %61.8’inde zayıf yaprak ayası kenar şekillenmesinin tespit edildiği, genotiplerin %19.1’inde orta yaprak ayası kenar şekillenmesinin olduğu gözlenmiştir (Şekil 4.7). Araştırmada değerlendirilen 47 genotipte, yaprak ayası kenar şekillenmesi durumu incelendiğinde, her iki ölçüm yılında da büyük oranda “zayıf” kenar şekillenmesi tespit edilmiştir.

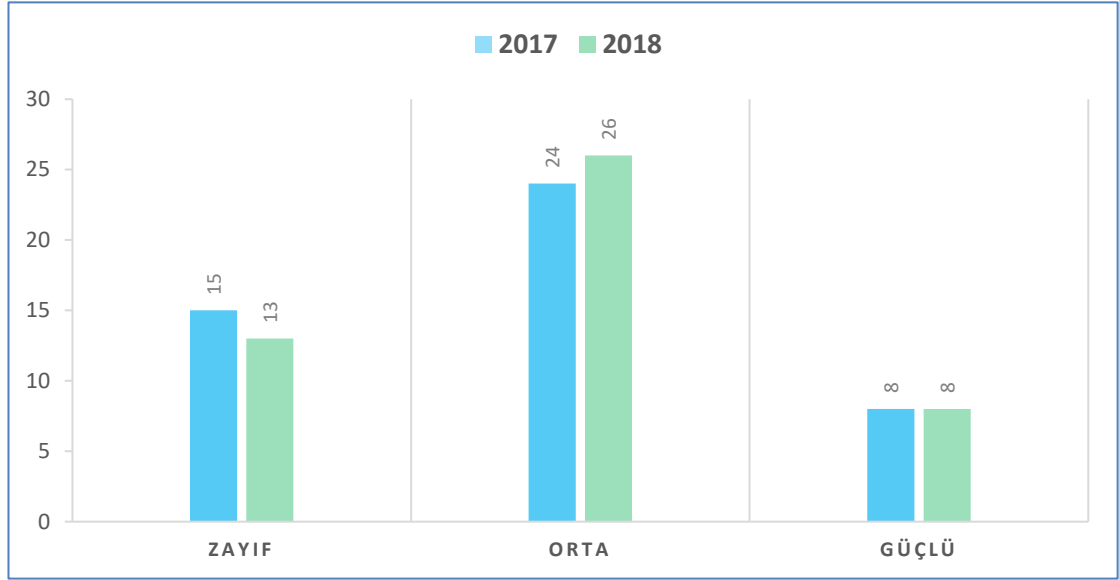


Şekil 4.7 2017 ve 2018 Yılı Denemlerinde Yaprak Ayası Kenar Şekillenmesi Dağılımı

4.1.8 Yaprak Ayası Parlaklığı

UPOV kriterlerine göre yaprak ayası parlaklığı zayıf, orta ve güçlü olarak üç sınıfta değerlendirilmiştir. İki yetiştiricilik sezonu boyunca kendilenererek yetiştirilen 47 pazı genotipinde yapılan morfolojik gözlemler sonucu 15 genotipin zayıf, 25 genotipin orta, 7 genotipin güçlü yaprak ayası parlaklığına sahip olduğu gözlemlenmiştir (Çizelge 4.2). Buna göre, genotiplerin %31.9’unda zayıf yaprak ayası parlaklığı, genotiplerin %53.2’sinde orta yaprak ayası parlaklığı, genotiplerin %14.9’unda güçlü yaprak ayası parlaklığı olduğu gözlenmiştir.

Denemenin her iki yılında da yaprak ayası parlaklığı bakımından pazı genotiplerinin büyük çoğunluğunun zayıf ve orta düzeyde yaprak ayası parlaklığı gösterdiği tespit edilmiştir (Şekil 4.8). 2017 yılında 15 genotip zayıf parlaklık gösterirken, 2018 yılında bu sayı 13 olmuştur. 2017 yılında orta parlaklık gösteren genotip sayısı 2018 yılına göre daha az çıkmıştır.

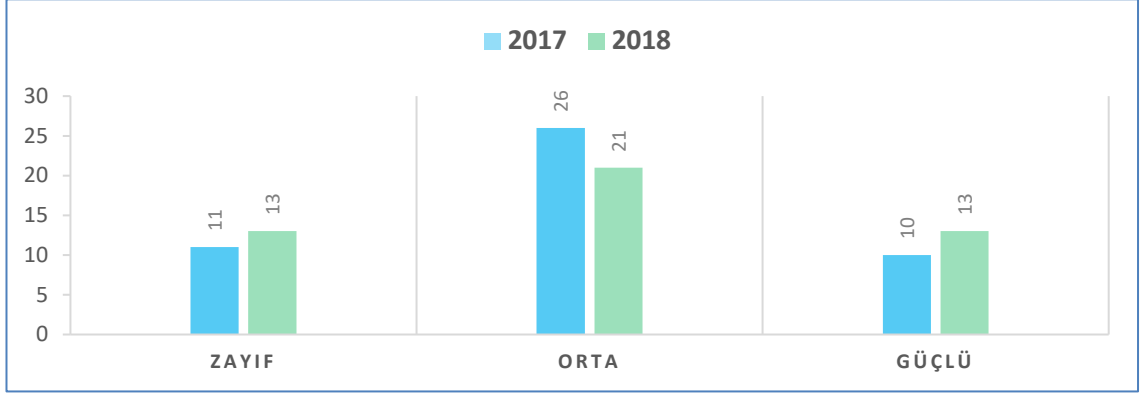


Şekil 4.8 2017 ve 2018 Yılı Denemlerinde Yaprak Ayası Parlaklığı Dağılımı

4.1.9 Yaprak Ayası Kabarcıklaşma Durumu

İki yetiştiricilik sezonu boyunca kendilenerak yetiştirilen 47 pazı genotipinde yapılan morfolojik gözlemler sonucu 11 genotipte zayıf yaprak ayası kabarcıklaşması, 26 genotipte orta derecede yaprak ayası kabarcıklaşması ve 10 pazı genotipte güçlü yaprak ayası kabarcıklaşması tespit edilmiştir. Buna göre, genotiplerin %23.4'ünde zayıf yaprak ayası kabarcıklaşması, genotiplerin %55.3'ünde orta yaprak ayası kabarcıklaşması, genotiplerin %21.3'ünde güçlü yaprak ayası kabarcıklaşması olduğu gözlenmiştir (Çizelge 4.2).

İki yetiştiricilik yılı değerlendirildiğinde yaprak ayası kabarcıklaşması özelliği bakımından genotip sayılarında bir önceki yetiştirme dönemine göre belirgin bir farklılık gözlemlenmemiştir (Şekil 4.9).

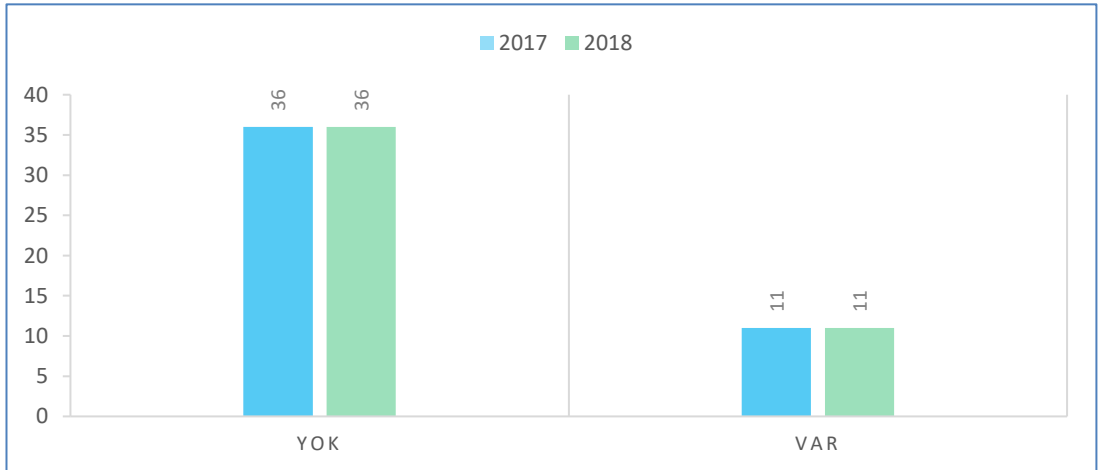


Şekil 4.9 2017 ve 2018 Yılı Denemlerinde Yaprak Ayası Kabarcıklanma Dağılımı

4.1.10 Yaprak Ayası Antosiyanin Renklenmesi

UPOV kriterlerine göre yaprak ayası antosiyanin renklenmesi yok ve var olarak iki sınıfta değerlendirilmiştir. İki yetiştiricilik sezonu boyunca kendilenerek yetiştirilen 47 pazı genotiplerinde yapılan morfolojik gözlemler sonucu 12 genotipte yaprak ayası antosiyanin renklenmesinin olduğu, 35 genotipte yaprak ayası antosiyanin renklenmesinin olmadığı tespit edilmiştir (Çizelge 4.2). Gözlemler sonucu genotiplerin %25.5’inde yaprak ayası antosiyanin renklenmesi olduğu, genotiplerin % 74.5’inde yaprak ayası antosiyanin renklenmesinin olmadığı tespit edilmiştir.

İki yetiştiricilik yılı karşılaştırıldığında, denemenin ilk yılı yaprak ayası antosiyanin renklenmesi gösteren genotip sayısı ile ikinci yılı antosiyanin renklenmesi gösteren genotip sayıları arasında değişiklik gözlemlenmemiştir (Şekil 4.10).

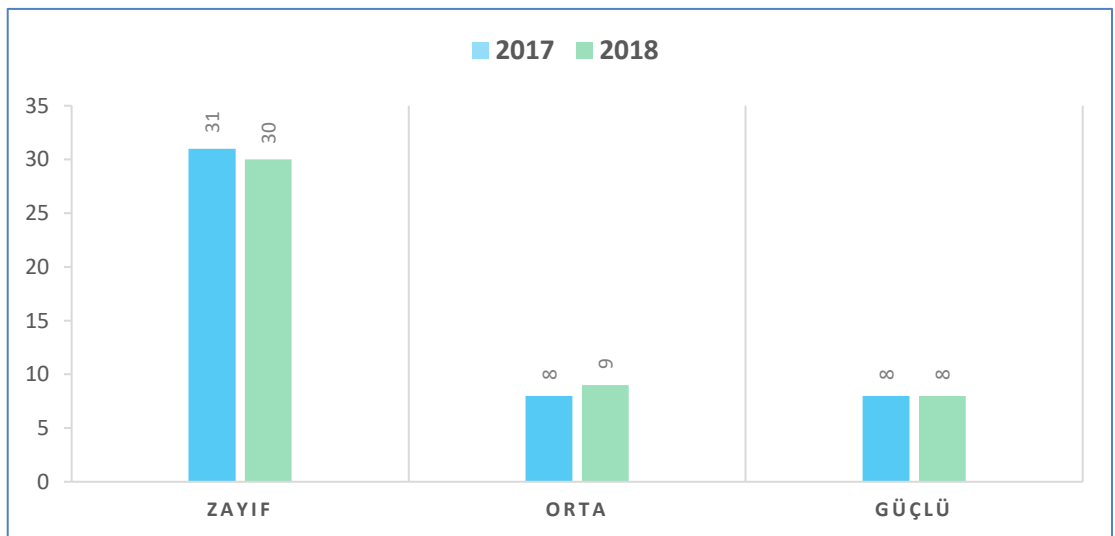


Şekil 4.10 2017 ve 2018 Yılı Denemlerinde Yaprak Ayası Antosiyanin Renklenmesi Dağılımı

4.1.11 Yaprak Ayası Antosiyanin Renklenmesi Yoğunluğu

UPOV kriterlerine göre yaprak ayası antosiyanin renklenmesi yoğunluğu zayıf, orta ve güçlü olarak üç sınıfta değerlendirilmiştir. İki yetiştiricilik sezonu boyunca kendilenecek yetiştirilen 47 pazı genotiplerinde yapılan morfolojik gözlemler sonucu 30 genotipte zayıf yaprak ayası antosiyanin renklenmesi yoğunluğu, 8 genotipte orta derecede yaprak ayası antosiyanin renklenmesi yoğunluğu ve 9 pazı genotipte güçlü yaprak ayası antosiyanin renklenmesi yoğunluğu tespit edilmiştir. Yaprakta antosiyanin renklenmesi yoğunluğu olan genotipler ile olmayan genotipleri ayırt etmek için, yaprakların olgunlaştığı dönemde dikim sıraları gezilerek genotipler değerlendirilmiştir. Gözlemler sonucu genotiplerin %63.8'inde yaprak ayası antosiyanin renklenmesi yoğunluğunun zayıf olduğu, genotiplerin %17'sinde orta yaprak ayası antosiyanin renklenmesi yoğunluğunun olduğu, genotiplerin %19.2'sinde güçlü yaprak ayası antosiyanin renklenmesinin yoğunluğunun olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.2).

İki yetiştiricilik yılı değerlendirildiğinde, ilk yetiştiricilik yılında 31 genotip zayıf, 8 genotip orta ve 8 genotip güçlü yaprak ayası antosiyanin renklenmesi yoğunluğu göstermiştir. İkinci yetiştiricilik yılında 30 genotip zayıf, 9 genotip orta ve 8 genotip güçlü yaprak ayası antosiyanin renklenmesi yoğunluğu göstermiştir. Her iki yılda da yaprak ayası antosiyanin renklenmesi yoğunluğu gösteren genotip sayılarında belirgin bir değişiklik tespit edilmemiştir (Şekil 4.11).

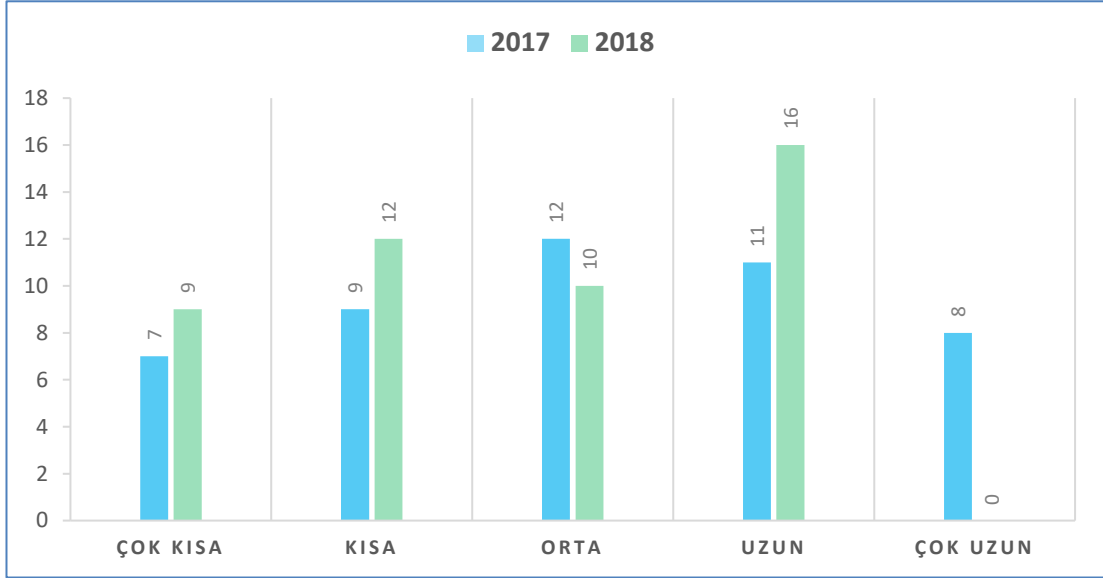


Şekil 4.11 2017 ve 2018 Yılı Denemlerinde Yaprak Ayası Antosiyanin Renklenmesi Dağılımı

4.1.12 Yaprak Sapı Uzunluđu

UPOV kriterlerine gre yaprak sapı uzunluđu ok kısa, kısa, orta, uzun ve ok uzun olarak beř sınıfta deđerlendirilmiřtir. Yaprak sapı uzunluđunu belirlemek iin, yaprakların olgunlařtıđı dnemde sıralar gezilerek genotipler deđerlendirilmiřtir. İki yetiřtiricilik sezonu boyunca kendilenerek yetiřtirilen 47 pazı genotiplerinde yapılan morfolojik gzlemler sonucu genotiplerin yaprak sapı uzunluđu bakımından olduka farklılık gsterdiđi gzlenmiřtir. 6 genotipin ok kısa, 9 genotipin kısa, 16 genotipin orta, 14 genotipin uzun ve 2 genotipinde ok uzun yaprak sapı uzunluđuna sahip olduđu belirlenmiřtir (izelge 4.2). Buna gre, genotiplerin %12.7'sinde ok kısa yaprak sapı uzunluđu, genotiplerin %19.2'sinde kısa yaprak sapı uzunluđu, genotiplerin %34'nde orta yaprak sapı uzunluđu, genotiplerin %29.8'sinde uzun yaprak sapı uzunluđu ve %6.3'nde ise ok uzun yaprak sapı uzunluđuna sahip olduđu tespit edilmiřtir.

Yetiřtiricilik yılları karřılařtırıldıđında, 2017 yılında ok uzun yaprak sapı uzunluđu zelliđi gsteren genotip sayısı 8 olurken, 2018 yılında bu zelliđi gsteren genotip tespit edilememiřtir. İlk yetiřtiricilik yılında 7 genotip ok kısa yaprak sapı uzunluđu gsterirken, ikinci yetiřtiricilik yılında bu sayı 9 olmuřtur. Aynı Őekilde 2017 yılında kısa yaprak sapı zelliđi gsteren genotip sayısı 9 olurken bir sonraki yıl genotip sayısı 12'ye ıkmıřtır. 2017 ve 2018 yılında gerekleřtirilen morfolojik lmler karřılařtırıldıđında, yaprak sapı uzunluđu iin, her bir genotipe gre deđiřen oranlarda dřřler yařandıđı grlmřtir (Őekil 4.12). Aradaki bu farklılıđın, genotiplerin evre kořullarına adaptasyon yetenekleri arasındaki farklılıktan kaynaklandıđı ve kendilenme depresyonun da etkili olduđu dřnlmektedir.

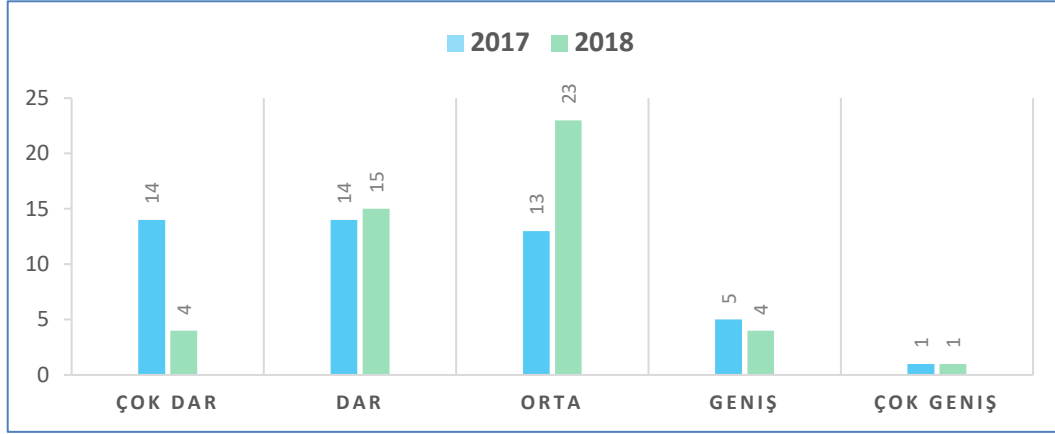


Şekil 4.12 2017 ve 2018 Yılı Denemlerinde Yaprak Sapı Uzunluğu Dağılımı

4.1.13 Yaprak Sapı Genişliği

Yaprak sapı genişliğini belirlemek için, yaprakların olgunlaştığı dönemde dikim sıraları gezilerek genotipler UPOV kriterlerine göre yaprak sapı genişliği çok dar, dar, orta, geniş ve çok geniş olmak üzere beş sınıfta değerlendirilmiştir. İki yetiştiricilik sezonu boyunca kendilenerek yetiştirilen 47 pazı genotipinde yapılan morfolojik gözlemler sonucu 12 genotipin çok dar, 17 genotipin dar, 13 genotipin orta, 4 genotipin geniş ve 1 genotipin çok geniş yaprak sapı genişliğine sahip olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.2). Buna göre, genotiplerin %25.5'inde çok dar yaprak sapı, %36.2'sinde dar yaprak sapı, %27.7'sinde orta yaprak sapı, %8.5'inde geniş yaprak sapı ve %2.1'inde ise çok geniş yaprak sapı genişliğine sahip olduğu tespit edilmiştir.

Her iki yıla ait veriler değerlendirildiğinde yaprak sapı genişliği orta özellik gösteren genotip sayısı birinci yıl 13 olurken, ikinci yıl 23 olarak tespit edilmiştir. 2017 yılında çok dar özellik gösteren genotip sayısı 14 olurken, 2018 yılında bu özelliği gösteren genotip sayısı 4 olmuştur. Çok dar yaprak ayası genişliği özelliği gösteren genotip sayıları ikinci yetiştiricilik yılına göre azalmış ayrıca orta yaprak ayası genişliği özelliği gösteren genotip sayıları ikinci yetiştiricilik yılına göre artmıştır (Şekil 4.13). Genotipler arasında farklı oranlarda yaşanan bu değişimler, ağırlıklı olarak çevre şartlarında yaşanan olumsuz koşullardan kaynaklandığı düşünülmektedir.

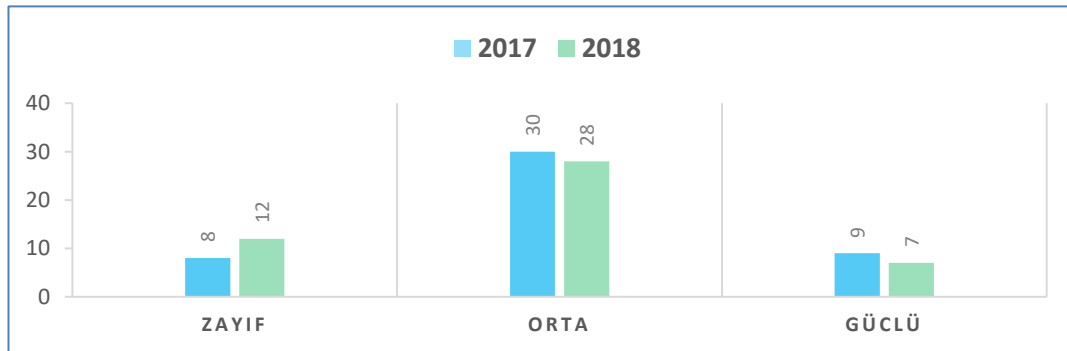


Şekil 4.13 2017 ve 2018 Yılı Denemlerinde Yaprak Sapı Genişliği Dağılımı

4.1.14 Yaprak Sapı İç Kesit Eğriliği

UPOV kriterlerine göre yaprak sapı iç kesit eğriliği yok veya çok zayıf, zayıf, orta ve güçlü olarak dört sınıfta değerlendirilmiştir. İki yetiştiricilik sezonu boyunca kendilenerak yetiştirilen 47 pazı genotiplerinde yapılan morfolojik gözlemler sonucu 8 genotipte zayıf yaprak sapı iç kesit eğriliği, 33 genotipte orta yaprak sapı iç kesit eğriliği ve 6 pazı genotipte güçlü yaprak sapı iç kesit eğriliği tespit edilmiştir. Buna göre, genotiplerin %17'sinde zayıf yaprak sapı iç kesit eğriliği ve %70.2'sinde orta yaprak sapı iç kesit eğriliği, %12.8'inde güçlü yaprak sapı iç kesit eğriliği, tespit edilmiştir.

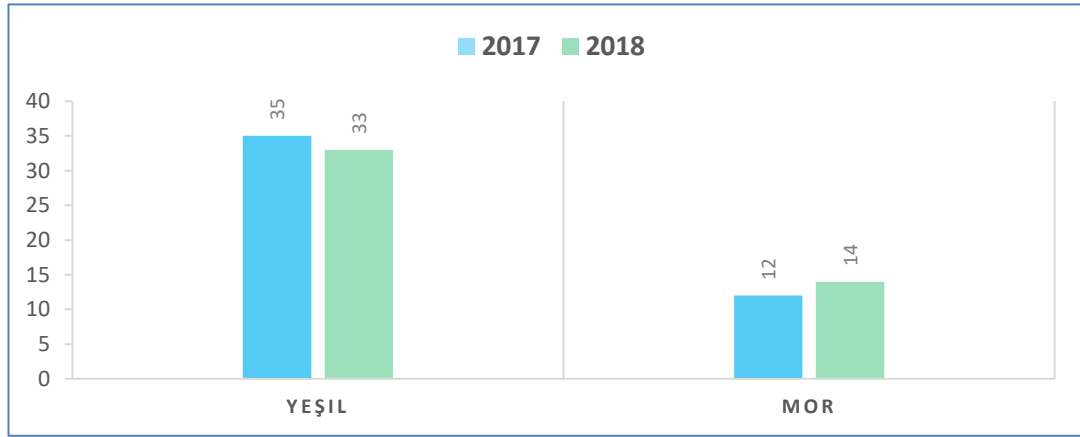
İki yetiştiricilik yılına ait gözlemler karşılaştırıldığında, birinci yıl zayıf yaprak sapı iç kesit eğriliği gösteren genotip sayısı 8 olurken, ikinci yıl bu özelliği gösteren genotip sayısı 12 olmuştur. Yine denemenin her iki yılında da orta ve güçlü yaprak sapı iç kesit eğriliği gösteren genotip sayısı sırasıyla 30 ve 28 olmuştur. Güçlü özellik gösteren 2017 yılında, güçlü renklenme gösteren genotip sayısı 2018 yılına kıyasla daha yüksek çıkmıştır (Şekil 4.14).



Şekil 4.14 2017 ve 2018 Yılı Denemlerinde Yaprak Sapı İç Kesit Eğriliği Dağılımı

4.1.15 Yaprak Sapı Rengi

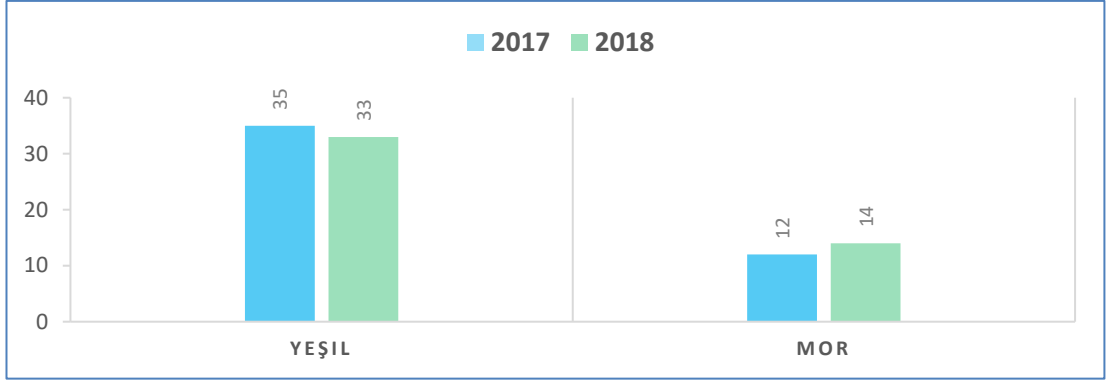
UPOV kriterlerine göre yaprak sapı beyaz, sarı, yeşil, pembe ve mor olarak beş sınıfta değerlendirilmiştir. İki yetiştiricilik sezonu boyunca kendilenerek yetiştirilen 47 pazı genotipinde yapılan morfolojik gözlemler sonucu 34 genotipte yeşil yaprak sapı tespit edilirken, 13 genotipte mor yaprak sapı tespit edilmiştir. Genotiplerin %72.3'nün yaprak sapı rengini yeşil olduğu %27.7'sininde mor yaprak sapı rengine sahip olduğu belirlenmiştir. İki yetiştiricilik yılı verileri karşılaştırıldığında, birinci yıl yeşil yaprak sapı gösteren genotip sayısı 35 olurken, ikinci yetiştiricilik yılında 33 olmuştur. Aynı şekilde mor yaprak sapı rengi gösteren genotip sayısı 2017 yılında 12; 2018 yılında 14 olmuştur (Şekil 4.15). İki yıllık veriler değerlendirildiğinde, her bir genotipin değişimleri de birlikte incelendiğinde, yaprak sapı rengi özelliği 2018 yılında bir önceki yıla göre belirgin bir artış göstermemiştir.



Şekil 4.15 2017 ve 2018 Yılı Denemlerinde Yaprak Sapı Rengi Dağılımı

4.1.16 Çiçeklenme Başlangıç Zamanı

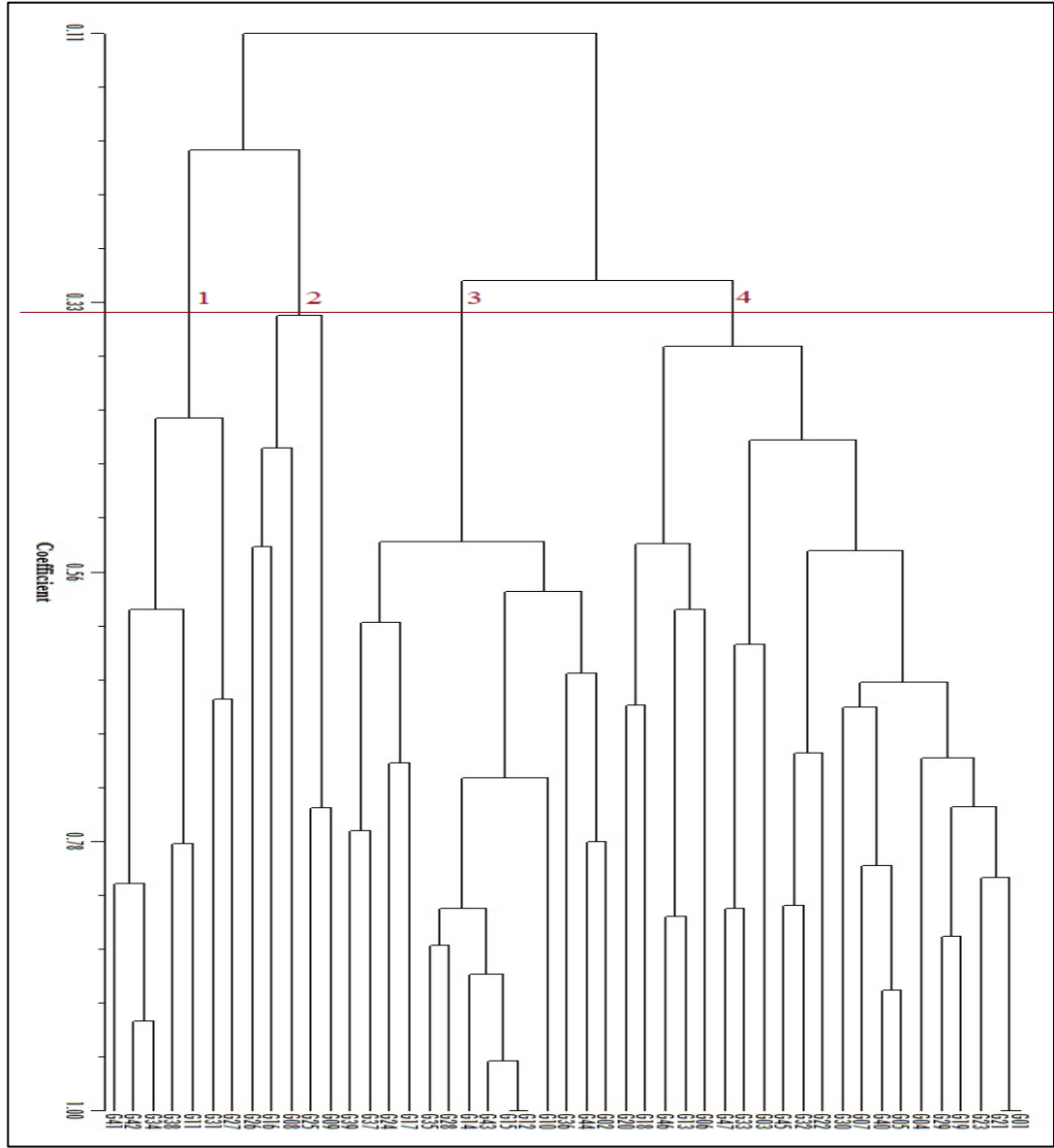
UPOV kriterlerine göre çiçeklenme başlangıç zamanı erken, orta ve geç olarak üç sınıfta değerlendirilmiştir. İki yetiştiricilik sezonu boyunca kendilenerek yetiştirilen 47 pazı genotiplerinde yapılan morfolojik gözlemler sonucu 4 genotipte erken çiçeklenme başlangıç zamanı tespit edilirken, 32 genotipte orta çiçeklenme başlangıç zamanı ve 11 genotipte ise geç çiçeklenme başlangıç zamanı tespit edilmiştir. Genotiplerin %8.5'nin erken çiçeklendiği %68.1'inde orta çiçeklenme başlangıç zamanının olduğu ve %23.4'ünde geç çiçeklendiği belirlenmiştir. İki yetiştiricilik yılı çiçeklenme başlangıç zamanı özelliği bakımından genotip sayıları karşılaştırıldığında, önemli bir farkın olmadığı tespit edilmiştir (Şekil 4.16).



Şekil 4.16 2017 ve 2018 Yılı Denemlerinde Çiçeklenme Başlangıç Zamanı Dağılımı

4.1.17 Kümeleme Analizi

Pazı genotiplerinin morfolojik veriler kullanılarak değerlendirilmesinde kullanılan kümeleme analizi bulguları Şekil 4.17’de verilmiştir. UPOV kriterleri baz alınarak morfolojik özellikler bakımından değerlendirilen pazı genotiplerinin %22 ile %97 arasında benzerlik gösterdiği saptanmış ve ortalama benzerlik katsayısı da $r = 0.33$ olarak hesaplanmıştır. Bu değerler ışığında Doğu Karadeniz bölgesinden topladığımız pazı genotipleri incelenen özellikler bakımından 4 gruba ayrılmıştır. Genotiplerin büyük çoğunluğu (23 genotip) tanık genotiplerin de (G46 ve G47) içinde bulunduğu 4. kümede toplanmıştır. Pazi genotipleri içerisinde 3. kümede yer alan G12 ve G15 genotipleri fenotipik olarak birbirlerine en çok benzeyen genotipler olurken, G01 ve G41 genotipleri arasındaki benzerlik katsayısı da en az olmuştur. Pazi genotiplerinin kümelere dağılımında genotiplerin toplandığı coğrafyanın etkisinin olmadığı ve varyasyonun da yeterli düzeyde olduğu görülmüştür.



Şekil 4.17 Pazı Genotiplerinin UPOV' a Göre Kümeleme Dendogramı

Bozkalfa ve ark., (2011) yaptıkları çalışmada farklı coğrafi konumlardan toplanan pazı örnekleri arasında agromorfolojik özellikler bakımından geniş bir varyasyon gözlemlendiğini, incelenen bitki özelliklerinde yaprak ağırlığı, petiol genişliği, yaprak sapı kalınlığı, yaprak ayası uzunluğu, yaprak sapı uzunluğu ve yaprak ayası genişliği en belirgin karakterler olduğunu bildirmişlerdir. Yine Bozkalfa ve ark., (2016) yaptıkları çalışmada 52 pazı genotipinde agromorfolojik özellikleri inceleyerek, genetik ilişkileri ve çeşitliliği belirlemişlerdir. Temel bileşen analizleri (PCA), agromorfolojik özellikler için toplam varyasyonların %77.26'sını açıklarken, pazı genotiplerinin dört ana kümeye ayrıldığı ve pazı genotiplerini ayırmada yaprak ağırlığı, yaprak sapı genişliği, yaprak sapı kalınlığı, yaprak ayası uzunluğu ve yaprak

ayası genişliğinin, temel özellikler olduğunu bildirmişlerdir. Ayrıca Tan ve ark., (2017) yapmış oldukları çalışmada, Türkiye'de *Beta* türlerinin morfolojik karakterizasyonu sonucu, yabancı ve kültür formları arasındaki gen akışından kaynaklanan sürekli bir varyasyon olduğu ve çiçek ve yaprak özelliklerinde bu varyasyonun belirgin olduğunu tespit etmişlerdir. Bu çalışmalar bizim çalışmamıza benzer şekilde kümeleme analizi gerçekleştirmiş ve pazıda morfolojik özelliklere göre farklı gruplar tespit edilmiştir.

4.1.18 Pazı Genotiplerinin Morfolojik Özelliklere Ait Temel Bileşen Analizi (TBA)

UPOV kriterleri kapsamında incelenen morfolojik özelliklerden elde edilen verilere uygulanan Temel Bileşen Analizine ait bulgular Çizelge 4.4'te verilmiştir. İlk 5 temel bileşen ekseninin öz değeri 1'den büyük çıkmıştır. Temel bileşen eksenlerinin oluşturduğu varyanslar incelendiğinde ilk 2 eksenin açıkladığı varyansın diğerlerine göre daha yüksek (%22.89 ve %21.69) olduğu görülmüştür. Öz değeri 1'den büyük olan 5 temel bileşen ekseni toplam varyansın %72.06'sını açıklamaktadır. Elde edilen bu değer yapılan morfolojik değerlendirmenin etkili olduğunu göstermektedir. Nitekim genetik ilişkilerin incelenmesinde temel bileşen eksenlerinin ilk 2 veya 3'ünün açıkladığı varyansın %25'ten yüksek olmasının etkili bir değerlendirme için yeterli olabileceği belirtilmiştir (Mohammadi ve Prasanna, 2003). İncelenen özelliklerin genotipler arasındaki varyasyona katkıları ayrıca Şekil 4.18, 4.19, 4.20, 4.21 ve 4.22'de verilmiştir.

Temel bileşenin ilk ekseninde (Şekil 4.18) fide antosiyanin renklenmesi yoğunluğu (FARY), yaprak ayası yeşil renk yoğunluğu (YYY), yaprak ayası antosiyanin renklenmesi (YAAR), yaprak ayası antosiyanin yoğunluğu (YAAY) ve yaprak sapı rengi (YSR) özellikleri dışındaki özelliklerin hepsinin varyasyona katkılarının yüksek olduğu görülmektedir. İlk ekseninde özellikle yaprak ayası parlaklığı (YAP), yaprak ayası genişliği (YAG), yaprak uzunluğu (YU) ve yaprak ayası uzunluğu (YAU) karakterleri genotipler arasında ayırt edici özellikler olarak ortaya çıkmıştır.

Toplam varyansın %21.69'unu açıklayan ikinci ekseninde ise fide antosiyanin renklenmesi yoğunluğu (FARY), yaprak ayası antosiyanin renklenmesi (YAAR),

yaprak ayası antosiyanin yoęunluęu (YAAY) ve yaprak sapı rengi (YSR) özellikleri sözü edilen varyansın oluşmasına yüksek katkılar sunmuştur (Şekil 4.19).

Öz değeri 1.97 olan temel bileşenlerin üçüncü ekseninde yaprak sapı uzunluęu (YSU) ve yaprak sapı genişlięi (YSG) özellikleri genotipler arasındaki varyansa diğer özelliklere göre daha fazla katkıda bulunmuşlardır (Şekil 4.20). Bununla birlikte yaprak uzunluęu (YU) ve çiçeklenme başlangıç zamanı da (ÇBZ) üçüncü ekseninde öne çıkan karakterler olmuştur.

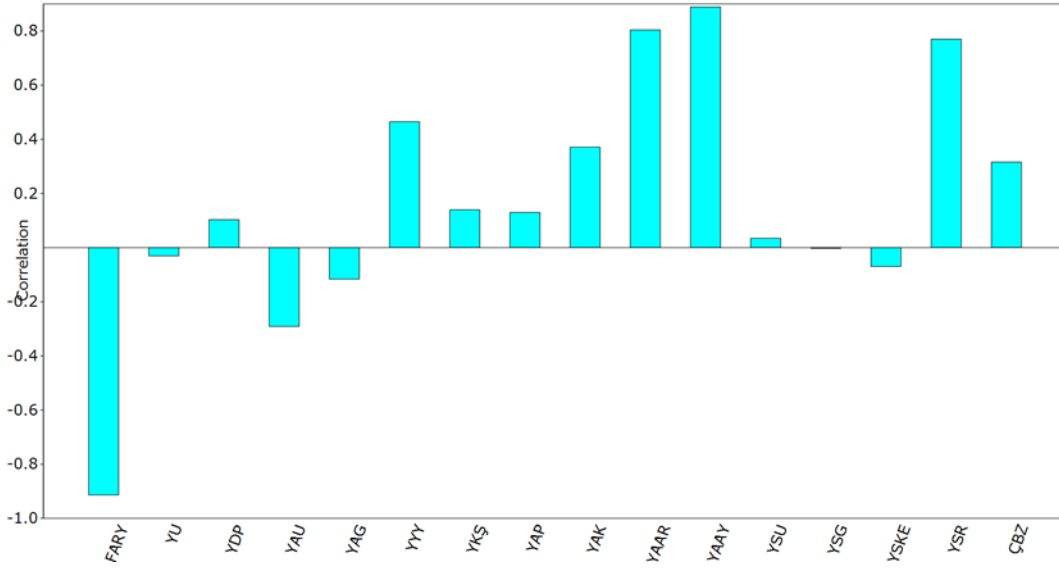
Çizelge 4.3 UPOV Kriterleri Kapsamında İncelenen Morofolojik Özelliklerin Pazı Genotipleri Arasındaki Varyansa Katkıları

	Temel Bileşenler															
	TB1	TB2	TB3	TB4	TB5	TB6	TB7	TB8	TB9	TB10	TB11	TB12	TB13	TB14	TB15	TB16
Varyans (%)	22.89	21.69	12.34	8.01	7.13	5.84	4.19	3.47	3.25	2.95	2.40	1.98	1.71	0.91	0.74	0.50
Toplam varyans (%)	22.89	44.58	56.92	64.93	72.06	77.90	82.09	85.56	88.81	91.76	94.16	96.14	97.85	98.76	99.50	100.00
Öz değer	3.66	3.47	1.97	1.28	1.14	0.93	0.67	0.55	0.52	0.47	0.38	0.32	0.27	0.15	0.12	0.08
FARY	0.02	-0.91	-0.15	0.04	0.01	0.01	0.00	0.05	0.19	0.10	0.13	0.13	0.10	0.05	0.14	0.17
YU	0.65	-0.03	0.48	-0.23	-0.20	0.33	-0.12	-0.11	0.23	0.04	0.10	-0.07	-0.10	-0.18	-0.09	0.07
YDP	0.55	0.10	0.20	0.03	0.61	-0.17	0.07	-0.29	0.19	-0.26	-0.12	-0.07	0.17	-0.01	0.03	0.01
YAU	0.63	-0.29	0.37	0.32	0.04	0.11	-0.19	0.37	0.04	0.10	-0.03	-0.17	0.17	0.13	-0.08	-0.04
YAG	0.66	-0.12	0.35	0.25	0.35	-0.02	0.24	0.15	-0.19	0.04	-0.01	0.05	-0.33	0.01	0.07	0.03
YYY	0.22	0.46	-0.10	0.64	-0.08	0.13	-0.18	-0.39	-0.19	0.25	0.02	-0.04	0.05	0.01	0.04	0.04
YKŞ	0.46	0.14	-0.34	0.30	-0.45	0.27	0.42	0.08	0.01	-0.24	-0.19	0.05	0.08	-0.02	-0.03	0.04
YAP	0.68	0.13	-0.30	-0.08	-0.36	-0.28	-0.21	-0.09	0.07	-0.25	0.15	-0.12	-0.16	0.16	0.04	0.01
YAK	0.54	0.37	-0.05	-0.04	-0.18	-0.64	-0.08	0.19	-0.07	0.14	-0.11	0.05	0.10	-0.16	0.02	0.04
YAAR	-0.09	0.80	0.14	0.15	0.01	0.28	-0.26	0.22	0.16	-0.15	0.03	0.12	0.01	-0.06	0.19	-0.05
YAAY	-0.12	0.89	0.17	-0.07	0.17	-0.01	-0.05	0.08	-0.03	-0.06	0.09	0.24	0.02	0.12	-0.15	0.13
YSU	0.39	0.03	0.70	-0.25	-0.32	-0.04	0.24	-0.16	-0.11	0.07	0.16	0.17	0.15	0.08	0.07	-0.08
YSG	0.53	0.00	-0.65	0.13	0.26	0.04	0.10	0.06	0.01	0.02	0.39	0.10	0.06	-0.08	-0.06	-0.08
YSKE	0.49	-0.07	-0.27	-0.54	0.15	0.32	-0.18	0.04	-0.44	-0.07	-0.06	-0.04	0.10	-0.01	0.05	0.04
YSR	-0.25	0.77	-0.02	-0.19	0.05	0.01	0.34	0.11	0.05	0.15	0.16	-0.34	0.05	0.02	0.07	0.06
ÇBZ	0.56	0.32	-0.42	-0.33	0.08	0.14	0.04	-0.05	0.27	0.35	-0.23	0.10	-0.07	0.10	0.01	-0.05

FARY: Fide antosiyanin renklenmesi yoğunluğu; YU: Yaprak uzunluğu; YDP: Yaprak duruş pozisyonu; YAU: Yaprak ayası uzunluğu; YAG: Yaprak ayası genişliği; YYY: Yaprak ayası yeşil renk yoğunluğu; YKŞ: Yaprak ayası kenar şekillenmesi; YAP: Yaprak ayası parlaklığı; YAK: Yaprak ayası kabarcıklanma durumu; YAAR: Yaprak ayası antosiyanin renklenmesi; YAAY: Yaprak ayası antosiyanin renklenmesi yoğunluğu; YSU: Yaprak sapı uzunluğu; YSG: Yaprak sapı genişliği; YSKE: Yaprak sapı iç kesit eğriliği; YSR: Yaprak sapı rengi; ÇBZ: Çiçeklenme başlangıç zamanı

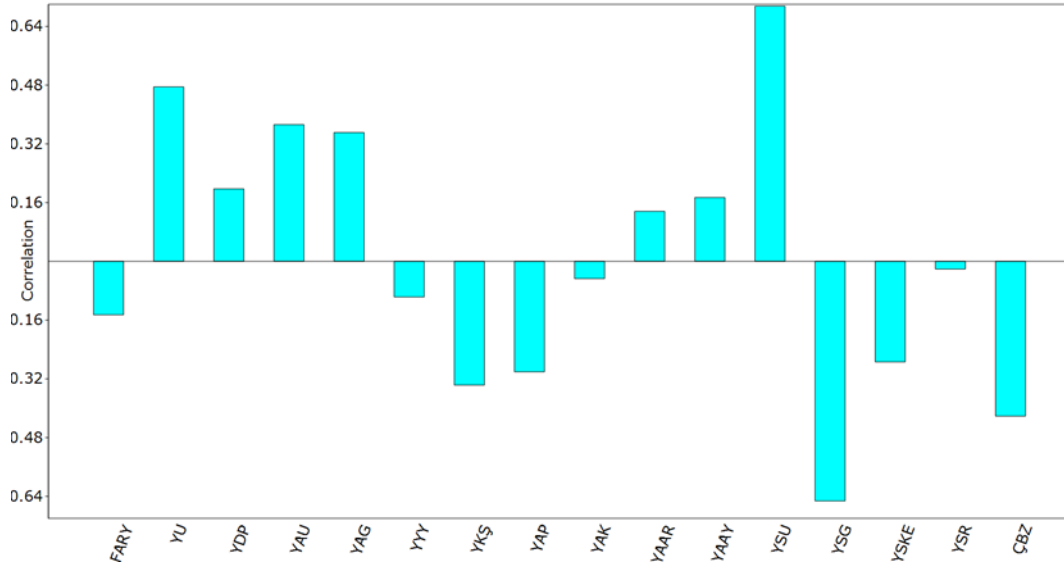


Şekil 4.18 İlk Temel Bileşen Ekseninde Değişkenlerin Varyasyona Katkısı

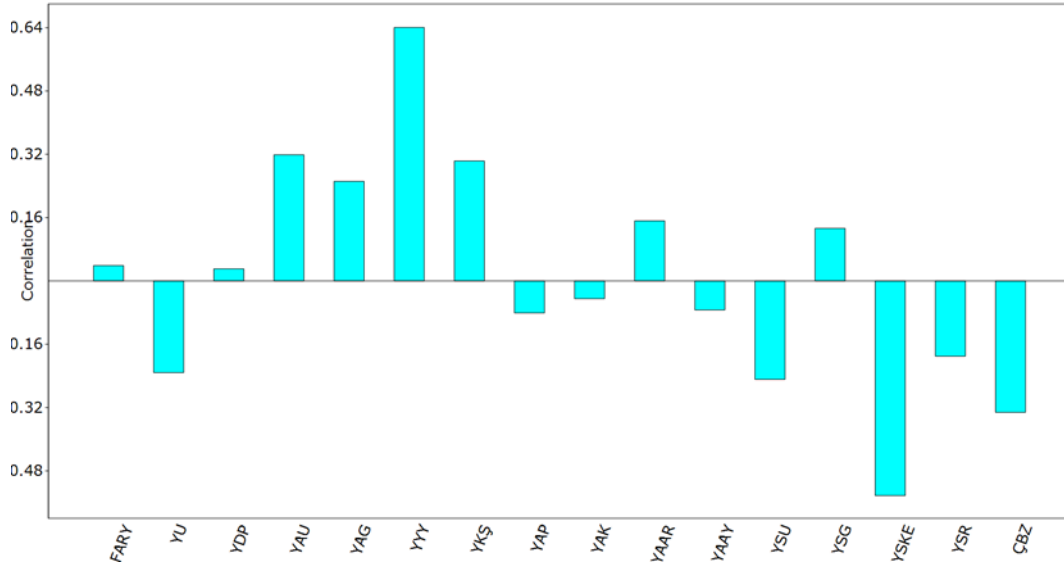


Şekil 4.19 İkinci Temel Bileşen Ekseninde Değişkenlerin Varyasyona Katkısı

Öz değeri 1.28 olan temel bileşenin dördüncü ekseninde yaprak ayası yeşil renk yoğunluğu (YYY) ve yaprak sapı iç kesit eğriliği (YSKE) özellikleri genotipler arası varyansın oluşumuna katkı sağlayan özellikler olmuştur (Şekil 4.21).



Şekil 4.20 Üçüncü Temel Bileşen Ekseninde Değişkenlerin Varyasyona Katkısı



Şekil 4.21 Dördüncü Temel Bileşen Ekseninde Değişkenlerin Varyasyona Katkısı

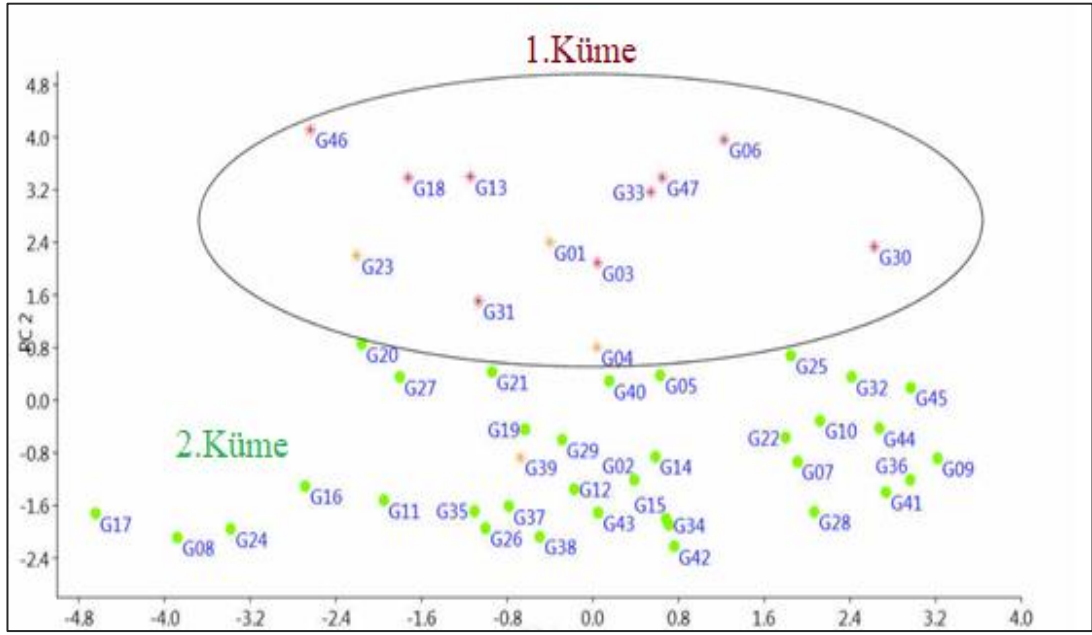
Öz değeri 1'in üzerinde olan beşinci temel bileşen ekseninde yaprak duruş pozisyonu (YDP) ve yaprak kenar şekillenmesi (YKŞ) özellikleri genotipler arası varyansın oluşumuna katkılar sunmuştur (Şekil 4.22).



Şekil 4.22 Beşinci Temel Bileşen Ekseninde Değişkenlerin Varyasyona Katkısı

Öz değeri 1'den büyük olan temel bileşenin ilk 5 ekseninde farklı oranlarda varyasyona katkı sağlayan özellikleri genel olarak değerlendirecek olursak özellikle bitkide antosiyanin renklenmesi ile yaprak iriliği özelliklerinin ön plana çıktığını söylemek mümkündür. Zira FARY, YSR, YAAR, YAAY gibi antosiyanin renklenmesi ile ilgili özellikler öz değeri yüksek olan ilk iki eksende öne çıkmışlardır (Şekil 4.23). Bununla birlikte YU, YAU, YAG gibi yaprak iriliğini niteleyen özellikler de pazı genotiplerinin fenotipik olarak ayrımlanmasında öne çıkan özellikler olmuşlardır. Ayrıca YDP, YAK, YSG, YSKE ve ÇBZ gibi karakterler de pazı genotiplerinin fenotipik olarak ayrımlanmasında yukarıdakilerine nazaran ikincil özellikler olarak düşünülebilir. YYY, YKŞ ve YSU gibi karakterler ise yaptığımız çalışmalarda öz değeri nispeten düşük olan eksenlerde öne çıkmış özelliklerden olmuşlardır.

Temel bileşen analizi ile pazı genotiplerinin ilişkilerinin gösterildiği Şekil 4.23 incelendiğinde genotiplerin grafikte genellikle bitki renk özelliklerine göre dağılım gösterdiği görülmektedir. Yukarıda sözü edildiği gibi özellikle antosiyanin renklenmesinin pazıda önemli ayırt edici özelliklerden olduğu görülmüştür.



Şekil 4.23 Morfolojik Özellikler Bakımından Temel Bileşen Analizi ile Pazı Genotiplerinin 2 Boyutlu Düzlemde Dağılımı

Şekil 4.23'te de görüldüğü gibi pazı genotipleri yaprak ayası antosiyanin renklenmesi, yaprak ayası antosiyanin yoğunluğu ve yaprak ayası yeşil rengin yoğunluğu karakterleri bakımından 2 farklı renk tonunda kümelendiği görülmektedir. Toplanan popülasyon içerisinde yer alan 12 adet pazı genotipinin tamamının yaprak ayası antosiyanin renklenmesi göstererek birinci kümede toplandığı görülmektedir. İkinci kümede ise yaprak ayası yeşil renk yoğunluğu yüksek olan 35 genotipin toplandığı görülmüştür. Elimizde bulunan toplam 47 pazı genotipinin çoğunluğunun yeşil renk yoğunluğuna sahip olduğunu söyleyebiliriz. Bununla birlikte G03, G04, G13, G18, G23, G30, G31, G33 ve G46 genotiplerinde antosiyanin renklenmesinin yoğun olduğu dikkat çekmiştir.

4.2 Biyokimyasal Ölçümlere Ait Değerlendirme

Doğu Karadeniz bölgesinden toplanan genotiplerinin biyokimyasal özelliklerini karşılaştırmak amacıyla toplam fenolik bileşikler ve toplam flavonoid ölçümleri yapılmıştır. Aynı zamanda antioksidan aktivitelerini belirlemek amacıyla DPPH ve FRAP antioksidan aktivite testleri yürütülmüştür. Denemede, iki yetiştiricilik döneminde analizler yürütülmüştür. İlk yetiştiricilik dönemine (2017) ait değerler Çizelge 4.4, ikinci döneme (2018) ait veriler ise Çizelge 4.5'de verilmiştir.

Çizelge 4.4 Pazı Genotiplerinin 2017 Yılına Ait Biyokimyasal İçerikleri

Genotip	Toplam Fenol (mg GAE 100 g ⁻¹)	Toplam Flavonoid (mg QE 100 g ⁻¹)	DPPH (mmol TE 100 g ⁻¹)	FRAP (mmol TE 100 g ⁻¹)
G01	335.95±5.73	376.07±1.55	1.12±0.04	3.31±0.04
G02	142.33±20.90	156.70±1.40	0.72±0.01	1.68±0.04
G03	349.87±4.91	651.10±6.70	1.81±0.06	5.24±0.13
G04	350.69±12.28	546.33±6.35	1.40±0.04	3.66±0.08
G05	489.03±13.10	538.13±6.65	2.30±0.05	5.96±0.08
G06	274.56±9.82	649.50±14.30	2.01±0.06	5.39±0.07
G07	390.80±3.27	281.10±0.80	0.61±0.05	2.93±0.04
G08	738.70±17.19	261.47±1.85	1.08±0.07	3.63±0.02
G09	229.54±10.64	281.10±2.70	1.95±0.03	6.81±0.02
G10	263.92±0.82	384.27±3.35	1.03±0.03	2.95±0.04
G11	714.96±24.56	325.30±2.50	0.89±0.03	3.91±0.04
G12	229.54±5.73	331.87±2.05	1.03±0.02	4.13±0.02
G13	786.18±38.47	1047.30±24.10	1.92±0.02	10.61±0.26
G14	261.46±13.10	372.80±1.70	1.90±0.06	4.85±0.08
G15	301.57±4.09	248.40±1.60	1.21±0.04	4.04±0.08
G16	277.01±12.28	343.30±2.40	1.60±0.04	3.20±0.08
G17	252.46±12.28	218.90±2.40	0.48±0.01	2.19±0.12
G18	276.20±1.64	582.37±8.95	1.05±0.02	3.61±0.03
G19	247.54±0.82	446.47±6.25	1.14±0.02	3.42±0.07
G20	481.66±12.28	399.00±3.30	0.85±0.08	3.09±0.06
G21	524.23±5.73	546.33±3.25	0.84±0.04	2.76±0.01
G22	337.59±0.82	281.10±2.40	0.76±0.06	2.14±0.05
G23	171.41±4.91	382.60±2.70	1.12±0.05	3.52±0.08
G24	190.24±0.82	191.07±0.85	0.71±0.02	2.63±0.05
G25	356.42±1.64	559.43±8.45	1.75±0.02	4.63±0.08
G26	457.11±12.28	399.00±3.30	0.59±0.06	2.44±0.04
G27	278.65±5.73	803.37±19.35	2.18±0.05	7.38±0.06
G28	178.78±4.09	214.00±1.50	1.90±0.07	5.21±0.06
G29	150.13±16.37	613.47±7.95	1.60±0.02	3.55±0.02
G30	248.36±3.27	305.67±2.95	0.45±0.03	2.26±0.01
G31	285.20±4.09	708.40±6.80	2.36±0.04	6.92±0.07
G32	521.77±13.10	362.97±2.45	1.85±0.08	3.14±0.03
G33	655.21±5.73	549.60±3.90	1.66±0.03	5.32±0.02
G34	164.05±5.73	200.90±2.60	1.12±0.01	3.14±0.07
G35	325.31±3.27	397.33±1.85	1.35±0.05	3.06±0.05
G36	493.94±8.19	307.30±1.80	2.14±0.04	5.58±0.05
G37	227.90±4.09	289.30±13.00	1.01±0.04	4.27±0.02
G38	332.68±0.82	137.80±1.90	1.19±0.05	4.08±0.03
G39	657.66±8.19	271.30±0.30	1.18±0.06	4.33±0.02
G40	329.40±5.73	264.73±2.65	0.72±0.03	2.89±0.03
G41	283.56±13.92	246.73±1.75	0.09±0.04	2.03±0.17
G42	564.34±11.46	246.73±1.35	0.75±0.03	2.52±0.09
G43	326.95±4.91	394.07±2.45	0.62±0.03	3.39±0.04
G44	339.23±0.82	399.00±4.10	2.23±0.05	6.56±0.18
G45	176.33±8.19	381.00±3.10	2.12±0.07	6.09±0.05
G46	174.69±8.19	195.97±2.45	1.07±0.06	3.22±0.09
G47	824.66±15.52	1016.20±17.50	0.63±0.06	4.20±0.11
Minimum	121.40	135.90	0.06	1.64
Maksimum	840.20	1071.40	2.39	10.87
VK%	48.85	49.71	45.47	41.47

* veriler ortalama±standart sapma olarak sunulmuştur. VK: Varyans katsayısı

Genotiplerin toplam fenolik bileşikler, toplam flavonoid ve antioksidan aktivitelerine ait değerler alt başlıklar halinde aşağıda sunulmuştur.

Çizelge 4.5 Pazı Genotiplerinin 2018 Yılına Ait Biyokimyasal İçerikleri

Genotip	Toplam Fenol (mg GAE 100 g ⁻¹)	Toplam Flavonoid (mg QE 100 g ⁻¹)	DPPH (mmol TE 100 g ⁻¹)	FRAP (mmol TE 100 g ⁻¹)
G01	169.78±10.00*	269.80±15.00	2.40±0.002	0.44±0.003
G02	195.97±7.00	178.50±11.00	2.67±0.007	0.28±0.013
G03	241.81±6.00	578.30±11.00	2.79±0.009	0.77±0.013
G04	268.01±6.00	331.70±15.00	2.83±0.005	0.46±0.008
G05	231.99±8.00	394.60±9.00	3.20±0.002	0.67±0.008
G06	299.12±5.00	441.70±15.00	2.97±0.007	0.91±0.015
G07	109.20±8.00	254.10±11.00	2.80±0.005	0.45±0.003
G08	123.94±8.00	273.80±11.00	2.91±0.005	0.44±0.008
G09	215.62±2.00	230.60±11.00	3.26±0.009	0.60±0.008
G10	176.33±8.00	301.30±11.00	3.02±0.014	0.21±0.008
G11	194.34±10.00	255.10±11.00	2.99±0.014	0.26±0.004
G12	189.42±2.00	257.10±11.00	3.00±0.007	0.58±0.013
G13	418.63±14.00	501.93±2.31	3.13±0.009	0.93±0.003
G14	256.55±5.00	323.90±9.00	3.07±0.009	0.54±0.003
G15	182.87±14.00	238.73±2.31	3.03±0.009	0.35±0.013
G16	192.70±8.00	209.23±2.31	3.06±0.005	0.30±0.008
G17	83.01±8.00	139.20±9.00	2.85±0.003	0.20±0.015
G18	251.64±14.00	371.00±11.00	2.17±0.009	0.48±0.013
G19	218.89±14.00	339.60±11.00	3.10±0.009	0.61±0.003
G20	253.27±14.00	335.00±11.00	2.89±0.009	0.63±0.013
G21	286.02±11.00	333.70±11.00	2.97±0.005	0.57±0.004
G22	104.29±5.00	125.40±9.00	2.89±0.007	0.21±0.013
G23	161.59±5.00	280.60±15.00	2.99±0.009	0.50±0.003
G24	87.92±5.00	191.30±11.00	2.90±0.003	0.37±0.003
G25	241.81±3.00	289.50±9.00	3.13±0.005	0.80±0.003
G26	163.23±11.00	318.00±11.00	2.83±0.005	0.50±0.004
G27	313.85±9.00	246.30±9.00	3.20±0.014	0.91±0.004
G28	161.59±2.00	161.80±11.00	3.16±0.014	0.60±0.003
G29	135.40±2.00	377.23±2.31	3.04±0.007	0.30±0.008
G30	143.58±2.00	230.60±11.00	2.75±0.007	0.25±0.008
G31	241.81±7.00	402.50±11.00	3.03±0.009	0.87±0.004
G32	251.64±9.00	214.00±9.00	3.19±0.009	0.48±0.008
G33	282.74±9.00	347.73±2.31	3.00±0.007	0.61±0.008
G34	107.56±11.00	205.00±11.00	3.06±0.003	0.46±0.008
G35	168.14±11.00	194.20±11.00	3.04±0.005	0.59±0.004
G36	173.05±10.00	127.40±11.00	3.15±0.009	0.82±0.004
G37	171.41±10.00	138.53±2.31	2.95±0.009	0.62±0.008
G38	186.15±10.00	97.23±2.31	2.74±0.014	0.79±0.004
G39	132.12±10.00	182.73±2.31	2.98±0.009	0.61±0.003
G40	158.32±10.00	162.80±11.00	2.92±0.009	0.26±0.003
G41	213.98±6.00	318.23±2.31	2.71±0.003	0.19±0.008
G42	120.66±8.00	122.73±2.31	2.85±0.009	0.36±0.013
G43	225.44±9.00	207.00±9.00	2.88±0.010	0.38±0.008
G44	218.89±7.00	232.50±9.00	3.25±0.014	0.73±0.013
G45	222.17±9.00	209.90±9.00	3.20±0.005	0.84±0.008
G46	508.68±2.00	219.70±11.00	3.40±0.009	1.63±0.013
G47	428.45±7.00	608.03±2.31	2.38±0.007	1.24±0.004
Minimum	75.00	95.90	2.16	0.18
Maksimum	510.70	610.70	3.41	1.64
VK%	40.66	41.33	7.79	49.68

* veriler ortalama±standart sapma olarak sunulmuştur. VK: Varyans katsayısı

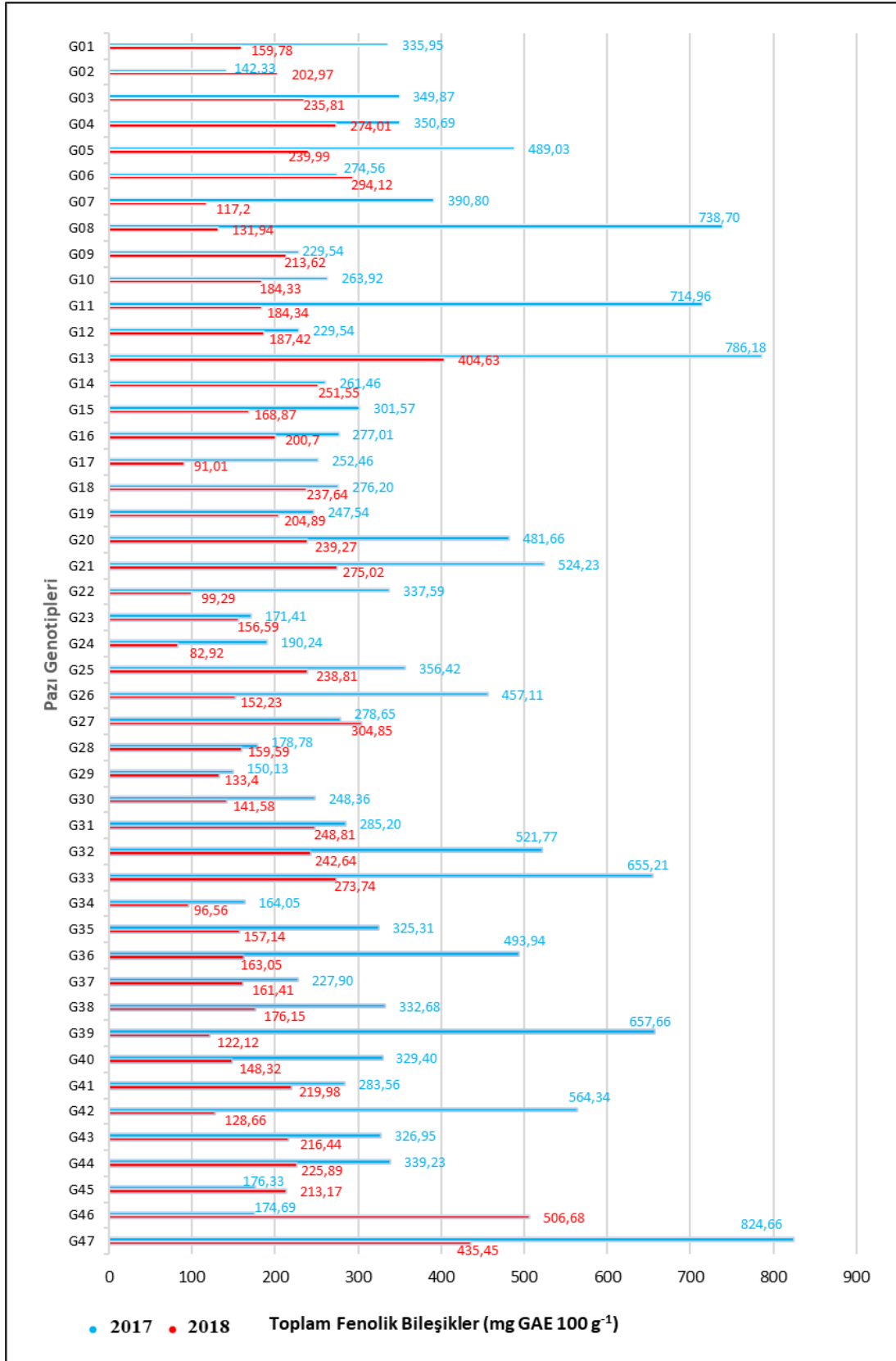
4.2.1 Genotiplerin Toplam Fenolik Bileşik Değerleri

Denemede toplanan 47 farklı pazı genotipinin 2017 yılına ait toplam fenol içerikleri incelendiğinde, değerlerin 142.33 (G02)- 824.66 (G47) mg GAE 100 g⁻¹ aralığında değiştiği gözlemlenmiştir. Çalışmada G47 (824.66 mg GAE 100 g⁻¹), G13

(786.18 mg GAE 100 g⁻¹), G08 (738.70 mg GAE 100 g⁻¹), G11 (714.96 mg GAE 100 g⁻¹), G39 (657.66 mg GAE 100 g⁻¹) ve G33 (655.21 mg GAE 100 g⁻¹) genotiplerinin diğerlerine kıyasla daha yüksek fenolik içeriğe sahip oldukları saptanmıştır. Aksine denemede G46 (174.69 mg GAE 100 g⁻¹), G28 (178.78 mg GAE 100 g⁻¹), G23 (171.41 mg GAE 100 g⁻¹), G34 (164.05 mg GAE 100 g⁻¹), G29 (150.13 mg GAE 100 g⁻¹) ve G02 (142.33 mg GAE 100 g⁻¹) genotiplerinden diğerlerine kıyasla daha düşük toplam fenol içeriği ölçülmüştür (Çizelge 4.5; Şekil 4.24).

İncelenen pazı genotiplerinin 2018 yılına ait toplam fenol içerikleri değerlendirildiğinde, değerlerin 82.92 (G24) - 506.68 (G46) mg GAE 100 g⁻¹ aralığında değiştiği tespit edilmiştir. Araştırmada, sırasıyla G46 (506.68 mg GAE 100 g⁻¹), G47 (435.45 mg GAE 100 g⁻¹), G13 (404.63 mg GAE 100 g⁻¹), G27 (304.85 mg GAE 100 g⁻¹), G06 (294.12 mg GAE 100 g⁻¹) ve G21 (275.02 mg GAE 100 g⁻¹) genotiplerinden diğer genotiplere kıyasla daha yüksek toplam fenol içeriği belirlenmiştir. Hâlbuki yapılan ölçümlerde G39 (122.12 mg GAE 100 g⁻¹) G07 (117.2 mg GAE 100 g⁻¹), G22 (99.29 mg GAE 100 g⁻¹), G34 (96.56 mg GAE 100 g⁻¹), G17 (91.01mg GAE 100 g⁻¹) ve G24 (82.92 mg GAE 100 g⁻¹) genotiplerinin diğer genotiplere kıyasla daha düşük toplam fenol içeriğine sahip olduğu görülmüştür (Çizelge 4.6; Şekil 24).

Yetiştirme dönemleri karşılaştırıldığında 4 genotipin toplam fenolik miktarlarının arttığı, 8 genotipin toplam fenolik miktarının değişmediği, 35 genotipin toplam fenolik miktarının bir önceki yıla kıyasla daha düşük olduğu belirlenmiştir (Şekil 4.24).



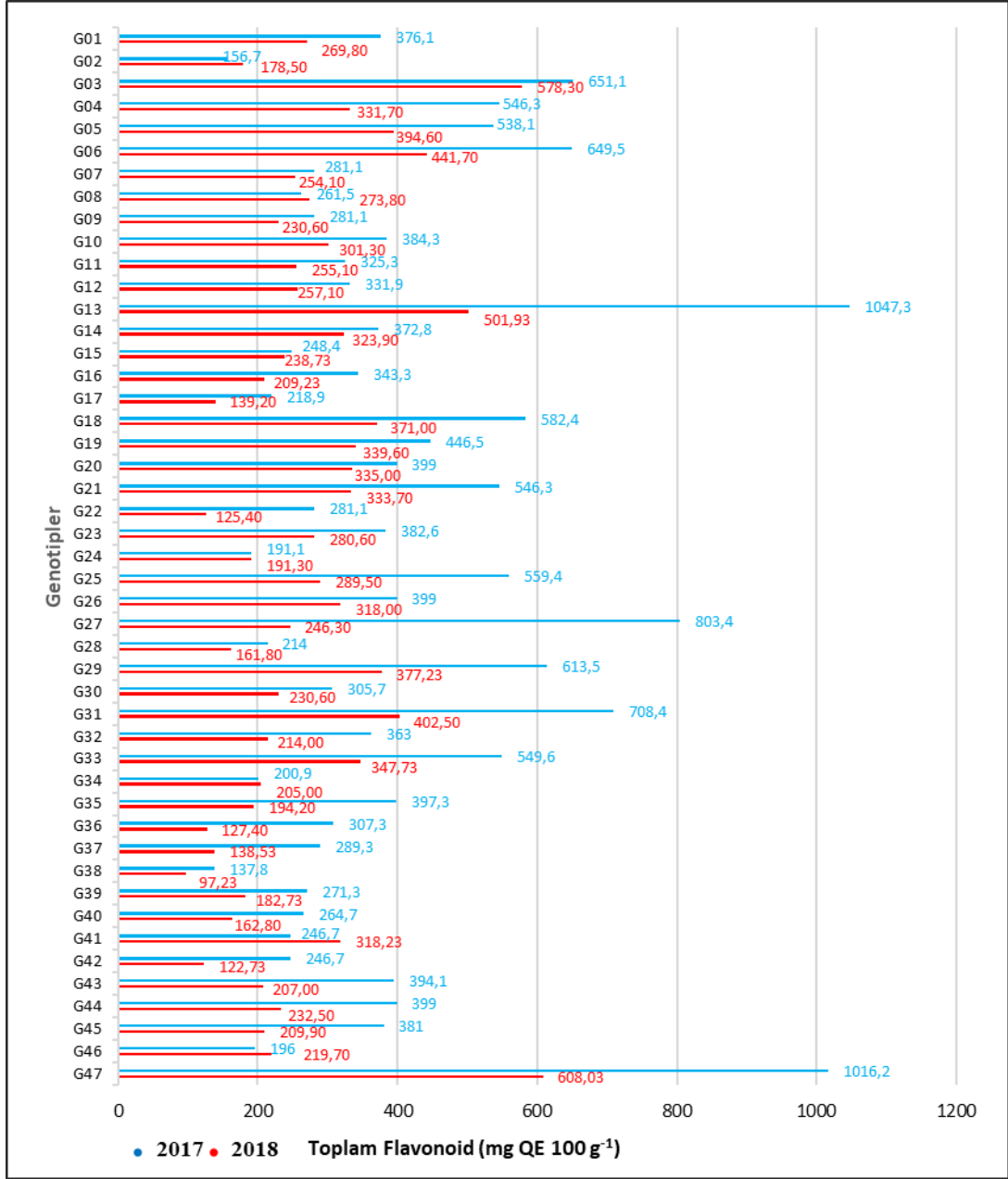
Şekil 4.24 Genotiplerin Yetiştirme Dönemlerine Ait Toplam Fenolik Bileşik Değerleri

4.2.2 Genotiplerin Flavonoid Değerleri

Genotiplerin flavonoid değerlerine ait 2017 yılı verileri incelendiğinde, değerlerin 137.8 (G38) - 1047.3 (G13) mg QE 100 g⁻¹ aralığında değiştiği tespit edilmiştir. Çalışmada G13 (1047.3 mg QE 100 g⁻¹ fw), G47 (1016.2 mg QE 100 g⁻¹ fw), G27 (803.4 mg QE 100 g⁻¹ fw) G31 (708.4mg QE 100 g⁻¹ fw) G03 (651.1mg QE 100 g⁻¹ fw) ve G06 (649.5 mg QE 100 g⁻¹ fw) genotiplerinin diğerlerine kıyasla daha yüksek flavonoid içeriğe sahip oldukları saptanmıştır. Birinci yetiştirme döneminde en düşük flavonoid değerine sahip genotipler ise sırasıyla G28 (214mg mg QE 100 g⁻¹ fw) G34 (200.9 mg QE 100 g⁻¹ fw), G46 (196 mg QE 100 g⁻¹ fw), G24 (191.1 mg QE 100 g⁻¹ fw) G02 (156.7 mg QE 100 g⁻¹ fw) ve G38 (137.8 mg QE 100 g⁻¹ fw) genotiplerinden diğerlerine kıyasla daha düşük flavonoid içeriği ölçülmüştür (Çizelge 4.5; Şekil 4.25).

İkinci yetiştirme döneminde en yüksek flavonoid değerleri sırasıyla G47 (608.03 mg GAE 100 g⁻¹), G03 (578.3 mg QE 100 g⁻¹ fw), G13 (501.93 mg QE 100 g⁻¹ fw) G06 (441.70 mg QE 100 g⁻¹ fw) G31 (402.50 mg QE 100 g⁻¹ fw) ve G05 (394.60 mg QE 100 g⁻¹ fw) genotiplerinden elde edilmiştir. İkinci yetiştirme döneminde en düşük flavonoid değerine sahip genotipler ise sırasıyla G28 (214 mg mg QE 100 g⁻¹ fw) G34 (200.9 mg QE 100 g⁻¹ fw), G46 (196 mg QE 100 g⁻¹ fw), G24 (191.1 mg QE 100 g⁻¹ fw) G02 (156.7 mg QE 100 g⁻¹ fw) ve G38 (137.8 mg QE 100 g⁻¹ fw) genotiplerinde ölçülmüştür (Çizelge 4.6). 47 farklı pazı genotipinde ikinci yetiştirme yılında flavonoid içeriği 97.23-608.03 mg QE 100 g⁻¹ aralığında bulunmuştur.

Yetiştirme dönemleri karşılaştırıldığında, 2 genotipin flavonoid miktarlarının arttığı, 3 genotipin flavonoid miktarının değişmediği, 42 genotipin flavonoid miktarının bir önceki yıla kıyasla düşüş gösterdiği belirlenmiştir (Şekil 4.25).



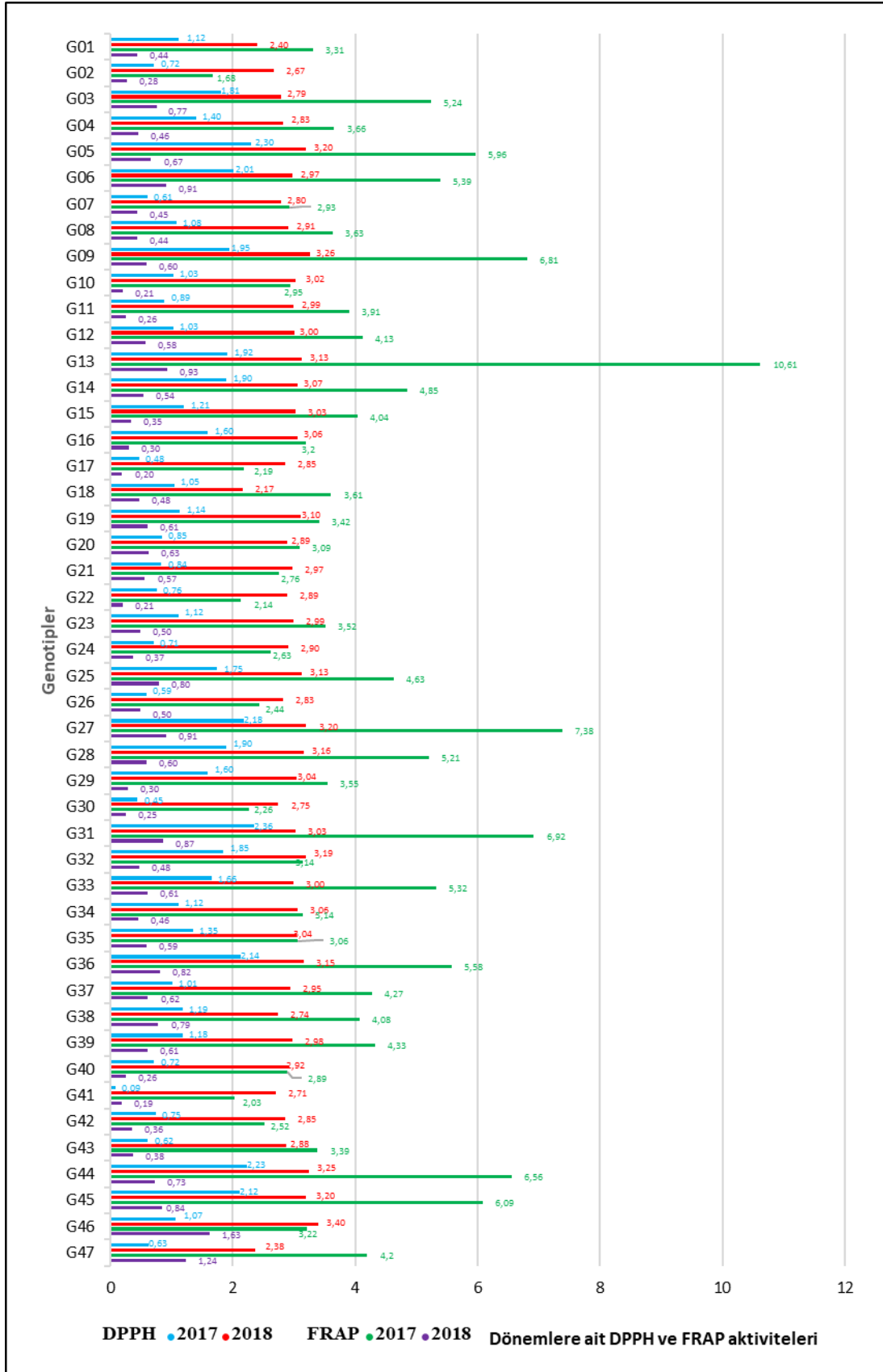
Şekil 4.25 Genotiplerin Yetiştirme Dönemlerine Flavonoid Değerleri

4.2.3 Genotiplerin DPPH Aktiviteleri

Genotipler antioksidan aktiviteleri bakımından FRAP ve DPPH testlerine tabi tutulmuştur. Birinci yetiştiricilik yılı incelendiğinde pazı genotiplerinde birinci DPPH testine göre antioksidan aktivesi 0.09 (G41)- 2.36 (G31) mmol TE 100 g⁻¹ aralığında tespit edilmiştir DPPH testleri sonucunda birinci yetiştirme döneminde en yüksek DPPH testine göre antioksidan aktivitesi sırasıyla G31 (2.36 mmol TE 100 g⁻¹ fw), G05 (2.3 mmol TE 100 g⁻¹ fw), G44 (2.23 mmol TE 100 g⁻¹ fw) G27 (2.18 mmol TE

100 g⁻¹ fw) G36 (2.14 mmol TE 100 g⁻¹ fw) ve G45 (2.12 mmol TE 100 g⁻¹ fw) genotiplerinden elde edilmiştir. Birinci yetiştirme döneminde en düşük DPPH değerine sahip genotipler ise sırasıyla G43 (0.62 mmol TE 100 g⁻¹ fw), G07 (0.61 mmol TE 100 g⁻¹ fw), G26 (0.59 mmol TE 100 g⁻¹ fw), G17 (0.48 mmol TE 100 g⁻¹ fw) G30 (0.45 mmol TE 100 g⁻¹ fw) ve G41 (0.09 mmol TE 100 g⁻¹ fw) genotiplerinde ölçülmüştür (Çizelge 4.5).

İkinci yetiştirme yılında en yüksek DPPH testine göre antioksidan aktivitesi sırasıyla G46 (3.40 mmol TE 100 g⁻¹ fw), G09 (3.26mmol TE 100 g⁻¹ fw), G44 (3.25mmol TE 100 g⁻¹ fw), G05 (3.20 mmol TE 100 g⁻¹ fw), G27 (3.20 mmol TE 100 g⁻¹ fw) ve G45 (3.20 mmol TE 100 g⁻¹ fw) genotiplerinden elde edilmiştir. İkinci yetiştirme yılında en düşük DPPH değerine sahip genotipler ise sırasıyla G38 (2.74 mmol TE 100 g⁻¹ fw), G41 (2.71 mmol TE 100 g⁻¹ fw), G02 (2.67 mmol TE 100 g⁻¹ fw), G01 (2.40 mmol TE 100 g⁻¹ fw), G47 (2.38 mmol TE 100 g⁻¹ fw) ve G18 (2.17 mmol TE 100 g⁻¹ fw) genotiplerinde ölçülmüştür (Çizelge 4.6). 47 farklı pazı genotipinde ikinci yetiştirme yılında DPPH testine göre antioksidan aktivesi 2.17- 3.40 mmol TE 100 g⁻¹ aralığında tespit edilmiştir (Şekil 4.26).



Şekil 4.26 İncelenen Genotiplerin FRAP ve DPPH Değerleri

4.2.4 Genotiplerin FRAP Aktiviteleri

Genotipler antioksidan aktiviteleri bakımından FRAP testine tabi tutulmuştur. İncelenen pazı genotiplerinin 2017 yılına ait FRAP aktiviteleri değerlendirildiğinde antioksidan aktivesi 1.68 (G02)- 10.61 (G13) mmol TE 100 g⁻¹ aralığında tespit edilmiştir. FRAP testleri sonucunda birinci yetiştirme döneminde en yüksek antioksidan aktivitesi sırasıyla G13 (10.61 mmol TE 100 g⁻¹), G27 (7.38 mmol TE 100 g⁻¹), G31 (6.92 mmol TE 100 g⁻¹), G09 (6.81 mmol TE 100 g⁻¹), G44 (6.56 mmol TE 100 g⁻¹) ve G45 (6.09 mmol TE 100 g⁻¹) genotiplerinden elde edilmiştir. Birinci yetiştirme döneminde en düşük FRAP testine göre antioksidan aktivitesi sırasıyla G26 (2.44 mmol TE 100 g⁻¹), G30 (2.26 mmol TE 100 g⁻¹), G17 (2.19 mmol TE 100 g⁻¹), G22 (2.14 mmol TE 100 g⁻¹), G41 (2.03 mmol TE 100 g⁻¹) ve G02 (1.68 mmol TE 100 g⁻¹) genotiplerinde ölçülmüştür (Çizelge 4.5).

İkinci yetiştirme yılında en yüksek FRAP testine göre antioksidan aktivitesi sırasıyla G46 (1.63 mmol TE 100 g⁻¹ fw), G47 (1.24 mmol TE 100 g⁻¹ fw), G13 (0.93 mmol TE 100 g⁻¹ fw), G27 (0.91 mmol TE 100 g⁻¹ fw), G06 (0.91 mmol TE 100 g⁻¹ fw) ve G31 (0.87 mmol TE 100 g⁻¹ fw) genotiplerinden elde edilmiştir. İkinci yetiştirme yılında, en düşük FRAP değerine sahip genotipler ise sırasıyla G40 (0.26 mmol TE 100 g⁻¹), G30 (0.25 mmol TE 100 g⁻¹), G10 (0.21 mmol TE 100 g⁻¹) G22 (0.21 mmol TE 100 g⁻¹), G17 (0.20 mmol TE 100 g⁻¹) ve G41 (0.19 mmol TE 100 g⁻¹) genotiplerinde ölçülmüştür (Çizelge 4.6). 47 farklı pazı genotipinde birinci yetiştirme yılında FRAP testine göre antioksidan aktivesi 0.19 (41)- 1.63(1.63) mmol TE 100 g⁻¹ aralığında tespit edilmiştir (Şekil 4.25).

4.2.5 Antioksidan Aktivitesi ve Fenolik Madde İçeriği Arasındaki İlişki

Tüketiciler, günlük beslenmelerinde zengin besin içeriğine sahip gıdaları tüketme arzusu içerisindeyler. Özellikle de kanser, sindirim sistemi bozuklukları, kalp rahatsızlıkları, dolaşım sistemi rahatsızlıklarının tedavisinde ve salgın hastalıklara karşı vücut direncinin artırılmasında sebze ve meyve tüketiminin önemli rol oynadığı bildirilmektedir (Muscogiuri ve ark., 2020). Bu bağlamda yetiştiricilikte yüksek besin içeriğine sahip sebze ve meyve tüketmek için üreticiler sulama, gübreleme vb. kültürel uygulamaları düzenli olarak yürütmektedirler. Fakat bunların hepsi yerine getirilse dahi, tür ve çeşit gibi genetik faktöründe doğrudan besin içeriği üzerine etkisinin

olduğu bilinen bir gerçektir (Ulukapı ve Şener, 2018). Bu yüzden ıslah çalışmalarında son yıllarda özellikle zengin biyokimyasal içeriğe sahip çeşit adaylarının seçilimi ön planda tutulmaktadır. Yürütülen bu çalışmada da pazı bitkilerinin biyokimyasal içeriklerinin durumunun ortaya konulması amaçlanmıştır. Nitekim çalışmamızda incelenen 47 pazı genotipinin biyokimyasal içerik bakımından zengin olan genotipler olduğu kadar, düşük içeriklere sahip genotiplerinde olduğu da saptanmıştır. Buradan da anlaşılacağı üzere biyoaktif içerik üzerine genotipik farklılıkların neden olabileceği bir kez daha ortaya çıkarılmıştır. Çalışmada her iki yılın ortalaması değerlendirildiğinde, özellikle G13, G27, G31, G33 ve G44 genotiplerinin diğer genotiplere kıyasla daha yüksek biyoaktif içeriğe sahip olduğu görülmüştür. Nitekim toplam fenolik bileşikler ve bunların antioksidan aktiviteleri üzerine yetiştiricilik yapılan tür ve çeşidin, gübreleme ve sulama rejiminin, hasattaki olgunluk seviyesinin doğrudan etki edebileceği rapor edilmiştir (Eşiyok ve Eser 1990; Ninfali ve Bacchiocca 2003; Pyo ve ark., 2004; Ivanoviç ve ark., 2021).

Pazı genotip veya çeşitleri arasındaki toplam fenol, toplam flavonoid ve antioksidan aktivitelerindeki farklılıkların ortaya konulduğu benzer çalışmalarda literatürde yer almaktadır. Nitekim Mzoughi ve ark., (2019) pazı genotiplerinde toplam fenolik içeriğini $96.58 \text{ mg GAE g}^{-1}$, toplam flavonoid içeriğinin $30.08 \text{ mg Catechin g}^{-1}$ ve DPPH antioksidan aktivitesini 0.75 mg mL^{-1} olarak tespit etmişlerdir. Wruss ve ark., (2015) yedi farklı kırmızı pancar genotipinde yürüttükleri çalışmalarında toplam fenol içeriğini $0.80\text{-}1.30 \text{ gL}^{-1}$ arasında değiştiğini; FRAP antioksidan aktivitesinin ise $13.1\text{-}43.31 \text{ mM TE}$ arasında olduğunu belirlemişlerdir. Çalışmamızda incelenen genotiplerin gerek toplam fenol gerekse toplam flavonoid içeriği bakımından Mzoughi ve ark., (2019)'nın bildirdiği sonuçlara kıyasla daha düşük olduğu; Wruss ve ark., (2015) bulguları ile kısmen benzerlik gösterdiği saptanmıştır. Yine Koubaier ve ark. (2014) kırmızı pancarın fenolik içeriğinin ve antioksidan aktivitesinin, bitkinin organlarına göre de farklılık gösterebileceğini bildirmişlerdir. Çalışmalarında toplam fenol içeriğini kök ve gövde de sırasıyla 6.6 ve $10.4 \text{ mg GAE g}^{-1}$; DPPH aktivitesini kök için $5.0 \text{ } \mu\text{g mL}^{-1}$, gövde için $47 \text{ } \mu\text{g mL}^{-1}$ olarak tespit etmişlerdir. Barros ve ark., (2016) ise yabani pazı genotipinde (*Beta maritima* L.) DPPH antioksidan aktivitesini $1.35 \text{ mg mL}^{-1} \text{ dw}$ olarak belirlemişlerdir.

Yine Gennari ve ark., (2011) pazıda fenolik bileşiklerin 246.77 mgg⁻¹ seviyesinde olduğunu tespit etmişlerdir.

Biyokimyasal içerik bakımından araştırma bulgularımız ile literatürdeki bulgular arasında farklılıklar saptanmıştır. Bu farklılık genotipik farklılıktan olabileceği gibi yetiştiricilik yapılan bölgenin ekolojisi, yetiştiricilik teknikleri ve bu özelliklerin tespitinde kullanılan analitik yöntemler arasındaki farklılığın bir sonucu olarak ortaya çıkmış olabilir.

4.3 Pazı Genotiplerinin Moleküler Karakterizasyonu

4.3.1 SRAP Primerlerinin Etkinliği

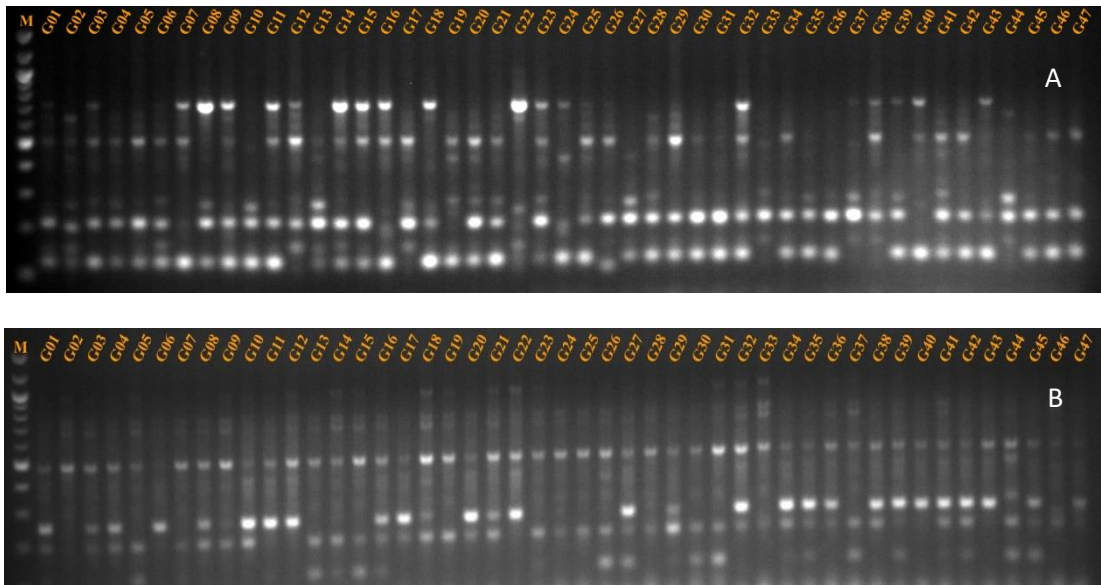
Doğu Karadeniz Bölgesi pazı genotiplerinin moleküler olarak ayrımlanmasında 144 SRAP primer kombinasyonu test edilmiş ve bunlardan 28'i polimorfik olarak belirlenmiştir. Polimorfik SRAP primer kombinasyonlarına ait değerlendirmeler Çizelge 4.6'da verilmiştir.

Çizelge 4.6 SRAP Primerlerinin Pazıda Oluşturdukları Allel Sayıları ve Polimorfizm Bilgi İçerikleri (PBİ)

Primer Adı	Toplam Band Sayısı	Polimorfik Band Sayısı	Polimorfizm Oranı (%)	Ort. PBİ Değerleri
ME01-EM05	3	3	100	0.86
ME01-EM13	3	3	100	0.47
ME02-EM10	5	5	100	0.73
ME03-EM11	5	3	60	0.55
ME03-EM12	5	4	80	0.64
ME03-EM13	8	5	63	0.50
ME04-EM03	6	6	100	0.64
ME04-EM13	6	6	100	0.74
ME05-EM02	4	4	100	0.62
ME05-EM03	4	3	75	0.42
ME09-EM08	4	3	75	0.54
ME10-EM03	3	2	66	0.43
ME10-EM04	2	2	100	0.39
ME10-EM11	4	3	75	0.66
ME10-EM12	4	4	100	0.81
ME14-EM04	5	5	100	0.61
ME14-EM08	5	5	100	0.75
ME14-EM09	6	4	66	0.60
ME14-EM12	3	3	100	0.54
ME16-EM05	5	5	100	0.88
ME16-EM11	5	5	100	0.76
ME18-EM02	3	3	100	0.44
ME19-EM02	4	2	50	0.42
ME19-EM09	3	3	100	0.43
ME19-EM11	5	3	60	0.58
ME19-EM13	4	3	75	0.57
ME21-EM10	3	2	66	0.47
ME21-EM13	3	2	66	0.28
TOPLAM	120	101	-	-
ORTALAMA	4.29	3.61	84.89	0.58

Polimorfik SRAP primerleri 47 pazı genotipinde toplam 120 adet bant üretmiş bunların 101'i (%84) pazı genotipleri arasında polimorfik olmuştur. Primer

kombinasyonu başına ortalama allel sayısı 4.29 iken ortalama polimorfik allel sayısı da 3.61 olarak hesaplanmıştır. ME03-EM13 en fazla (8 adet) bant üreten primer kombinasyonu olurken ME04-EM03, ME04-EM13 ve ME14-EM09 primer kombinasyonları da yine yüksek sayıda (6 adet) bant üreten primerler olmuştur. ME10-EM04 primer kombinasyonu da toplam 2 bant üretmiştir. ME04-EM03 ve ME04-EM13 primer kombinasyonları da en fazla sayıda (6 adet) polimorfik allel üretmiştir. ME10-EM04, ME10-EM03, ME21-EM10, ME21-EM13 ve ME19-EM02 primer kombinasyonları da 2'şer adet polimorfik allel üretmişlerdir. Şekil 4.27'da bazı primerlerin bant profilleri verilmiştir.



Şekil 4.27 ME02-EM10 (A) ve ME19-EM09 (B) primerlerinden elde edilen pazı genotip ve çeşitlerine ait bant profilleri

Primer kombinasyonlarının ortalama polimorfizm oranı %84.89 olarak hesaplanırken %50 ile ME19-EM02 primer kombinasyonu en düşük polimorfizm oranına sahip olmuştur. Pazı genotiplerinin moleküler olarak ayrılmasında kullanılan SRAP primerlerinin polimorfizm bilgi içeriği değerleri de 0.28 ile 0.88 (ortalama 0.58) arasında değişmiştir. ME16-EM05, ME01-EM05 ve ME10-EM12 yüksek PBI değerine (sırasıyla 0.88, 0.86 ve 0.81) sahip primer kombinasyonları olarak belirlenirken ME21-EM13 (0.28) ve ME10-EM04 (0.39) düşük PBI değerlerine sahip olmuşlardır. Pazı ile aynı familyadan olan şeker pancarı genotiplerinin SRAP primerleri ile moleküler olarak ayrılmasında 11 SRAP primer kombinasyonunun toplam 199 bant (86'sı polimorfik) ürettiği bildirilmiştir (Wang ve ark., 2008). Araştırmacılar primer kombinasyonu başına elde ettikleri ortalama bant sayısının 18,

primer kombinasyonu başına ortalama polimorfik bant sayısının da 7.8 olduğunu rapor etmişlerdir. Ayrıca polimorfik bant oranının %33.3 ile %62.5 (ortalama %43.7) arasında değiştiği bildirilmiştir. Benzer şekilde Wang ve ark., (2011) 250 şeker pancarı genotip ve çeşidinin karakterizasyonunda 33 SRAP primer kombinasyonu kullanmışlardır. Araştırmacılar toplam 719 bant elde etmişler ve bunların 459'u (%63.8) çeşit ve genotipler arasında polimorfik olarak belirlenmiştir. Primer kombinasyonu başına elde edilen bant sayısı 21.8 iken polimorfik bant sayısının da 13.9 olduğu rapor edilmiştir.

4.3.2 Pazı Genotip ve Çeşitleri Arasındaki Genetik İlişkiler

4.3.2.1 Temel Bileşen Analizi (TBA)

SRAP markırları ile elde edilen 101 polimorfik allelin pazı genotipleri arasındaki varyasyona katkılarını belirlemek amacı ile Temel Bileşen Analizi (TBA) yapılmıştır. Öz değeri 0.5 ve üzerinde olan 5 temel bileşen eksenini elde edilmiştir (Çizelge 4.7). Pazı genotipleri arasındaki varyasyonun büyük çoğunluğu (%78.45) ilk TB eksenini ile açıklanmıştır. Öz değeri dikkate değer düzeyde olan ilk 5 eksenini açıkladığı toplam varyasyon ise %86.04 olarak hesaplanmıştır.

Çizelge 4.7 SRAP Markırlarına Dayalı Temel Bileşen Analizi

PC Eksenleri	Öz değerler	Varyasyon (%)	Toplam Varyasyon (%)
1	36.87	78.45	78.45
2	1.53	3.25	81.70
3	0.78	1.67	83.37
4	0.66	1.40	84.77
5	0.60	1.27	86.04

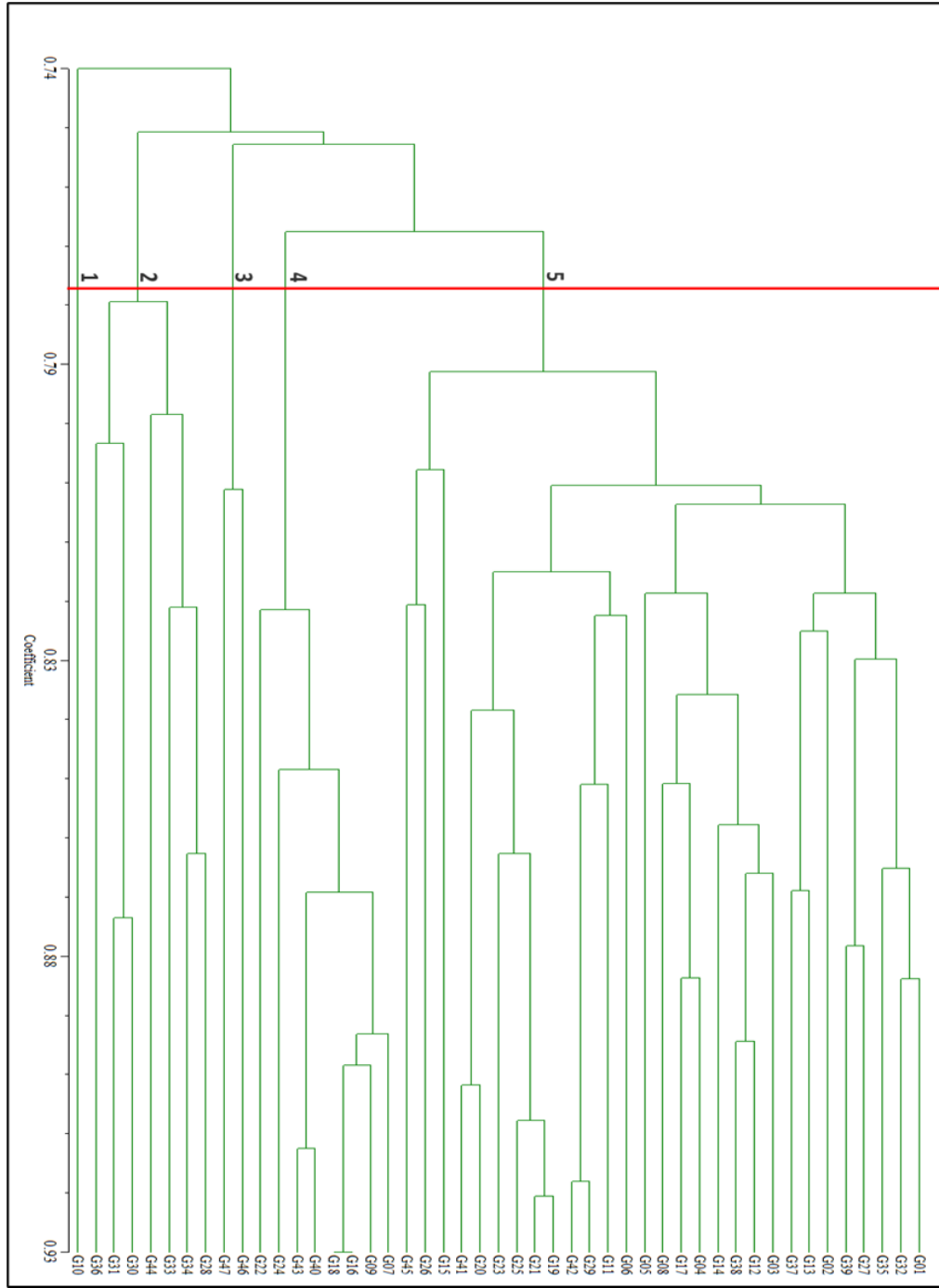
Moleküler markır verilerine uygulanan temel bileşen analizinde temel bileşenlerin ilk iki ya da üç bileşeninde açıklanan toplam varyasyon %25'in altında olduğunda özellikle birbirine yakın genotiplerin geometrik düzlemlerde ya da kümelerdeki yerlerinde sapmalar meydana gelebilmektedir (Melchinger, 1993). Bu çalışmada SRAP markırları ile pazı genotiplerinin karakterizasyonunda verilere uygulanan temel bileşen analizinden elde ettiğimiz bulgular gen havuzunda bulunan pazı genotiplerinin aşağıda verilen kümelerde ve geometrik düzlemlerde iyi temsil edildiğini göstermektedir.

4.3.2.2 Kümeleme Analizi

Doğu Karadeniz bölgesinden toplanan pazı genotipleri arasındaki genetik ilişkilerin ortaya konması amacı ile kullanılan SRAP markır verilerinden UPGAMA yöntemine göre oluşturulan gruplandırma ve korelasyon matrisi değerleri sırasıyla Şekil 4.28 ve Çizelge 4.8’de verilmiştir. Markır verilerine dayalı genetik ilişkilerin gösterildiği korelasyon matrisi ile bu ilişkinin görsel ifadesi olan dendrogramın uyumluluğunu gösteren kofenetik korelasyon değeri $r=0.65$ olarak hesaplanmıştır. Bu değer genotipler arasındaki benzerliklerin dendrogramda iyi bir şekilde ifade edildiğini ve SRAP primerleri ile yapılan bu diversifikasyon çalışmasının güvenilir sonuçlar verdiğini göstermektedir. Moleküler verilerden yararlanılarak oluşturulan bu dendrogramda pazı genotiplerini 5 ana grupta toplamak mümkündür. Şekil 4.28’de de görüldüğü gibi genotiplerin büyük çoğunluğu 5 nolu grupta yer alırken 1 numaralı grupta sadece Giresun ili Doğankent ilçesinden alınan G10 nolu genotip yer almıştır. Üç nolu grupta ise sadece tanık olarak kullanılan G46 ve G47 kodlu (sırasıyla Naobi ve Yakut) ticari çeşitler yer alırken diğer genotipler 2, 4 ve 5. gruplarda kümelenmiştir. En fazla genotip (29 adet) 5 nolu grupta kümelenmiştir. İki nolu grupta kümelenen toplam 7 genotipin 6’sı (%85.7) Rize ilinden toplanan pazı genotipleri olurken, Rize ilinden toplanan diğer 4 genotip te 5 nolu grupta kümelenmiştir.

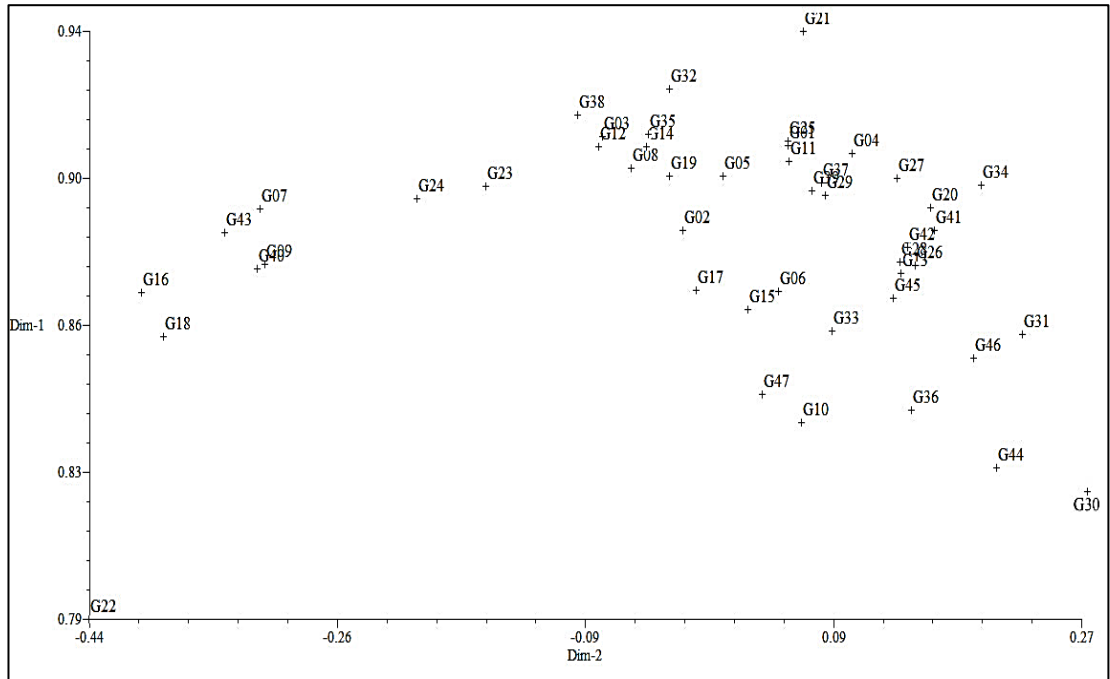
Genetik karakterizasyon çalışmaları ile gen havuzunun niteliğinin ortaya konmasında çeşit/genotip/hatlar arasındaki benzerlik indeksi değerleri önemli bir faktördür. Benzerlik indeksi matrisi (korelasyon matrisi) çok (2 ya da daha fazla) boyutlu koordinatlara dönüştürülerek (Schiffman ve ark., 1981; Beebe ve ark., 1995). Oluşturulan çok boyutlu veri matrisi ile genotipler 2 ya da 3 boyutlu geometrik düzlemlerde mekânsal olarak temsil edilebilmekte ve daha kolay yorumlanabilmektedir (Thompson ve ark., 1998; Skroch ve ark., 1998) (Şekil 4.28 ve 4.29). Gen havuzunda bulunan materyaller arasındaki benzerlik indeksi değerlerinin düşük olması gen havuzu tabanının geniş olduğunu gösterir ki bu ıslahçılar için iyi bir varyasyon kaynağıdır. Yürüttüğümüz çalışmada Doğu Karadeniz bölgesinden toplanan pazı genotipleri arasındaki benzerlik indeks değerleri 0.58 ile 0.93 arasında değişmiştir (Çizelge 4.8). Genotipler arasındaki ortalama benzerlik indeksi değeri 0.77 olarak hesaplanmıştır. Giresun ili Piraziz ilçesinden toplanan G16 kodlu genotip ile Ordu ili Kabadüz ilçesinden alınan G18 kodlu genotipler 0.93 benzerlik indeksi değeri

ile genetik olarak birbirine en yakın pazı genotipleri olmuştur. Diğer yandan Ordu ili Fatsa ilçesinden alınan G22 kodlu genotip ile Rize ili Pazar ilçesinden toplanan G30 kodlu pazı genotipleri de genetik olarak birbirine en uzak (0.58) pazı genotipleri olmuştur. SRAP markırları ile elde edilen genetik karakterizasyonda gen havuzunda bulunan pazı genotipleri arasındaki genetik varyasyonun önemli olduğu kanısındayız.

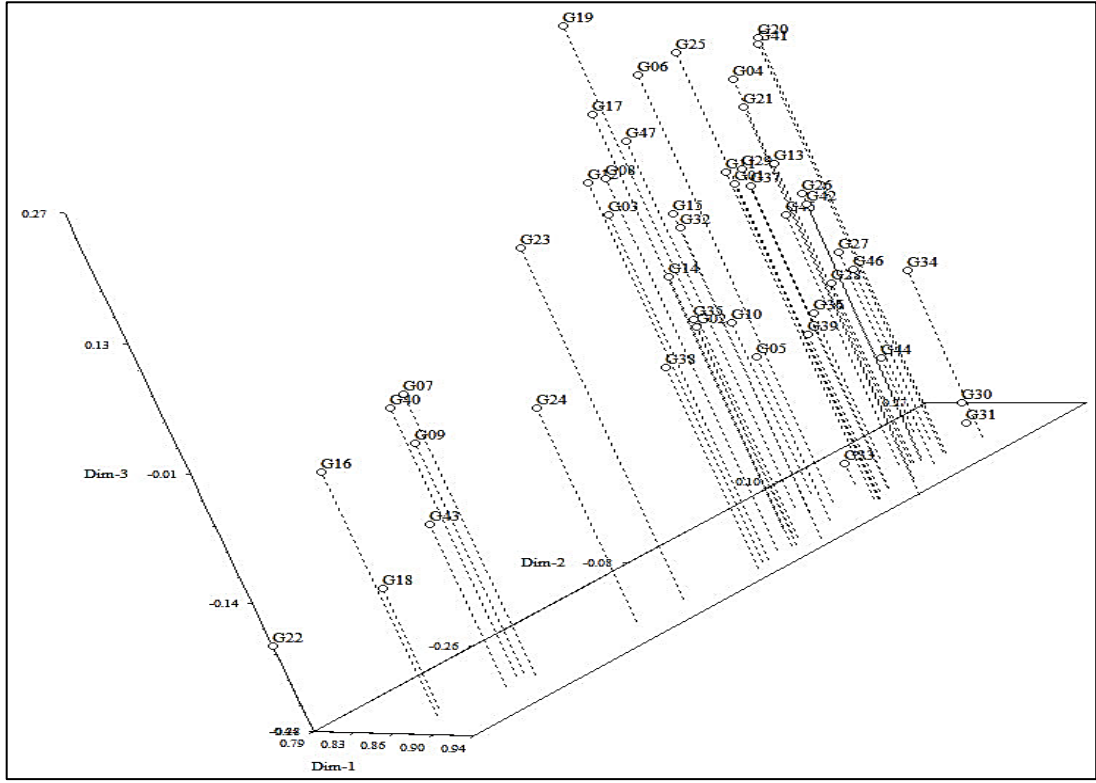


Şekil 4.28 SRAP Verilerinden Elde Edilen Pazı Genotip ve Çeşitlerine Ait Dendrogram

Genetik karakterizasyon çalışmalarında kullanılan gen havuzunun niteliği çeşit/genotip/hatlar arasındaki benzerlik katsayılarının değişiminde en önemli faktördür. Genetik tabanı geniş olan yani içinde farklı pazı türlerini de içeren pazı genetik kaynaklarının karakterizasyonunda benzerlik katsayıları arasındaki yelpaze çok geniş olmaktadır. SRAP markırları ile oluşturulan dendrogramda pazı hatlarının benzerlik indeks değerleri 0.58 ile 0.93 arasında değişim göstermiştir. Pazı dağılım grafiği incelendiğinde G30 genotipi 0.58 benzerlik katsayısı ile G22 genotipi ile birbirlerine en uzak genotipler olarak tespit edilmişlerdir. Faktör analizinden elde edilen veriler kullanılarak gen havuzunda yer alan genotiplerin birbirleri ile ilişkileri iki boyutlu ve üç boyutlu düzlemde gösterilmiştir (Şekil 4.29, Şekil 4.30). Bu düzlemler incelendiğinde genotiplerin birçoğunun birbirlerine uzak olması mevcut genotiplerin birbirinden genetik yönden çok farklı olduğunu göstermektedir. Ayrıca genotiplerin genetik yönden birbirlerinden uzak noktada yer alması genetik varyasyonun yüksek olduğuna işaret etmektedir.



Şekil 4.29 Pazı Genotiplerinin Temel Bileşen Analizinden Elde Edilen Eksenler ile Oluşturulan İki Boyutlu Düzlemde Dağılımı



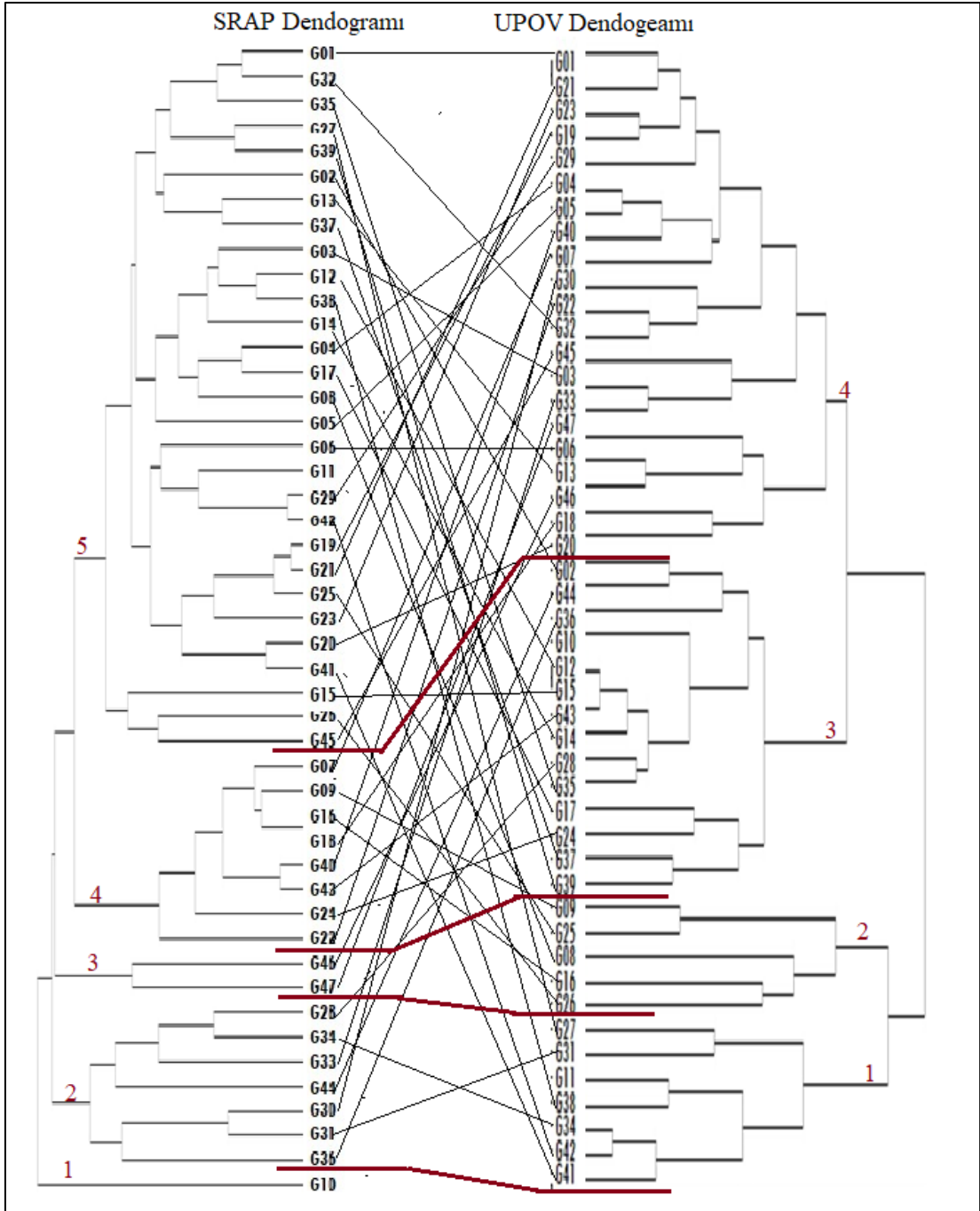
Şekil 4.30 Pazı Genotiplerinin Temel Bileşen Analizinden Elde Edilen Eksenler ile Oluşturulan Üç Boyutlu Düzlemde Dağılımı

4.4 Morfolojik, Biyokimyasal ve Moleküler Verilerle Elde Edilen Sonuçların Karşılaştırılması

Morfolojik ve moleküler verilerle oluşturulan dendrogram grafiği Şekil 4.30'da sunulmuştur. Şekilde de görüleceği üzere morfolojik ve moleküler verilerle oluşturulan akrabalık ağaçları %100 örtüşmemiştir. Bununla birlikte bazı hatların, oluşturulan dendrogramlarda aynı alt sınıfta yer aldığı da dikkat çekmiştir. Örneğin G31, G34, G24 ve G43 nolu genotipler farklı dendrogramlarda aynı alt sınıfta yer alan çeşitler olmuştur. Benzer şekilde G45, G26, G15, G20, G23, G21, G19, G29, G06, G05, G04, G03, G13, G32 ve G09 genotipleri de farklı kümeleme dendrogramlarında yakınlık gösteren genotipler olmuştur. G22, G40, G18 ve G07 genotiplerinin ise farklı dendrogramlarda aynı grupta yer alan genotipler olduğu belirlenmiştir. Her iki dendrogram karşılaştırıldığında en uzak genotiplerin ise G01 ile G34 genotiplerinin olduğunu söylemek mümkündür. Zira bu genotipler farklı dendrogramlar arasında oldukça farklı sınıflarda yer almışlardır (Şekil 4.31).

Genotiplerde yapılan biyokimyasal analizler sonucu elde edilen verilerin deęerlendirmesi ile toplam fenolik, flavonoid ve antioksidan aktivitesi bakımından G13, G27, G31, G33 ve G44 genotiplerinin dięer genotiplere oranla daha yksek biyokimyasal özelliklere sahip olduęu belirlenmiřtir. Morfolojik analizler sonucu elde edilen verilerin deęerlendirmesi ile yaprak ayası antosiyanin renklenmesi, yaprak ayası antosiyanin renklenmesi yoğunluęu bakımından G03, G04, G13, G18, G23, G30, G31, G33 ve G46 genotiplerinin dięer genotiplere oranla daha yksek antosiyanin renklenmesine sahip olduęu tespit edilmiřtir.

Morfolojik ve biyokimyasal analizler sonucu elde edilen veriler karřılařtırıldıęında G13, G31 ve G33 genotiplerinin her iki deęerlendirmede de antosiyanin özellięi aısından n plana ıktıęı grlmřtir. Molekler karakterizasyon analizleri sonucu, G31 ve G33 genotiplerinin aynı grupta yer aldıęı ve 0.83 oranında benzer olduęu tespit edilmiřtir. Morfolojik, Biyokimyasal ve Molekler analizler karřılařtırıldıęında G31 ve G33 genotiplerinin ortak özelliklere sahip olduęu tespit edilmiřtir.



Şekil 4.31 UPOV Verileri ve Moleküler Verilerle Oluşturulan Dendogramların Karşılaştırılması

SONUÇ ve ÖNERİLER

Pazı ülkemizde ilk kültüre alınan ve buradan Avrupa'ya yayılan büyük bir tür, form ve tip zenginliği gösteren bir bitkidir. Pazı gen kaynağı potansiyeli olabilecek türler, kendi içerisinde geniş fenotipik özellikler göstermektedir. Pazı genetik kaynaklarının belirlenmesi, toplanması ve ulusal koleksiyonlar olarak saklanması büyük önem arz etmektedir. Islah stratejileri; yüksek verim, kalite ve stabiliteye sahip ürün ile üretici ve tüketici topluluklar tarafından arzu edilen pazı çeşidi geliştirebilmek için yol gösterecek olan bilgi ve tekniklerin çerçevesini oluşturmayı amaçlar. Bu sayede, pazı tüketimi artırılarak bu bitkinin insan beslenmesi ve sağlığına katkısı artırılmış olacaktır. Islah çalışmalarının en önemli iş planlarının başında bitkinin doğru bir şekilde tanımlanması gelir. Bu nedenle seçimlerimizi kolaylaştırmak ve ıslah planının hedeflendiği noktaya ulaşmasını sağlamak için öncelikli olarak tanımlama çalışmalarının yapılması büyük önem taşımaktadır. Araştırmamızda pazı genotiplerinde çeşit adayı olabilecek genotiplerin varlığını belirlemek amacıyla Doğu Karadeniz bölgesinden seçilen pazı genotiplerinin morfolojik, biyokimyasal ve moleküler karakterizasyonları yapılmıştır.

Morfolojik karakterizasyon UPOV pazı tanımlama kriterlerine göre yapılmıştır. Karakterizasyon çalışmalarında genotiplerin yaprak, fide ve çiçeklenme zamanı üzerinde toplam 16 morfolojik özellik incelenmiştir. Gelişimini tamamlamış yapraklarda yaprak uzunluğu, yaprak ayası uzunluğu, yaprak ayası genişliği, yaprak sapı uzunluğu, yaprak sapı genişliği, yaprak sapı iç kesit eğriliği, ölçülmüştür. Aynı yapraklarda fide antosiyanin renklenmesi yoğunluğu, yaprak duruş pozisyonu, yaprak ayası yeşil rengin yoğunluğu, yaprak ayası kenar şekillenmesi, yaprak ayası parlaklığı, yaprak ayası kabarcıklanma durumu, yaprak ayası antosiyanin renklenmesi, yaprak ayası antosiyanin renklenmesi yoğunluğu ve yaprak sapı rengi görsel olarak değerlendirilmiştir. Ayrıca genotiplerin çiçeklenme durumu da incelenmiştir.

Pazı genotiplerinin yapraklarında ölçülen yaprak uzunluğu, yaprak ayası uzunluğu, yaprak ayası genişliği, yaprak sapı uzunluğu, yaprak sapı genişliği, yaprak sapı iç kesit eğriliği, özellikleri ile deneme parselindeki örnek standart genotipler ile karşılaştırıldığında; standart anaçların bu özellikler bakımından farklılıkları olduğu saptanmıştır. Genotiplerin yapraklarında gözlenen fide antosiyanin renklenmesi

yoğunluğu, yaprak duruş pozisyonu, yaprak ayası yeşil rengin yoğunluğu, yaprak ayası kenar şekillenmesi, yaprak ayası parlaklığı, yaprak ayası kabarcıklanma durumu, yaprak ayası antosiyanin renklenmesi, yaprak ayası antosiyanin renklenmesi yoğunluğu ve yaprak sapı rengi gibi özellikler deneme parselindeki örnek standart genotipler ile karşılaştırılmıştır. Karşılaştırma sonucunda pazı genotipleri bu özellikler bakımından standart genotipler ile uyumlu olduğu görülmüştür.

Analizler sonucunda toplam 101 polimorfik allel belirlenmiştir. Allel sayıları dikkate alındığında en yüksek allel, 8 allel sayısı ile ME03-EM13 primerinden elde edilmiştir. Ortalama allel sayısı ise 4.29 olarak belirlenmiştir. Moleküler olarak incelenen pazı genotipleri arasında homonim ve benzer genotiplere rastlanmamıştır. Genetik ilişki dendogramında temel olarak beş ana dal görülmektedir. İlk dal kendi içerisinde tek gruba ayrılmıştır. Genotipler arasında en yüksek benzerlik oranı; %93 olarak tespit edilmiştir.

Moleküler çalışmaları yapılan pazı genotiplerde çalışmada yer alan genotiplerin genetik olarak tanımlanması için moleküler yöntemlerden SRAP yöntemi kullanılmış ve 20 adet ileri ve 15 adet geri SRAP primer kombinasyonu test edilmiştir. Moleküler düzeyde yapılan karakterizasyonun morfolojik markırlar kullanılarak genotipler arasındaki ilişkiyi ve genetik çeşitliliği desteklediğini ve bu markır sistemlerinin etkin bir şekilde amaca hizmet ettiğini göstermektedir. SRAP markır sisteminin pazıda pek fazla kullanılmamasına rağmen tarafımızdan yapılan çalışmada yüksek polimorfizm göstermesi bu markır sisteminin pazı türlerinde başarı ile kullanılabileceğini ortaya koymaktadır. İncelenen genotipler, Ordu Üniversitesinde muhafazaya alınıp diğer moleküler markır tekniklerinin de kullanılması ile genomda ifade edilecek daha fazla bölgenin taranması sağlanacaktır. Böylece üzerinde çalıştığımız genotipler hakkında daha fazla bilgi sahibi olunacaktır.

Genotipleri üzerinde yaptığımız morfolojik karakterizasyon çalışmalarındaki gözlem ve ölçümlerin bir kısmı görsel olduğundan morfolojik markır olarak güvenilirlikleri kesin olmayabilir. Morfolojik özelliklerin çevresel faktörlerden de etkilendikleri dikkate alındığında morfolojik karakterizasyon çalışmalarının moleküler tekniklerle birlikte değerlendirilmesi gerekmektedir. Ayrıca tanımlama

çalışmalarında morfolojik kriterlerin moleküler markır gibi kullanılması için daha detaylı çalışmalara ihtiyaç vardır.

Tarafımızdan yürütülen çalışmalarda mevcut gen havuzunun agromorfolojik özellikleri belirlenerek pazı gen havuzunun yüksek varyabiliteye sahip olduğunu göstermiştir. Bu araştırma Karadeniz Bölgesi'nde hatta ülkemizde pazı genotiplerinin morfolojik ve moleküler düzeyde tanımlamasına yönelik ilk kapsamlı çalışmadır. Bu nedenle çalışmamız, günümüzde ve gelecekte yürütülecek çalışmalara ve bu konudaki diğer araştırmalara ışık tutacaktır. Pazı genetik kaynaklarında yer alan ve ülkemizde yetiştirilen farklı özelliklere sahip genotipler arasında antioksidan kapasitesi, fenolik bileşikler ve C vitamini açısından yüksek varyabilite belirlenirken bazı çeşitlerin incelenen içerik yönünden ıslah programlarında kullanılabilme şansının yüksek olduğu bildirilmektedir. Uzun yıllar süregelen yetiştirme dönemi içerisinde meydana gelen doğal seleksiyonlar, yaygın üretim alanlarının farklı ekolojik koşullara sahip olması, tüketici istekleri ve bölgelere göre değişebilen farklı değerlendirme şekilleri doğrultusunda üreticiler tarafından uygulanan seleksiyonlar pazı gen kaynaklarının varyabilitesinin yüksek olmasını sağlamıştır Ayrıca araştırma sonuçlarımız, bu konuda ülkemiz araştırmacılarının pazı genotiplerinde yaptıkları benzer çalışmalarda karşılaştırma yapabilecekleri ön bilgi niteliği taşımaktadır.

Sonuç olarak mevcut gen havuzunu oluşturan genotiplerin birbirine olan genetik uzaklıklarının/yakınlıklarının belirlenmesi yanında farklı kalite özelliklerinin iyileştirilmesi için yürütülecek ıslah programlarında melez kombinasyonlarının oluşturulabilmesi açısından büyük önem taşımaktadır. Bu sayede çeşit geliştirme çalışmalarında, ıslah çalışmalarının süresinin kısaltılması ve melezleme kombinasyonlarının belirlenmesinde doğru programların oluşturulabilmesine olanak sağlanacaktır.

KAYNAKLAR

- Andrello, M., Henry, K., Devaux, P., Verdelet, D., Desprez, B., & Manel, S. (2017). Insights into the genetic relationships among plants of Beta section Beta using SNP markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 130, 1857–1866.
- Abou-Deya, I. (1991). Productivity of some fodder beet cultivars as influenced by organic and mineral fertilizers under saline conditions of South Sinai. *Annals of Agricultural Science*, 29(1), 29-36 .
- Ağaoğlu, Y., Çelik, H., Çelik, M., Fidan, Y., Gülşen, Y., Günay, A., Halloran, N., Köksal, İ. & Yanmaz, R. (1997). Genel Bahçe Bitkileri Ankara.
- Alibas, I. (2006). Characteristics of chard leaves during microwave, convective, and combined microwave-convective drying. *Drying Technology*, 24(11) 1425-1435.
- Andrello, M., Henry, K., Devaux, P., Verdelet, D., Desprez, B. & Manel, S. (2017). Insights into the genetic relationships among plants of Beta section Beta using SNP markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 130(9) 1857-1866.
- Barros, L., Morales, P., Carvalho, A. M. & Ferreira, I. C. (2016). Ethnobotany and Food Composition Tables, Antioxidant Potential of Wild Plant Foods, Mediterranean Wild Edible Plants, Springer, New York, USA 209-232.
- Beebe, S.E., I. Ochoa, P. Skroch, J. Nienhuis, & J. Tivang. (1995). Genetic diversity among common bean breeding lines developed for Central America. *Crop Science* 35,1178–1183.
- Bolkent, Ş., Yanardağ, R., Tabakoğlu-Oğuz, A. & Özsoy-Saçan, Ö. (2000). Effects of chard (*Beta vulgaris* L. var. *cicla*) extract on pancreatic B cells in streptozotocin-diabetic rats: A morphological and biochemical study, *Journal Of Ethnopharmacology*, 73(2), 251-259.
- Bors, W., Heller, W., Michel, C. & Saran, M. (1990). Methods in enzymology, [36] Flavonoids as antioxidants: Determination of radical-scavenging efficiencies, *Elsevier*, 186,343-355.
- Bozkalfa, M. K., Eşiyok, D. & Aşçıoğlu, T. K. (2016). Diversity pattern among agromorphological traits of the Swiss chard *Beta vulgaris* L. subsp. *vulgaris* genetic resources of Turkey, *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 40(5), 684-695.
- Bozokalfa, M., Yağmur, B., Aşçıoğlu, T. K. & Eşiyok, D. (2011). Diversity in nutritional composition of Swiss chard (*Beta vulgaris* subsp. L. var. *cicla*) accessions revealed by multivariate analysis, *Plant Genetic Resources*, 9(4), 557-566.
- Çetin, Y. & Özhan, R. (1992). Hayvan Pancarı Islahı, Mandacılık Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü. TC Tarım ve Köyişleri Bakanlığı. Afyon.
- Davey, M. W., Van den Bergh, I., Markham, R., Swennen, R. & Keulemans, J. (2009). Genetic variability in Musa fruit provitamin A carotenoids, lutein and mineral micronutrient contents. *Food Chemistry*, 115 (3), 806-813.

- Demir, İ. (1990). Genel Bitki Islahı, Yay. No:496, Bornova – İzmir. 366 s.
- Denton, O., Schippers, R. & Oyen, L. (2014). Plant resources of tropical Africa, *Vegetables*, 2, 110-111.
- Emre, D. (2020). Yerel pazı genotiplerinin agronomik özelliklerinin belirlenmesi, Yüksek Lisans Tezi, Ege Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, İzmir.
- Eşiyok, D., & Eser, B. (1990). Ege bölgesi koşullarında yeni karnabahar çeşitlerinin bitki ve verim özelliklerinin belirlenmesi. Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi 27: 111-118.
- Fehr, W. R. & Hadley, H. H. (1980). Hybridization of crop plants, American Society of Agronomy. Madison, USA.
- Forcioli, D., Saumitou-Laprade, P., Valero, M., Vernet, P. & Cuguen, J. (1998). Distribution of chloroplast DNA diversity within and among populations in gynodioecious *Beta vulgaris* ssp. *maritima* (Chenopodiaceae). *Molecular Ecology*, 7(9), 1193-1204.
- Frossard, E., Bucher, M., Mächler, F., Mozafar, A. & Hurrell, R. (2000). Potential for increasing the content and bioavailability of Fe, Zn and Ca in plants for human nutrition. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 80(7), 861-879.
- Gao, Z.J., Han, X.H. & Xiao, X.G. (2009). Purification and characterisation of polyphenol oxidase from red Swiss chard leaves. *Food chemistry*, 117(2), 342-348.
- Gennari, L., Felletti, M., Blasa, M., Angelino, D., Celeghini, C., Corallini, A. & Ninfali, P. (2011). Total extract of *Beta Vulgaris* var. *Cicla* seeds versus its purified phenolic components: antioxidant activities and antiproliferative effects against colon cancer cells, *Phytochemical Analysis*, 22(3), 272-279.
- Georgiev, V. G., Weber, J., Kneschke, E.-M., Denev, P. N., Bley, T. & Pavlov, A. I. (2010). Antioxidant activity and phenolic content of betalain extracts from intact plants and hairy root cultures of the red beetroot *Beta vulgaris* cv. Detroit Dark Red. *Plant Foods for Human Nutrition*, 65(2), 105-111.
- Gözen, V. (2008). Hıyarda (*Cucumis sativus* L.) örtüaltı yetiştiriciliğine uygun hibrit çeşit islahında morfolojik karakterizasyon, hibrit kombinasyonları ile hibrit tohum verim ve kalitesinin belirlenmesi. Yüksek Lisans Tezi, Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı, Ankara
- Grusak, M. A. & DellaPenna, D. (1999). Improving the nutrient composition of plants to enhance human nutrition and health. *Annual Review Of Plant Biology*, 50(1), 133-161.
- Haymes, K.M. (1996). Mini-prep method suitable for a plant breeding program. *Plant Molecular Biology Reporter*, 14(3), 280-284.
- Hecker, R. (1972). Inbreeding depression in diploid and autotetraploid sugarbeet, *Beta vulgaris* L. *Euphytica*, 21(1), 106-111.
- Hjerdin, A., Säll, T., Nilsson, N., Bornman, C. & Halldén, C. (1994). Genetic variation among wild and cultivated beets of the section *Beta* as revealed by RFLP analysis. *Journal of Sugarbeet Research*, 31(1), 59-67.

- Ivanovic, L., Topalovic, A., Bogdanovic, V., Durovic, D., Mugosa, B., Jadranin, M., Tesevic, V. & Beskoski, V. (2021). Antiproliferative activity and antioxidative potential of Swiss chard from Montenegro, grown under different irrigation and fertilization regimes, *British Food Journal*, 123(4), 24-38.
- Izzatullayeva, V., Akparov, Z., Babayeva, S., Ojaghi, J. & Abbasov, M. (2014). Efficiency of using RAPD and ISSR markers in evaluation of genetic diversity in sugar beet. *Turkish Journal of Biology*, 38(4), 429-438.
- Kilian, B. & Graner, A. (2012). NGS technologies for analyzing germplasm diversity in genebanks. *Briefings in Functional Genomics*, 11(1), 38-50.
- Kim, S., Sung, J., Foo, M., Jin, Y.S. & Kim, P.J. (2015). Uncovering the nutritional landscape of food, *PLoS One*, 10(3), e0118697.
- Koubaier, B. H., Snoussi, H. & Essaidi, A., Chaabouni, İ. (2014). Betalain and Phenolic Compositions, Antioxidant Activity of Tunisian Red Beet (*Beta vulgaris* L. *conditiva*) Roots and Stems Extracts, *International Journal of Food Properties*, 17(9), 1934-1945.
- Lange, W., Brandenburg, W. A. & De Bock, T. S. (1999). Taxonomy and cultonomy of beet (*Beta vulgaris* L.), *Botanical journal of the Linnean Society*, 130(1), 81-96.
- Lewellen R, P. R. & Harveson R. (2009). Botany of the beet plant, by RM Harveson, LE Hanson, and GO Hein, 140, APS Press, St.Paul, MN.
- 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 Brassica, *Theoretical and Applied Genetics*, 103(2-3), 455-461.
- Lorenz, M., Weihe, A. & Borner, T. (1994). DNA fragments of organellar origin in random amplified polymorphic DNA (RAPD) patterns of sugar beet (*Beta vulgaris* L.), *Theoretical and Applied Genetics*, 88(6-7), 775-779.
- Lowe, A., Hanotte, O. H. & Guarino, L. (1996). Standardization of molecular genetic techniques for the characterization of germplasm collections: the case of random amplified polymorphic DNA (RAPD). *Plant Genetic*, 1996(107) 50–54.
- Mangin, B., Sandron, F., Henry, K., Devaux, B., Willems, G., Devaux, P. & Goudemand, E. (2015). Breeding patterns and cultivated beets origins by genetic diversity and linkage disequilibrium analyses, *Theoretical and Applied Genetics*, 128(11) 2255-2271.
- Maynard, D. N. & Hochmuth, G. J. (1997). Knott's handbook for vegetable growers, John Wiley and Sons, Inc. New York, USA.
- Melchinger, A.E. (1993). Use of RFLP markers for analyses of genetic relationships among breeding materials and prediction of hybrid performance. Proceedings of the International Crop Science Congress, 1st, Madison, USA.
- Mesbah, M., de Bock, T. S. M., Sandbrink, J. M., Klein-Lankhorst, R. M. & Lange, W. (1997). Molecular and morphological characterization of monosomic

- additions in *Beta vulgaris*, carrying extra chromosomes of *B. procumbens* or *B. patellaris*, *Molecular Breeding*, 3(2), 147-157.
- Mita, G., Dani, M., Casciari, P., Pasquali, A., Selva, E., Minganti, C. & Piccardi, P. (1991). Assessment of the degree of genetic variation in beet based on RFLP analysis and the taxonomy of *Beta*, *Euphytica*, 55(1), 1-6.
- Mohammadi, S. A. & Prasanna, B. (2003). Analysis of genetic diversity in crop plants salient statistical tools and considerations, *Crop Science*, 43(4), 1235-1248.
- Morin, P. A., Luikart, G. & Wayne, R. K. (2004). SNPs in ecology, evolution and conservation, *Trends in Ecology & Evolution*, 19(4), 208-216.
- Muscogiuri, G., Barrea, L., Savastano, S. & Colao, A. (2020). Nutritional Recommendations for CoVID-19 Quarantine. *European Journal of Clinical Nutrition*, 74, 850-851.
- Mzoughi, Z., Chahdoura, H., Chakroun, Y., Cámara, M., Fernández-Ruiz, V., Morales, P., Mosbah, H., Flamini, G., Snoussi, M. & Majdoub, H. (2019). Wild edible Swiss chard leaves (*Beta vulgaris* L. var. *cicla*): Nutritional, phytochemical composition and biological activities, *Food Research International*, 119, 612-621.
- Ninfali, P. & Angelino, D. (2013). Nutritional and functional potential of *Beta vulgaris* *cicla* and *rubra*, *Fitoterapia*, 89, 188-199.
- Ninfali, P. & Bacchiocca, M. (2003). Polyphenols and Antioxidant Capacity of Vegetables under Fresh and Frozen Conditions, *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 51(8), 2222-2226.
- Nonnecke, I. L. (1989). Vegetable production, Springer Science & Business Media.
- Özdamar, K. (2004). Paket programlar ile istatistiksel veri analizi (çok değişkenli analizler), Kaan Kitabevi, Eskişehir, 574.
- Öztürk, A., Yildiz, K., Oztürk, B., Karakaya, O., Gun, S., Uzun, S. & Gundogdu, M. (2019). Maintaining postharvest quality of medlar (*Mespilus germanica*) fruit using modified atmosphere packaging and methyl jasmonate. *LWT*, 111, 117-124.
- Parlak, A. Ö. (2008). Ankara koşullarında bazı yemlik pancar (*Beta vulgaris* L. ssp. *Crassa Mansf.*) çeşitlerinin verim ve verim öğeleri bakımından karşılaştırılması, *Journal of Agricultural Sciences*, 14 (2), 95-100.
- Peter, C. & Ryan, L. (2011). A beetroot juice shot is a significant and convenient source of bioaccessible antioxidants, *Journal of Functional Foods*, 3,4, 329-334.
- Pokluda, R. & Kuben, J. (2002). Comparison of selected Swiss chard (*Beta vulgaris* ssp. *cicla* L.) varieties, *Horticultural Science*, 29, 114-118.
- Pyo, Y.-H., Lee, T.-C., Logendra, L. & Rosen, R. T. (2004). Antioxidant activity and phenolic compounds of Swiss chard (*Beta vulgaris* subspecies *cicla*) extracts, *Food chemistry*, 85(1), 19-26.

- Rafalski, J. A., Vogel, J. M., Morgante, M., Powell, W., Andre, C. & Tingey, S. V. (1996). Nonmammalian Genomic Analysis, Generating and using DNA markers in plants, *Elsevier*, 75-134.
- Rychcik, B. & Zawislak, K. (2002). Yields and root technological quality of sugar beet grown in crop rotation and long-term monoculture, *Rostlinna Vyroba*, 48,10, 458-462.
- Sacan, O. & Yanardag, R. (2010). Antioxidant and antiacetylcholinesterase activities of chard (*Beta vulgaris L. var. cicla*), *Food and chemical toxicology*, 48(5), 1275-1280.
- Saçan, Ö. & Yanardağ, R. (2004). Sulu Pazı (*Beta vulgaris L. Var Cicla*) Ekstraktların Antioksidan Aktivitelerinin Tayini, Ulusal Kimya Kongresi, Kars, 536.
- Saldamlı, İ. (2007). Gıda kimyası, Hacettepe Üniversitesi Yayınları.
- Savitsky, H. (1968). Effect of low colchicine concentrations on inducing autotetraploidy in sugar beets, *J. Am. Soc. Sug. Beet Technol*, 15, 101-106.
- Schiffman, S.S., Reynold M.L. & Young F.W. (1981). Introduction to multidimensional scaling: Theory, methods and applications. Academic Press, New York.
- Shun, Z. F., Chu, S. Y. & Frese, L. (2000). Report of a Working Group [IPGRI] on Beta: First Meeting 9-10 September 1999, Broom's Barn, Higham, Bury St. Edmunds, United Kingdom 2000, Study on the relationship between Chinese and East Mediterranean *Beta vulgaris L. subsp. vulgaris* (leaf beet group) accessions.
- Skroch, P.W., Nienhuis J., Beebe S., Tohm, J. & Pedraza F. (1998). Comparison of Mexican common bean (*Phaseolus vulgaris L.*) core and reserve germplasm collections. *Crop Science*, 38, 488-496.
- Stavric, B. (1994a). Quercetin in our diet: from potent mutagen to probable anticarcinogen, *Clinical Biochemistry*, 27(4), 245-248.
- Stavric, B. (1994b). Role of chemopreventers in human diet, *Clinical Biochemistry*, 27(5), 319-332.
- Şehirali, S. & Özgen, M. (1987). Bitki genetik kaynakları. Ankara Üniv. Ziraat Fak. Yayınları No: 1020. Ders Kitabı: 294, Ankara
- Şehirali, S., Özgen, M., Karagöz, A., Sürek, M., Adak, S., Güvenç, İ., Tan, A., Burak, M., Kaymak, H. & Kenar, D. (2005). Bitki genetik kaynaklarının korunma ve kullanımı, TMMOB Ziraat Mühendisleri Odası VI. Teknik Kongresi, 1, 253-273.
- Şen, F. (2019). Şeker pancarı (*Beta vulgaris L.*) kromozomlarının mikrosatelit lokusları bakımından karakterize edilmesi, Necmettin Erbakan Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri, Konya.
- Thompson, J.A., Nelson R.L., & Vodkin L.O. (1998.) Identification of diverse soybean germplasm using RAPD markers. *Crop Science*. 38, 1348-1355.

- 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.
- Tan, A., Adanacıoğlu, N., Karabak, S., Aysar, N., Tan, A. S. & Aykas, L. (2017). Sea beets [*Beta vulgaris* subsp. *maritima* (L.) Arcang.] wild edible beets and home garden beets of Turkey, *Anadolu Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü Dergisi*, 27(2), 54-61.
- TUİK.(2017). Türkiye İstatistik Kurumu, Bitkisel Üretim İstatistikleri. <https://biruni.tuik.gov.tr/bitkisel/app/bitkisel.zul/> (Erişim tarihi: 21 Kasım 2020).
- Turunç, A. & KAÇAR, Y. A., (2010). Klemantin mandarininde (*Citrus clementina* Blanco) SSR markırleri ile genetik haritalama, Yüksek Lisans Tezi, Çukurova Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Biyoteknoloji Anabilim Dalı, Adana.
- Ulukapı, K. & Şener, S. (2018). Farklı organik gübrelerin tarla ve örtüaltı koşullarında yetiştirilen karnabaharın bitki gelişimi ve verim parametreleri üzerine etkisi. *Selcuk Journal of Agriculture and Food Sciences*, 32(3): 510-515.
- Uzun, A. (2009). Turunçgillerde genetik çeşitliliğin SRAP markırları ile karakterizasyonu. Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi, Adana.
- Váli, L., Stefanovits-Bányai, É., Szentmihályi, K., Fébel, H., Sárdi, É., Lugasi, A., Kocsis, I. & Blázovics, A. (2007). Liver-protecting effects of table beet (*Beta vulgaris* var. *rubra*) during ischemia-reperfusion, *Nutrition*, 23(2), 172-178.
- Viard, F., Arnaud, J. F., Delescluse, M. & Cuguen, J. (2004). Tracing back seed and pollen flow within the crop-wild *Beta vulgaris* complex: genetic distinctiveness vs. hot spots of hybridization over a regional scale, *Molecular Ecology*, 13(6), 1357-1364.
- Vural, H., Eşiyok, D. & Duman, İ. (2000). Kültür Sebzeleri(Sebze Yetiştirme). Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölümü Yayını, Ege Üniversitesi Basımevi, ISBN 975-97190-0-2, 440s. İzmir
- Wang, H., Wu, Z. D., Wang, X. V. & Fang, Z. Y. (2008). Analysis of the Genetic Diversity in Different Types of Sugar Beets by SRAP and SSR Markers, *Airiti Library*, 34(1), 37-46.
- Wang, Wu, Z. D. & Wang, H. Z. (2011). Genetic diversity of major sugar beet varieties from three regions of China with SRAP markers, *Acta Agronomica Sinica*, 37(5), 811-819.
- Williams, J. G., Kubelik, A. R., Livak, K. J., Rafalski, J. A. & Tingey, S. V. (1990). DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers, *Nucleic acids research*, 18(22), 6531-6535.
- Wruss, J., Waldenberger, G., Huemer, S., Uygun, P., Lanzerstorfer, P., Müller, U., Höglinger, O. & Weghuber, J. (2015). Compositional characteristics of commercial beetroot products and beetroot juice prepared from seven beetroot varieties grown in Upper Austria, *Journal of Food Composition and Analysis*, 42, 46-55.

Yildiz, M., Ekbic, E., Keles, D., Sensoy, S., & Abak, K. (2011). Use of ISSR, SRAP, and RAPD markers to assess genetic diversity in Turkish melons. *Scientia Horticulturae*, 130(1), 349-353.

ÖZGEÇMİŞ

Kişisel Bilgiler	
Adı Soyadı	Malik Arsal KOSE
Doğum Yeri	GİRESUN
Doğum Tarihi	21.09.1973
Uyruğu	<input checked="" type="checkbox"/> T.C. <input type="checkbox"/> Diğer:
Telefon	05055413144
E-Posta Adresi	malikarsal@hotmail.com
Eğitim Bilgileri	
Lisans	
Üniversite	Atatürk Üniversitesi
Fakülte	Ziraat Fakültesi
Bölümü	Zootekni
Mezuniyet Yılı	08.07.1996
Lisans	
Üniversite	Anadolu Üniversitesi
Fakülte	İktisat Fakültesi
Bölümü	Kamu Yönetimi
Mezuniyet Yılı	06.09.2004
Yüksek Lisans	
Üniversite	Ordu Üniversitesi
Enstitü Adı	Fen Bilimleri Enstitüsü
Anabilim Dalı	Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı
Mezuniyet Tarihi	23.01.2015
Doktora	
Üniversite	Ordu Üniversitesi
Enstitü Adı	Fen Bilimleri Enstitüsü
Anabilim Dalı	Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı
Mezuniyet Tarihi	-
Yayımlar	
Umezawa, K. & Köse, M.A. (2014). Giresun İli Tarımsal Üretimde Tüketici davranışları araştırma raporu. Giresun Tarım ve Orman İl Müdürlüğü	
Köse, M.A. (2015). Humus ve humik asit uygulamalarının marulda besin elementi alımı ve verim üzerine etkileri. Yüksek Lisans Tezi. Ordu Üniversitesi, Ordu, 60s.	
Ekbiç, E., Köse M.A., Korkmaz, K., & Hasancaoğlu, E.M. (2015). Humus ve humik asit uygulamalarının marulda besin elementi alımı ve verim üzerine etkileri, VII Bahçe Bitkileri Kongresi, 25 – 29 Ağustos, Çanakkale, Türkiye	
Ekbiç, E., Çağiran C., Korkmaz K., Köse M.A. & Aras V. (2017). Assessment of watermelon accessions for salt tolerance using stress tolerance indices. <i>Cienc Agrotec</i> 41, 616-625.	
Demirkol, M., Tarakçı, Z., Köse, M.A., Bekdemir, A., & Güral, M.Ö. (2018). Physicochemical properties of liquorice extract added ice-cream. International Congress on Engineering and Life Science. 26-29 April, 2018, Kastamonu, Turkey.	
Köse, M. A., Ekbiç, E. & Arıcı, Y. (2019), Determination of protein, vitamins, amino acids and mineral element content of Yenice and Pınarlı bean (<i>Phaseolus vulgaris</i> L.) genotypes. <i>Turkish Journal of Food and Agriculture Sciences</i> ,1 (1), 6-11	
Öztürk, D, İslam, A, Turan, A & Köse, M.A. (2021). Bulancak İlçesinde Tarımsal İşletmelerin ve Üretim Faaliyetlerinin İncelenmesi. <i>Karadeniz Sosyal Bilimler Dergisi</i> , 13 (24) , 148-163.	

