



Doğu Akdeniz Bölgesinden Toplanan Bazı Adaçayı Türlerinin Genetik Farklılıklarının Belirlenmesi

Ebru Çardaklı¹, Adem Bardak^{2*}, Muzaffer Özdemir³

¹Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı, 46050 Kahramanmaraş, Türkiye

²Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü, 46050 Onikişubat/Kahramanmaraş, Türkiye

³Gıda Tarım ve Hayvancılık Bakanlığı, Doğu Akdeniz Geçit Kuşağı Tarımsal Araştırma Enstitüsü, 46040 Kahramanmaraş, Türkiye

MAKALE BİLGİSİ

Araştırma Makalesi

Geliş 06 Şubat 2017
Kabul 13 Nisan 2017

Anahtar Kelimeler:

Adaçayı
Salvia spp.
Genetik farklılık
SRAP
Doğu Akdeniz

*Sorumlu Yazar:

E-mail: adembardak@ksu.edu.tr

Ö Z E T

Adaçayı (*Salvia* spp.), Lamiaceae ailesinin en önemli ve en büyük cinsi olup, tıbbi bitkiler içerisindeki önemi giderek artmaktadır. Adaçayı bitkisi yaygın olarak ilaç, gıda ve baharat endüstrisinde ve insanlar tarafından çayı yapılarak kullanılmaktadır. Doğadan kontrolsüz olarak toplanarak pazara sunulması, bu çay türlerinin geleceğini tehdit etmektedir. Bu nedenle, türlerin koruma altına alınması ve genetik karakterizasyonlarının yapılmasının yanında ıslah programlarının başlatılması gerekmektedir. Bu amaçla, çalışmamızda Doğu Akdeniz Bölgesinden 11 farklı adaçayı türü toplanmış ve SRAP (Sekansa bağlı çoğaltılmış polimorfizm) markörleri kullanılarak, türler arasındaki genetik farklılıklar belirlenmiştir. Çalışma sonucunda, tespit edilen markörlerin ortalama polimorfizm oranı, allel sayısı, polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değerleri sırası ile %90,91, 4,2 ve 0,91 olarak bulunmuştur. PIC değeri 0,04 ile 0,99 aralığında değişmiştir. Türler arasındaki ortalama genetik farklılık %43,15 olarak belirlenirken, en fazla genetik farklılık %61,46 ile *Salvia aucheri* spp. *aucheri* ve *Salvia aramiensis* türleri arasında, en az genetik farklılık ise %22,62 ile *Salvia tomentosa* ve *Salvia hypergeia* türleri arasında belirlenmiştir. Ayrıca kullanılan SRAP markörlerinin adaçayı türlerinin genetik karakterizasyonunda güvenilir bit teknik olduğu görülmüştür. Türler arası uyumsuzluklara dikkat edilerek oluşturulacak ıslah programlarında yüksek genetik farklılık gösteren türlerin ebeveyn olarak seçilmesi ıslah başarısını arttıracaktır.

Turkish Journal Of Agriculture - Food Science And Technology, 5(6): 695-700, 2017

Determination of Genetic Diversity of Some Sage Species Collected From Eastern Mediterranean Region

ARTICLE INFO

Research Article

Received 06 February 2017
Accepted 13 April 2017

Keywords:

Sage
Salvia spp.
Genetic diversity
SRAP
Eastern Mediterranean

*Corresponding Author:

E-mail: adembardak@ksu.edu.tr

ABSTRACT

Sage (*Salvia* spp.) is the most important and largest genus of the Lamiaceae family, and the popularity among medical plants is increasing. Sage plant is widely used in pharmaceutical, food and spice industries and as tea by many people. The fact that the plant may be marketed after being collected uncontrollably from the nature threatens its future. Therefore, it is necessary to put these species under protection and to start breeding projects as well as to do genetic characterization of them. For this purpose, in the study, 11 different sage species from the Eastern Mediterranean region were collected and genetic differences among species were determined using SRAP (Sequence dependent replicated polymorphism) markers. As the result of our experiments, average polymorphism content, allele number and polymorphism information content (PIC) of the species were calculated as 90.91%, 4.2 and 0.91, respectively. The PIC values ranged from 0.04 to 0.99. While the average genetic difference among species was determined as 43.15%, the highest genetic difference, which was between *Salvia aucheri* spp. *aucheri* and *Salvia aramiensis*, was found to be 61.46%. The least genetic difference, on the other hand, was detected between *Salvia tomentosa* and *Salvia hypergeia* species with 22.62% similarity. Additionally, according to the observations made through the study, the SRAP markers we used were thought to be reliable for the genetic characterization of sage species. In breeding programs where interspecies dissimilarities are considered, selecting parental species with high genetic differences will increase the success.

Giriş

Adaçayı, *Salvia* türlerine verilen genel bir isim olup Lamiaceae familyasının en fazla tür içeren cinslerinden birisidir. Orta Amerika, Güneybatı ve Orta Asya'da yayılış gösteren yaklaşık 1000 tür içermektedir (Bown, 1995; Duman ve Byfield, 2000; Walker ve Sytsma, 2007). Türkiye'de toplam 109 (97 tür, 4 alttür ve 8 varyate) adaçayı taksonu bulunduğu ve bunlardan 51 türün endemik olduğu (Davis, 1982; Nakipoğlu, 1993; Seçmen ve ark., 1998; Karık ve ark., 2013) ve 40'tan fazlasının Akdeniz Bölgesine özgü olduğunu bildirilmektedir (İnce ve Karaca, 2015).

Salvia cinsi, alternatif tıbbın popülaritesinin artmasına bağlı olarak ilaç, gıda ve baharat üretimi gibi çeşitli endüstrilerde kullanımı artış göstermektedir (Wang ve ark., 2011). Ayrıca, *Salvia* türlerinde başlıca kimyasal bileşen olarak metabolitlerin bolluğu, anti-enflamatuar (ağrı kesici, ateş düşürücü), antitrombotik (kan pıhtılaşmasını engelleyici) ve damar açıcı gibi etkilerinden dolayı, farklı farmakolojik özelliklere sahiptirler (Erbano ve ark., 2015). Adaçayı aynı zamanda AIDS (acquired immuno deficiency syndrome), diyabet, karaciğer rahatsızlıkları ve alzheimer hastalığı gibi çeşitli hastalıkların tedavisinde de kullanılmaktadır (Javan ve ark., 2012).

Tıbbi bitkilere olan talebin artması sonucu, özellikle bu bitkiler doğadan toplanmak suretiyle pazarda yer bulmakta ve endemik birçok tür yok olma tehdiyle karşı karşıya kalmaktadır. Bu bitkilerin mevcut durumunu korumak ve artan pazar taleplerini karşılayabilmek için piyasada istenilen ürünleri, istenilen miktar ve kalitede sunmamız gerekmektedir. Ancak bunu doğadan toplayarak karşılamamız mümkün değildir. Bu bitkilerin düzenli olarak kültür, seleksiyon ve ıslah çalışmalarıyla istenilen niteliklere ulaştırılması gerekmektedir (Sönmez ve ark., 2007). Adaçayı hem generatif hem de vejetatif olarak çoğaltılabilmesinden dolayı, ıslah çalışmalarında geniş olanaklardan faydalanılabilir (Bayram ve Sönmez, 2006). Etkili bir ıslah programı hazırlarken, üstün ekonomik özelliklere sahip çeşitlerin geliştirilmesi çalışmalarında; çeşidin adaptasyon bölgesi, agronomik özellikleri, verim ve kalitesinin yanı sıra bu unsurları temelde etkileyen genetik yapının belirlenmesi ve bu bilginin ıslah programlarında kullanılabilme olanaklarının araştırılması önem taşımaktadır. Ayrıca, *Salvia* cinslerindeki morfolojik benzerlik ve yaygın doğal hibridleşme nedeniyle türlerin tanımlanmasının karmaşık

olmasından (Karaca ve ark., 2008) dolayı bu türlerin genetik karakterizasyonlarının yapılması önem arz etmektedir.

Genetik karakterizasyon çalışmalarında DNA markörleri kullanılmakta ve DNA markörleri genomdaki bir gen bölgesi ya da gen bölgesi ile ilgili DNA parçasını ifade etmektedir. Adaçayında genetik farklılığın belirlenmesi çalışmalarında; tesadüfi çoğaltılmış DNA parçaları polimorfizmi (RAPD) (Guo ve ark., 2002; Khalil ve ark., 2005; Boszormenyi ve ark., 2009; Yousefiazarkhanian ve ark., 2016), çoğaltılmış parça uzunluğu polimorfizmi (AFLP) (Hao ve ark., 2007; Wen ve Tian 2007), basit dizi tekrarları (SSR) (Deng ve ark., 2009; Bahadır, 2014), inter basit dizi tekrarı (ISSR) (Song ve ark., 2010; Yousefiazarkhanian ve ark., 2015, 2016), sekansa bağlı çoğaltılmış polimorfizm (SRAP) (Song ve ark., 2010; Aghaei ve ark., 2015) gibi DNA markörleri kullanılmaktadır.

Bu çalışma, adaçayı türleri arasındaki genetik farklılığı belirlemek amacıyla Kahramanmaraş, Adana, Hatay ve Mersin illerinden toplanmış 11 farklı adaçayı türünde SRAP markörü tekniği kullanılarak yapılmıştır.

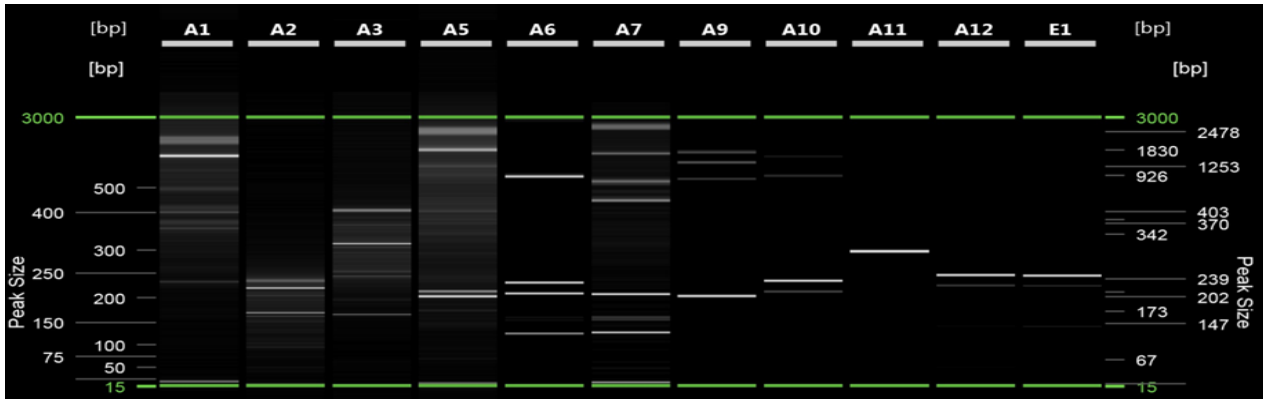
Materyal ve Metot

Çalışmada, Kahramanmaraş, Adana, Hatay ve Mersin illerinden toplanan 11 farklı adaçayı türü kullanılmıştır. Çalışmada kullanılan türler ve toplandıkları yerler Çizelge 1'de verilmiştir.

Adaçayı türlerine ait yaprak örnekleri kuru buz ile muhafaza edilerek laboratuara getirilmiş ve DNA izolasyonu yapılabildiği kadar -80°C'de muhafaza edilmiştir. DNA izolasyonu Bardak (2007)'de belirtildiği gibi yapılarak nanodrop spectrometre ile DNA miktar ve kaliteleri belirlenmiş ve 25 ng/µl'ye seyreltilerek, 18 adet SRAP markör kombinasyonu (Saebnazar ve ark., 2013) ile taranmıştır. PCR reaksiyonu için, 0,2 ml hacminde 96'luk PCR tüplerine; 1 µl dNTP (5mM) (Vivantis), 2 µl 10x PCR solüsyonu, 1,5µl MgCl₂ (25mM), SRAP marker (1 µl (10 pmol) EM ve 1 µl (10 pmol) ME), 2 µl genomik DNA (25 ng), 11 µl dH₂O, 0,5 µl DNA Taq polimeraz (vivantis) olacak şekilde toplam 20 µl solüsyon hazırlanmıştır. PCR cihazı 94°C'de 5 dak., 35°C'de 1 dk., 72°C'de 1 dk., 35 döngü (94°C'de 1 dk., 50°C'de 30 sn. ve 72°C'de 1 dk.), 72°C'de 10 da. ve 4°C'de ∞ şeklinde programlanarak markör çoğaltmaları yapılmıştır.

Çizelge 1 Çalışmada kullanılan türler ve toplandığı yerler

No	Genotip	Tür	Toplandığı Yer
1	AC-1	<i>Salvia recognita</i>	Çığsar/Andırın
2	AC-2	<i>Salvia sericeo-tomentosa</i>	Arsus/Hatay
3	AC-3	<i>Salvia napifolia</i>	Geben/Andırın
4	AC-5	<i>Salvia clicica</i>	Pozantı / Adana
5	AC-6	<i>Salvia aucheri</i> spp. <i>canescens</i>	Silifke /Mersin
6	AC-8	<i>Salvia aramiensis</i>	Arsus/Hatay
7	AC-10	<i>Salvia hypergeia</i>	Çokak/Andırın
8	AC-11	<i>Salvia plifera</i>	Başkonuş/Kahramanmaraş
9	AC-12	<i>Salvia tomentosa</i>	Kavaklı/Andırın
10	AC-13	<i>Salvia aucheri</i> spp. <i>aucheri</i>	Kuzgun/Andırın
11	AC-14	<i>Salvia officinalis</i> L.	Avşar/Kahramanmaraş



Şekil 1 ME3EM6 Primer kombinasyonu sonucu elde edilmiş jel görüntüsü (A1 : *Salvia recognita*, A2 : *Salvia sericeotomentosa*, A3 : *Salvia napifolia*, A5 : *Salvia clicica*, A6 : *Salvia aucheri* spp. *canescens*, A7 : *Salvia aramiensis*, A9 : *Salvia hypergeia*, A10 : *Salvia plifera*, A11 : *Salvia tomentosa*, A12 : *Salvia auceri*, E1 : *Salvia officinalis* L.)

Çoğaltılan DNA'lar, QIAxcel fragment analiz cihazında, QIAxcel DNA High Resolution Kit kullanılarak boyutlarına göre ayrıştırılmış ve görüntüleri alınmıştır (Şekil 1). Çalışma sonucu elde edilen DNA bantları genotiplere göre aynı uzunlukta bant olanlara '1', eğer okuduğumuz uzunlukta yoksa '0' olarak genetik veriler elde edilmiştir.

Polimorfizm bilgi içerikleri (PIC, Polymorphism Information Content) Weir, 1996 tarafından tanımlanan $PIC=1-\sum P_i^2$ formülü kullanılarak Dumlupınar ve ark. (2016)'na göre Excel'de hesaplanmıştır (P_i; araştırmada çalışılan 11 kekik türünde i'inci allelin frekansdır). Genetik yapı analizi STRUCTURE 3.4 paket programında ideal grup sayısını belirlemek amacıyla, K değerleri 1 ile 15 aralığında, permütasyon modülü, 10.000-100.000 aralığında seçilip, her bir K değeri için 5 tekrar yapılarak analiz edilmiştir. K değerleri ideal grup sayısını belirlemek amacıyla sonuçlar zip dosyasında arşiv oluşturulmuş ve bu dosya Structure harvester web sayfasına yüklenerek ΔK değeri belirlenmiştir. Türler arasındaki genetik farklılık Nei (1972)'ye göre POPGENE3.2 versiyon 1.32 (Population Genetic Analysis) (Anonim, 2016) paket programı, ve kümeleme (cluster) analizleri "Unweighted Pair Grup of Arithmetic

Means" (UPGMA) MEGA 7 (Kumar ve ark., 2016) paket programı kullanılarak yapılmıştır.

Bulgular ve Tartışma

Çalışmada 11 adet adaçayı türü arasındaki genetik farklılığı belirlemek amacıyla 18 adet SRAP primer kombinasyonu kullanılarak 70 adet polimorfik allel belirlenmiş ve polimorfizm oranı %90,91 olarak bulunmuştur. Ortalama allel sayısı 4,2 iken, en fazla allel 7 bant ile ME3-EM6, en az allel ise 2 allel ile ME11-EM15 primer kombinasyonlarında elde edilmiştir (Çizelge 2). Peng ve ark. (2014) *S. miltiorriza* türünde SRAP markörleri kullanarak yaptıkları çalışmada polimorfizm oranını %93,4 olarak, Aghaei ve ark. (2015) beş adaçayı türünde (*S. virgata* Jacq., *S. nemorosa* L., *S. officinalis* L., *S. cereal* L. and *S. sclarea* L.) SRAP markörlerini kullanarak polimorfizm oranını %96 olarak, Song ve ark. (2010), *S. miltiorriza* türünde SRAP markörlerini kullanarak yaptıkları çalışmada polimorfizm oranını %90,1 olarak bulmuşlardır. Araştırmacıların ve bizim belirlediğimiz polimorfizm oranının yüksek ve birbirleri ile örtüştüğü görülmektedir.

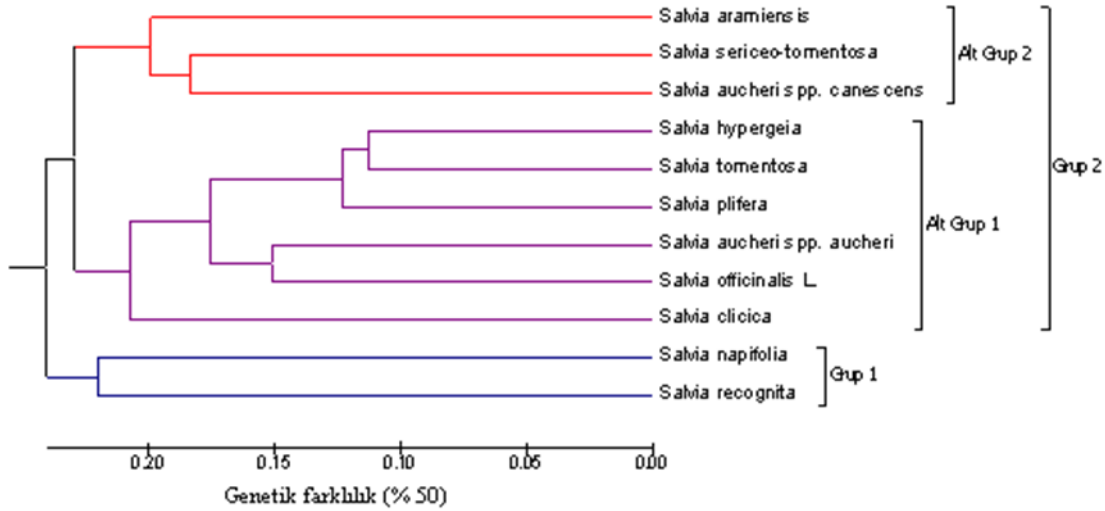
Çizelge 2 Çalışmada kullanılan SRAP markör kombinasyonları, Allel sayıları ve Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC)

Primerler	Primer Dizilimi (5'...3')	Allel Sayısı	PIC Değeri
ME6/EM4	TGAGTCCAAACCGGTAG / GACTGCGTACGAATTTGA	5	0,98
ME4/EM4	TGAGTCCAAACCGGACC / GACTGCGTACGAATTTGA	3	0,96
ME6/EM6	TGAGTCCAAACCGGTAG / GACTGCGTACGAATTGCA	4	0,99
ME8/EM1	TGAGTCCAAACCGGACT / GACTGCGTACGAATTAAT	3	0,99
ME11/EM17	TGAGTCCAAACCGGGTA / GACTGCGTACGAATTATG	5	0,99
ME1/EM5	TGAGTCCAAACCGGATA / GACTGCGTACGAATTAAC	6	0,99
ME3/EM2	TGAGTCCAAACCGGAAT / GACTGCGTACGAATTTGC	5	0,96
ME2/EM4	TGAGTCCAAACCGGAGC / GACTGCGTACGAATTTGA	4	0,99
ME3/EM1	TGAGTCCAAACCGGAAT / GACTGCGTACGAATTAAT	3	0,93
ME3/EM6	TGAGTCCAAACCGGAAT / GACTGCGTACGAATTGCA	7	0,99
ME4/EM6	TGAGTCCAAACCGGACC / GACTGCGTACGAATTGCA	6	0,04
ME11/EM15	TGAGTCCAAACCGGGTA / GACTGCGTACGAATTGAT	2	0,95
ME11/EM3	TGAGTCCAAACCGGGTA / GACTGCGTACGAATTGAC	6	0,98
ME1/EM4	TGAGTCCAAACCGGATA / GACTGCGTACGAATTTGA	3	0,90
ME3/EM3	TGAGTCCAAACCGGAAT / GACTGCGTACGAATTGAC	3	0,86
ME3/EM4	TGAGTCCAAACCGGAAT / GACTGCGTACGAATTTGA	3	0,95
ME2/EM3	TGAGTCCAAACCGGAGC / GACTGCGTACGAATTGAC	3	0,98
ME1/EM6	TGAGTCCAAACCGGATA / GACTGCGTACGAATTGCA	5	0,99

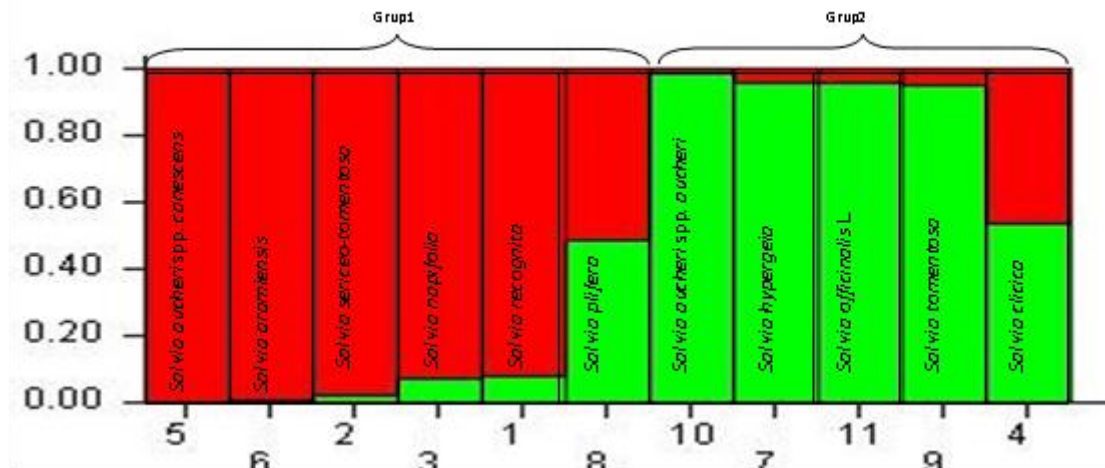
Çizelge 3 Genotipler arasındaki genetik farklılık

Populasyon (Türleri)	AC1	AC2	AC3	AC5	AC6	AC8	AC10	AC11	AC12	AC13	AC14
AC1											
AC2	0,47										
AC3	0,44	0,43									
AC5	0,52	0,56	0,52								
AC6	0,47	0,37	0,54	0,59							
AC8	0,59	0,42	0,48	0,53	0,38						
AC10	0,43	0,38	0,39	0,46	0,42	0,41					
AC11	0,41	0,43	0,45	0,47	0,45	0,38	0,27				
AC12	0,42	0,38	0,46	0,43	0,41	0,41	0,23	0,23			
AC13	0,54	0,49	0,58	0,33	0,60	0,61	0,44	0,41	0,30		
AC14	0,44	0,40	0,53	0,38	0,43	0,41	0,26	0,37	0,32	0,30	

AC1: *Salvia recognita*, AC2: *Salvia sericeotomentosa*, AC3: *Salvia napifolia*, AC5: *Salvia clica*, AC6: *Salvia aucheri* spp. *canescens*, AC8: *Salvia aramiensis*, AC10: *Salvia hypergeia*, AC11: *Salvia plifera*, AC12: *Salvia tomentosa*, AC13: *Salvia aucheri* spp. *aucheri*, AC14: *Salvia officinalis* L.



Şekil 2 Nei'nin genetik mesafe matrisini kullanarak UPGMA yöntemine göre oluşturulmuş dendrogram



Şekil 3 Adaçayı genotiplerinin STRUCTURE programı ile kümeleme analizi

Ortalama polimorfizm bilgi içerik (PIC) değeri 0,91 olarak ve 0,04 ile 0,99 arasında değiştiği belirlenmiştir (Çizelge 2). Aghaei ve ark. (2015) ortalama polimorfizm bilgi içeriğini (PIC) 0,308 olarak, belirlenmişlerdir. Bizim belirlediğimiz PIC değerinin yüksek olması daha fazla sayıda ve farklı türlerin kullanılmasından kaynaklanabilir. Yine Yousefiazarkhanian ve ark. (2015) *Salvia aethiopsis*, *S. macrosiphon* ve *S. virgata* ekotiplerinde ISSR markör tekniğini kullanarak ortalama PIC değerini 0,46 olarak

belirlemişlerdir. PIC değeri, kullanılan markör tekniği ve türlerin farklı olmasından dolayı bizim çalışmamıza göre düşük kalmıştır.

Adaçayı türleri arasındaki genetik farklılık, Nei 1972'ye göre belirlenmiş olup, 0,23 ile 0,61 arasında değiştiği ve en az genetik farklılığın (0,23) *Salvia tomentosa* (AC12) ve *Salvia hypergeia* (AC10) türleri, en çok genetik farklılığın (0,61) *Salvia aucheri* ssp. *aucheri* (AC13) ve *Salvia aramiensis* (AC8) türleri arasında

olduğu belirlenmiştir (Çizelge 3). Belirlenmiş olduğumuz sonuçlar Saebnazar ve ark. (2013), Wang ve ark. (2007), Urbano ve Santos, (2015), Bahadırılı, (2014) ve Aghaei ve ark. (2015)'nin yaptıkları çalışmalarla büyük çoğunlukla örtüşmekte ve bu çalışmalarını destekler niteliktedir. Song ve ark. (2010)'nın yalnızca bir tür içerisindeki varyasyonu araştırmalarından dolayı belirledikleri genetik farklılık düşük çıkmıştır.

UPGMA (Unweighed Pair Group Method of Arithmetic Averages) yöntemi kullanılarak Nei'nin genetik mesafe matrisine göre filogenetik ağaç oluşturulmuştur (Şekil 2). Yapılan analiz sonucunda oluşturulan filogenetik ağaç ilk olarak iki ana gruba ayrılmıştır. Özellikle toplandığı coğrafik konuma göre birbirine yakın bölgelerden toplanan türlerin genetik olarak ta birbirine yakın olduğu görülmektedir.

Kümeleme analizi sonucunda, Delta K (ideal grup sayısı) 2 olarak belirlenmiş ve Şekil 3'teki genetik yapı grafiği elde edilmiştir. Grafik incelendiğinde kırmızı ve yeşille gösterilen 2 grubun elde edildiği görülmektedir. Buradan genetik olarak iki farklı grubun oluştuğu söylenebilir. Grup 1 içerisinde *Salvia aucheri* spp. *canescens*, *Salvia aramiensis*, *Salvia sericeo-tomentosa*, *Salvia napifolia*, *Salvia recognita* türlerinin yer aldığı görülmektedir. Grup 2 içerisinde *Salvia plifera*, *Salvia auceri*, *Salvia hypergeia*, *Salvia officinalis* L., *Salvia tomentosa*, *Salvia clicica* türlerinin yer aldığı görülmektedir. Sonuç olarak türler arası uyumsuzluğa dikkat ederek oluşturulacak ıslah programlarında zıt renkte yer alan türlerin ebeveyn olarak seçilmesi ıslah başarısını arttıracaktır.

Sonuç ve Öneriler

Yapılan bu çalışmada Doğu Akdeniz Bölgesinden toplanan 11 adaçayı türü kullanarak, bu türlerin birbirine olan genetik akrabalık durumları değerlendirilmiştir. Çalışmada kullanılan 18 SRAP markörünün hepsi polimorfik özellik göstermekle beraber ortalama polimorfizm değeri %90,91 olarak belirlenmiştir. En fazla allel üreten primer kombinasyonu 7 bant ile ME3-EM6 olurken, en az allel üreten primer kombinasyonu 2 bant ile ME11-EM15 olmuştur. Ortalama allel sayısı 4,2 olup, PIC değerleri 0,91 olarak bulunmuş ve PIC değeri 0,04 ile 0,99 aralığında değişmiştir. Türler arasındaki ortalama genetik farklılık %43,15 olarak belirlenirken, en fazla genetik farklılık %61,46 ile *Salvia aucheri* ssp. *Aucheri* ve *Salvia aramiensis* türleri arasında, en az genetik farklılık ise %22,62 ile *Salvia tomentosa* ve *Salvia hypergeia* türleri arasında belirlenmiştir.

Nei'nin genetik mesafe matrisine göre filogenetik ağaç oluşturulmuş ve yapılan analiz sonucunda oluşturulan filogenetik ağaç iki ana gruba ayrılmış ve coğrafik olarak birbirine yakın olan türler aynı zamanda genetik olarak da birbirine yakın çıkmıştır. Genetik yapı analizi sonucunda türler yine genetik olarak 2 gruba ayrılmış ve oluşturulacak ıslah programlarında yüksek genetik farklılık gösteren türlerin ebeveyn olarak seçilmesi ıslah başarısını arttıracaktır. Ayrıca kullanılan SRAP markör tekniği doğadan toplanacak materyallerin genetik karakterizasyonunda güvenli bir şekilde kullanılabilceği görülmüştür.

Teşekkür

Bu çalışma yüksek lisans tezinden üretilmiş olup, Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi, Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi tarafından 2015/3-36 YLS nolu proje ile desteklenmiştir. Desteği sağlayan Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimine teşekkür ederiz.

Kaynaklar

- Anonim 2016. <https://sites.ualberta.ca/~fyeh/popgene.pdf>.
- Aghaei Z, Talebi M, Rahimmalek M. 2015. Assessment of genetic diversity within and among sage (*Salvia*) species using SRAP markers. *Plant Genetic Resources*, 1-4.
- Bahadırılı NP. 2014. Hatay ilinde doğal olarak yetişen adaçayı (*Salvia* spp.) popülasyonlarının SSR markörleri ile moleküler karakterizasyonu ve sitogenetik analizleri, Yüksek Lisans Tezi, Mustafa Kemal Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü.
- Bardak A. 2007. Diploid ve Tetraploid Pamuklarda SSR Markörleriyle Belirlenen Genetik Farklılık ve Lif Kalite Özellikleriyle İlişkisi, Yüksek Lisans Tezi, Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü.
- Bayram E, Sönmez Ç. 2006. Adaçayı Yetiştiriciliği. E. Ü. Tar. Uyg. ve Araş. Merkezi Yayın Bülteni No: 48. ISSN 1300-3518. Bornova/İzmir.
- Boszormenyi A, Hethelyi E, Farkas A, Horvath G, Papp N, Lemberkovics E, Szoke E. 2009. Chemical and genetic relationships among sage (*Salvia officinalis* L.) cultivars and Judean sage (*Salvia judaica* Boiss.). *Journal of agricultural and food chemistry*, 57(11): 4663-4667.
- Bown D. 1995. *Encyclopedia of Herbs and Their Uses*. 1st American ed., Dorling, Kindersley, London.
- Davis PH. 1982. *Flora of Turkey and The East Aegeans Islands*. Vol:7, The University Press. Edinburg, İngiltere.
- Deng KJ, Zhang Y, Xiong BQ, Peng JH, Zhang T, Zhao XN, Ren ZL. 2009. Identification, characterization and utilization of simple sequence repeat markers derived from *Salvia miltiorrhiza* expressed sequence tags. *Yao xue xue bao (Acta pharmaceutica Sinica)*, 44(10): 1165-1172.
- Duman H, Byfield A. 2000. *Salvia albimaculata*. *Curtis's Botanical Magazine* 17 (2): 60-65.
- Dumlupınar Z, Jellen EN, Bonman JM, Jackson EW. 2016. Genetic Diversity and Crown Rust Resistance of Oat Landraces from Various Locations throughout Turkey. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 40(2): 262-268.
- Urbano M, Schühli GS, Santos EPD. 2015. Genetic Variability and Population Structure of *Salvia lachnostachys*. Implications for Breeding and Conservation Programs. *International journal of molecular sciences*, 16(4):7839-7850.
- Guo BL, Lin S, Feng YX, Zhao YJ. 2002. Primary research on genetic relationship among main populations of *Salvia miltiorrhiza* and genuineness of herb. *Chinese Traditional and Herbal Drugs*, 33(12): 1113-1116.
- Hao GP, Sun LY, Shi RJ, Gao YS, Wang JM. 2007. AFLP Fingerprint Analysis of *Salvia miltiorrhiza* from Shandong. *Lishizhen Medicine and Materia Medica Research*, 1.
- İnce AG, Karaca M. 2015. E-microsatellite markers for some naturally occurring *Salvia* species in the Mediterranean region. *Turkish Journal of Biology*, 39(1): 69-77.
- Javan ZS, Rahmani F, Heidari R. 2012. Assessment of genetic variation of genus 'Salvia' by RAPD and ISSR markers. *Australian Journal of Crop Science*, 6(6): 1068.
- Karaca M, İnce AG, Ay ST, Turgut K, Onus AN. 2008. PCR-RFLP and DAMD-PCR genotyping for *Salvia* species. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 88(14): 2508-2516.

- Khalil A, Hassawi DS, Kharma A. 2005. Genetic relationship among *Salvia* species and antimicrobial activity of their crude extract against pathogenic bacteria. *Asian J. Plant Sci*, 4(5): 544-549.
- Kumar S, Stecher G, Tamura K. 2016. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular biology and evolution*, msw054.
- Nakipoğlu M. 1993. Türkiye'nin Bazı *Salvia* L. türleri üzerinde karyolojik araştırmalar II. *S. viridis* L., *S. glutinosa* L., *S. virgata* Jacq., *S. verbenaca* L., *S. argentea* L. *Turkish Journal of Botany*, 17: 157-161.
- Nei M. 1972. Genetic Distance between Populations. *Am. Nat.*, 106: 283-292.
- Peng L, Ru M, Wang B, Wang Y, Li B, Yu J, Liang Z. 2014. Genetic diversity assessment of a germplasm collection of *Salvia miltiorrhiza* Bunge. based on morphology, ISSR and SRAP markers. *Biochemical Systematics and Ecology* 55: 84-92.
- Saebnazar A, Rahmani F. 2013. Genetic Variation Among *Salvia* Species Based on Sequence-Related Amplified Polymorphism (SRAP) Marker. *Journal of Plant Physiology and Breeding*, 3(1): 71-78.
- Seçmen Ö, Gemici Y, Bekat L, Leblebici E. 1998. Tohumlu Bitkiler Sıstematiği. Ege Üniversitesi Fen Fakültesi Kitaplar Serisi No: 116, İzmir.
- Song Z, Li X, Wang H, Wang J. 2010. Genetic diversity and population structure of *Salvia miltiorrhiza* Bge in China revealed by ISSR and SRAP. *Genetica*, 138(2): 241-249.
- Sönmez SEÇ, Sancaktaroğlu S, Bayram E. 2007. Farklı Biçim Yüksekliklerinin Adaçayı (*Salvia officinalis* L.) Genotiplerinde Agronomik ve Teknolojik Özelliklere Etkisinin Belirlenmesi. *Ege Üniv. Ziraat Fak. Derg.*, 44 (1): 55-70
- Walker JB, Sytsma KJ. 2007. Staminal evolution in the genus *Salvia* (Lamiaceae): molecular phylogenetic evidence for multiple origins of the staminal lever. *Annals of Botany* 100: 375-391
- Wang X, Zhou X, Gao W, Cui G, Huang L, Liu C. 2011. New analysis of EST-SSR distribution and development of EST-SSR markers in *Salvia miltiorrhiza*. *Zhongguo Zhongyao Zazhi / China Journal of Chinese Materia Medic*, 36(3): 289.
- Weir BS. 1996. *Genetic Data Analysis II: Methods for Discrete Population Genetic Data*. 2nd ed. Sunderland, MA, USA: Sinauer Associates Inc.
- Wen CX, Tian W. 2007. AFLP analysis of genetic diversity of *salvia miltiorrhiza* Bge. *Acta Agriculturae Boreali-sinica*, S2.
- Yousefiazarkhanian M, Asghari A, Ahmadi J, Asghari B, Jafari AA. 2015. Genetic Diversity Assessment of some *Salvia* sp. Ecotypes Based on ISSR Markers. *Biological Forum An International Journal* 7(1): 286-288.
- Yousefiazarkhanian M, Asghari A, Ahmadi J, Asghari B, Jafari AA. 2016. Genetic Diversity of *Salvia* Species Assessed by ISSR and RAPD Markers. *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca*, 44(2).