



Genetic Diversity and Some Fruit Characteristics of Quince Genotypes Collected from Kayseri Region

Aydın Uzun^{1,a,*}, Ayşe Çil^{1,b}, Mehmet Yaman^{1,c}, Ömer Faruk Coşkun^{1,d}

¹Department of Horticulture, Seyrani Faculty of Agriculture, Erciyes University, 38039 Kayseri, Turkey

*Corresponding author

| ARTICLE INFO | ABSTRACT |
|---|---|
| <p><i>Research Article</i></p> <p>Received : 02/10/2019 Accepted : 05/12/2019</p> <p>Keywords: Quince (<i>Cydonia oblonga</i> Mill.) SRAP Kayseri Genetic diversity Pomology</p> | <p>Turkey with diverse ecologies harbours several plant and fruit species. Several species grow naturally are grown commercially. Kayseri and surroundings constitute natural spread zone of some fruit species. This study was conducted to determine genetic diversity and some pomological characteristics of 31 seed-propagated quince (<i>Cydonia oblonga</i> Mill.) genotypes. For pomological characteristics, fruit length, fruit width, water soluble dry matter (WSDM) and total acidity analyses were performed. Molecular analyses were conducted with the aid of 15 SRAP primer combinations. Genetic diversity in investigated genotypes varied between 0.53- 0.92 and genotypes were gathered under two main groups. Primer base lengths varied between 400- 1700 bp. A total of 97 clear bands were obtained and 91 of them were polymorphic (polymorphism ratio = 87.7%). Present findings revealed that existing quince populations of the region should be preserved and be used in further genetic studies.</p> |

Türk Tarım – Gıda Bilim ve Teknoloji Dergisi, 8(2): 318-323, 2020

Kayseri Bölgesinden Toplanan Ayva Genotiplerinde Genetik Çeşitlilik ve Bazı Meyve Özellikleri

| MAKALE BİLGİSİ | ÖZ |
|--|--|
| <p><i>Araştırma Makalesi</i></p> <p>Geliş : 02/10/2019 Kabul : 05/12/2019</p> <p>Anahtar Kelimeler: Ayva(<i>Cydonia oblonga</i> Mill.) SRAP Kayseri Genetik çeşitlilik Pomoloji</p> | <p>Türkiye’de ekolojik farklılıktan dolayı çoğu bitki ve meyve türü hem doğal olarak hem de ekonomik olarak yetişmektedir. Kayseri civarı bazı meyve türlerinin doğal yayılış bölgelerinden biri durumundadır. Yapılan bu çalışmada Kayseri yöresinde tohumdan yetiştiği varsayılan 31 ayva (<i>Cydonia oblonga</i> Mill.) genotipinde genetik çeşitliliğin ve bazı meyve özelliklerinin belirlenmesi amaçlanmıştır. Çalışmada meyve boyu, meyve eni, SÇKM ve asitlik gibi meyve özellikleri incelenmiştir. Çalışmada, 15 SRAP primer kombinasyonu kullanarak yapılan moleküler incelemelerde genetik çeşitliliğin 0,53 ile 0,92 arasında değişkenlik gösterdiği ve genotiplerin 2 ana grupta toplandığı ortaya çıkmıştır. Çalışmada primerlerin baz uzunlukları 400-1700 bp arasındadır. Toplam da 97 adet skorlanabilir bant elde edilmiş olup, bunlardan 91’i polimorfiktir ve polimorfizm oranı %87,7 olarak bulunmuştur. Çalışmada elde edilen sonuçlar bölgedeki ayva popülasyonlarının korunması ve daha sonraki çalışmalarda kullanılması adına önem taşımaktadır.</p> |

^a aydinuzun@erciyes.edu.tr

^c mhmt.-07@hotmail.com

^b <https://orcid.org/0000-0001-9496-0640>

^d <https://orcid.org/0000-0002-2899-2238>

^b aysecil@hotmail.com

^d ofcoskun1@hotmail.com

^b <https://orcid.org/0000-0003-0512-4021>

^d <https://orcid.org/0000-0002-1034-9906>



Giriş

Türkiye sahip olduğu bitki tür ve çeşit zenginliği bakımından dünyada birçok meyve türünün anavatanı sınırları içerisinde. Türkiye'nin farklı iklim koşullarına sahip olması da genetik çeşitliliğine katkı yapmakla beraber 85'in üzerinde bitki türünün de yetiştirilmesine imkân sağlamaktadır (Ercişli, 2004; Pınar ve ark., 2019). Bu bitkiler arasında ticari öneme sahip türlere elma, armut, ayva, vişne ve kiraz örnek olarak gösterilebilir (Uzun ve ark., 2018).

Ayvannın (*Cydonia oblonga* Mill.) anavatanı Kuzey-Batı İran, Kuzey Kafkasya, Hazar Denizi Dolayları ve Kuzey Anadolu olmakla beraber, ayva kültürü dünya üzerinde çok eski tarihlerden beri bilinmekte ve günümüzde Avustralya hariç diğer ülkelerin tamamında yetiştirilmektedir (Yüksel ve ark., 2013). Ayva 5-8 metre arasında boya, 4-6 metre genişliğe ulaşabilen taç büyüklüğü yanında 1 kg ağırlığa ulaşabilen meyvelere sahiptir (Westwood, 1993). Yaprakları yumurta ve geniş elips şeklinde ya da bazen yuvarlakça 5-10 cm uzunluğunda ve 7-10 cm genişliğindedir (Özçağırın ve ark., 2011).

Türkiye 174.038 tonluk üretimle dünya ayva üretiminde ilk sıradadır (FAO, 2017). Türkiye'de ayva taze tüketiminin yanı sıra reçel, komposto, marmelat gibi farklı şekillerde değerlendirilmesi yanında yumuşak çekirdekli meyve türlerine anaç olarak kullanılmasından dolayı ülke geneline yayılım göstermiştir (Atay ve ark., 2011).

Ekonomik olarak yetiştiriciliği yapılan ayva çeşitleri arasında "Demir ayvası", "Limon ayvası" "Eşme (Ekmek ayvası)" ve "Bardak ayvası" yer almaktadır. "Eşme" ve "Limon" ayvası bunlar arasında en yaygın olanıdır (Soylu, 1997). Ayva, Türkiye'de genellikle ev bahçelerinde tek ağaç şeklinde karşımıza çıkar. Bu ağaçların çoğu tohumdan oluşmuş veya tohumdan oluşan ağaçlardan vegetatif olarak çoğaltılmıştır. Bu zengin popülasyonun seleksiyon çalışmaları ile değerlendirilerek çeşit olabilecek nitelikteki tiplerin belirlenmesi ile birlikte, üretimin artacağı ve alternatif çeşitlerin ortaya çıkarılmasına katkı sağlayacaktır.

Bitkiler arasındaki genetik ilişkinin belirlenmesinde morfolojik, moleküler, biyokimyasal gibi yöntemler kullanılmaktadır. Biyokimyasal ve morfolojik özellikler çevre şartlarından etkilenmesinden dolayı tam olarak genetik farklılığı yansıtamamasına sebep olmaktadır (Kaçar ve ark., 2014; Erayman, 2014). Bu yüzden bitki ıslahında moleküler markırlar oldukça başarılı şekilde uygulanmaktadır. Ayva türünde de randomly amplified polymorphic DNA (RAPD) (Bayazit ve ark., 2011) ve simple sequence repeats (SSR) (Yamamoto ve ark., 2004; Dumanoglu ve ark., 2009; Halasz ve ark., 2009), Sequence-related amplified polymorphism (SRAP) (Pınar ve ark., 2016) gibi bazı moleküler markırlar başarılı şekilde kullanım görmüştür.

Yapılan bu çalışmada Türkiye'nin orta bölgesinin en yüksek dağı olan Erciyes eteklerinde kurulan Kayseri'nin ilçelerinden seçilen ayva genotiplerinde genetik çeşitliliğin ve bazı meyve özelliklerinin belirlenmesi amaçlanmıştır.

Materyal ve Metot

Bitki Materyali

Çalışmada kullanılan bitkisel materyaller Kayseri ili ve ilçelerinde ayva popülasyonunun yoğun olduğu Develi, Felahiye, İncesu, Talas, Tomarza, Yahyalı ve Yeşilhisar ilçelerinde bulunan ayva genotiplerinden seçilmiştir. Ayva genotiplerinin seçilmesinde ağaç verimi, meyve iriliği, meyve büyüklüğü, meyve şekli gibi parametreler bakımından öne çıkan genotipler dikkate alınmıştır. Çalışmada kullanılan genotiplerin toplandığı ilçeler ve mahallelere ait genotip sayıları Tablo 1'de yer almaktadır.

DNA İzolasyonu

Ayva genotiplerinden alınan genç yapraklardan DNA izolasyonu CTAB metoduna göre yapılmıştır (Doyle ve Doyle, 1992). DNA konsantrasyonları spektrofotometre (BioTek Instruments, Inc., Winooski, VT, United States) ile ölçülmüştür ve DNA örnekleri TE (10 mM Tris-HCl, 0,1 mM EDTA, pH 8,0) solüsyonu kullanılarak hazırlanmıştır. Hazırlanan DNA'lar -20 C'de muhafaza edilmiştir.

PCR Analizleri

Çalışmada 16 adet SRAP primer kombinasyonu kullanılmıştır (Tablo 2). PCR bileşenleri toplam hacim 15 µl olacak şekilde 2 µl DNA (20 ng), 1,5µl 10xPCR Buffer, 0,2 µl Taq DNA polymerase (5u/µL), 1 µldNTP (2,5mM), 1,5µl MgCl₂(25 mM), 2 µl 10 mM SRAP primer 6.8 µl H₂O olarak hazırlanmıştır. PCR koşulları ise 94°C 3 dk başlangıç denaturasyonun ardından 35 döngüde 94°C 1 dk, 38°C 45 sn, 72°C 2 dk ve daha sonra final uzama için 72°C 10 dk olarak kullanılmıştır (Uzun ve ark., 2009). PCR ürünleri 1X TAE buffer içerisinde %2'lik agaroz jelde elektroforez yapılmış ve etidium bromidle boyandıktan sonra jel görüntüleme (Kodak) ünitesinde görüntülenmiştir.

Meyve Analizleri

Çalışmada meyve analizlerinin belirlenmesinde her bir genotipte 20 adet meyve kullanılmıştır. Meyve boyu, meyve eni SÇKM ve asitlik değerlerinin belirlenmesinde Pınar ve ark. (2016) referans alınmıştır.

Veri Analizleri

Görüntüleme işlemi sonrasında jellerden elde edilen görüntülerde bant varlığı durumunda (1), yoksa (0) ve amplifikasyon oluşmamış ise (9) rakamları verilerek skorlama elde edilmiştir. NTSYSpc 2.1 bilgisayar paket programı kullanılarak elde edilen veriler analiz edilmiş ve Dice metoduyla benzerlik matrisi oluşturularak, UPGMA metoduna göre ayva genotiplerinin dendogramı oluşturulmuştur. Ayrıca çalışmada kullanılan her bir markır için toplam bant sayısı, polimorfik bant sayısı ve polimorfizm oranı da belirlenmiştir. Polimorfizm oranı hesaplanırken (Polimorfik Bant sayısı × 100 / Toplam Bant sayısı) formülü kullanılmıştır.

Meyve analizlerine ait ortalamaların ve standart sapmaların belirlenmesinde Microsoft Exel 2019 paket programı kullanılmıştır.

Tablo 1. Ayva genotiplerinin toplandığı bölgeler ve bunların sayıları

Tables 1. The regions of quince genotypes and their numbers

| İlçe | Mahalle | Genotipsayısı | İlçe | Mahalle | Genotip sayısı |
|----------|------------|---------------|------------|-----------|----------------|
| Develi | Sarıca | 5 | Tomarza | Çukurağaç | 1 |
| Felahiye | Merkez | 1 | Tomarza | Cücün | 2 |
| Felahiye | Kayapınar | 5 | Yeşilhisar | İçmece | 1 |
| Felahiye | B. Toraman | 4 | Yahyalı | Merkez | 5 |
| İncesu | Garipçe | 3 | | | |
| Talas | Merkez | 1 | | | |
| Talas | Koççağız | 3 | | | |
| Toplam | | | | | 31 |

Tablo 2. Primer kombinasyonları, baz uzunlukları, bant sayıları, polimorfik bant sayıları ve polimorfizm oranları

Tables 2. Primer combinations, base lengths, band counts, polymorphic band counts and polymorphism rates

| Primer Adı | Baz Uzunluğu | Bant Sayısı | Polimorfik Bant Sayısı | Polimorfizm Oranı(%) |
|------------|--------------|-------------|------------------------|----------------------|
| em10me10 | 500-1500 | 11 | 11 | 100 |
| em3me7 | 500-1320 | 3 | 3 | 100 |
| em16me3 | 400-800 | 5 | 4 | 80 |
| em1me1 | 500-1400 | 9 | 9 | 100 |
| em11me2 | 1200-1700 | 5 | 5 | 100 |
| em8me3 | 800-1380 | 8 | 8 | 100 |
| em2me2 | 470-1290 | 6 | 6 | 100 |
| em9me6 | 800-1420 | 5 | 5 | 100 |
| em15me6 | 600-1400 | 7 | 6 | 85,7 |
| em15me10 | 500-1410 | 5 | 5 | 100 |
| em4me4 | 1100-1400 | 4 | 4 | 100 |
| em11me11 | 1500 | 1 | 0 | 0 |
| em6me6 | 500-1400 | 7 | 7 | 100 |
| em9me9 | 1200-1700 | 8 | 8 | 100 |
| em2me1 | 1110-1500 | 9 | 8 | 88,8 |
| em13me6 | 1000-1500 | 4 | 2 | 50 |
| Toplam | | 97 | 91 | |
| Ortalama | 400-1700 | 6,06 | 5,68 | 87,7 |

Bulgular ve Tartışma

Moleküler Analiz

31 ayva genotipi Srap markırlarıyla değerlendirilmiştir. Toplamda 97 skorlanabilen bant elde edilmiş olup, bu bantların 91'i polimorfiktir. Çalışma sonuçlarına göre polimorfizm oranı %87,7 kullanılan primerler için ortalama bant sayısı 6,06 ortalama polimorfik bant sayısı 5,68 şeklinde belirlenmiştir. En yüksek bant sayıları em10me10 kombinasyonundan 11 adet, em1me1 ve em2me1 kombinasyonlarından 9 adet şeklinde bulunmuştur. En düşük bant sayısı ise em11me11 kombinasyonundan 1 olarak elde edilmiştir. En yüksek polimorfizm oranı (em10 me10, em3 me7, em1 me1, em11 me2, em8 me3, em2 me2, , em15 me10, em4 me4, em6 me6, em9 me6) %100'dür. En düşük polimorfizm oranı ise %0 ile en az bant veren em11 me11 primer kombinasyonundan elde edilmiştir. Kullanılan primerlerin baz uzunluğu 400-1700 bp arasında değişmektedir (Tablo 2). Benzerlik indeksleri ile dendrogram arasındaki korelasyonu ortaya koyan kofenetik korelasyon katsayısı, $r=0,81$ olarak bulunmuştur. Bu değer 0,8 ile 0,9 arasında olması, benzerlik indeksleri ile dendrogram arasında iyi bir ilişki olduğunu ifade etmektedir (Mohammadi ve Prasanna, 2003). Buradan hareketle, benzerlik indeksleri ile elde edilen dendrogram arasında yüksek düzeyde bir korelasyonun olduğu, dendrogramın benzerlik indekslerini yüksek bir oranda temsil ettiği görülmektedir.

Çalışmada yer alan 31 genotip arasında genetik benzerlik 0,53 ile 0,92 arasında değişkenlik göstermiştir (Şekil 1). Çalışmada yer alan ve Yahyalı bölgesinden seçilen 16 numaralı genotip 0,53 düzeyinde benzerlik oranı ile diğerlerine en uzak genotip olarak bulunmuştur. Öte yandan, 25 ve 26 numaralı genotipler birbirine en yakın (0,92) genotipler olarak saptanmıştır. Çalışma sonucuna göre elde edilen dendrogramda 16 numaralı genotip grup dışı olarak değerlendirilirken geri kalanlar iki ana grupta toplanmıştır. Birinci grupta (A) yer alan 9, 10 (Develi), 12, 14 ve 16 (Yahyalı) numaralı ve birbirine yakın coğrafi bölgelerden toplanan genotipler aynı alt grupta yer almışlardır. A grubunun diğer alt grubunu ise Tomarza (5 ve 6) ve Felahiye'den toplanan (28 ve 29) ikişer genotip oluşturmuştur.

Dendrogramın B grubunda İncesu'dan toplanan 18 numaralı genotip tek başına yerleşmiştir. Diğer genotipler ise üç alt gruba ayrılmışlardır. Birinci alt grupta bir adet İncesu'dan (20) ve dört adet Felahiye'den (21, 22, 23, 24) toplanan genotip yer almıştır. Bu grupta yer alan diğer alt grup hem genotip sayısı hem de farklı bölgelerden genotipleri barındırması bakımından en büyük alt grup olarak belirlenmiştir. Bu alt grupta 11 (Develi), 13, 15 (Yahyalı); 17 (Yeşilhisar); 19 (İncesu); 25, 26, 27, 31 (Felahiye) ve 30 (Talas) numaralı genotipler yerleşmiştir. B grubundaki son alt grup ise, Talas (1, 2, 3 ve 4) ve Develi (7 ve 8) bölgesinden toplanan genotiplerden oluşmuştur.

Tablo 3. Ayva genotiplerinin meyve boyu, meyve eni, asitlik ve SÇKM değerleri (2011-2012 ortalamaları)
 Tables 3. Fruit length, fruit width, acidity and TSS values of quince genotypes (average of 2011-2012 years)

| Tip No | Meyve Boyu(mm) | Meyve Eni(mm) | Asitlik(%) | SÇKM(%) |
|--------|----------------|---------------|------------|------------|
| Tip1 | 94,03±8,14 | 79,25±6,17 | 2,40±0,54 | 15,50±0,71 |
| Tip2 | 65,98±7,04 | 44,81±5,24 | 1,22±0,58 | 16,00±4,63 |
| Tip3 | 81,35±4,72 | 66,98±4,65 | 1,57±0,021 | 10,50±0,71 |
| Tip4 | 83,45±8,77 | 65,74±6,72 | 2,26±0,60 | 9,00±0,56 |
| Tip5 | 55,62±5,80 | 47,01±3,41 | 1,50±0,36 | 18,00±1,90 |
| Tip6 | 74,89±9,26 | 62,10±8,90 | 2,40±0,24 | 17,00±1,14 |
| Tip7 | 73,46±6,51 | 67,46±5,22 | 0,88±0,13 | 13,50±0,71 |
| Tip8 | 55,75±4,68 | 51,65±3,88 | 0,94±0,04 | 14,50±2,12 |
| Tip9 | 63,75±3,92 | 63,15±5,04 | 1,19±0,42 | 11,50±0,71 |
| Tip10 | 79,02±10,83 | 75,07±7,30 | 1,28±0,42 | 11,50±0,71 |
| Tip11 | 79,14±7,00 | 70,00±5,95 | 1,55±0,28 | 13,50±0,71 |
| Tip12 | 64,23±5,98 | 55,34±3,18 | 0,61±0,25 | 9,50±0,71 |
| Tip13 | 86,91±11,91 | 74,92±7,92 | 1,55±0,36 | 14,50±2,12 |
| Tip14 | 60,42±4,26 | 50,12±2,21 | 1,18±0,08 | 14,50±3,54 |
| Tip15 | 66,80±6,03 | 62,31±5,52 | 0,83±0,47 | 11,00±1,41 |
| Tip16 | 88,39±10,17 | 77,25±6,60 | 1,96±0,60 | 14,50±0,71 |
| Tip17 | 81,87±5,70 | 72,46±5,34 | 1,13±0,50 | 11,00±1,41 |
| Tip18 | 69,14±5,13 | 57,01±3,04 | 1,34±0,29 | 17,00±5,66 |
| Tip19 | 79,82±5,36 | 65,78±6,58 | 1,87±0,61 | 17,00±1,41 |
| Tip20 | 68,06±2,72 | 64,79±4,55 | 2,00±0,21 | 14,00±1,41 |
| Tip21 | 68,55±7,17 | 53,43±6,37 | 1,23±0,47 | 12,50±0,71 |
| Tip22 | 78,14±5,82 | 69,50±4,89 | 1,14±0,13 | 10,00±2,04 |
| Tip23 | 72,63±4,95 | 63,10±4,12 | 1,42±0,13 | 13,00±2,83 |
| Tip24 | 67,44±6,61 | 58,69±5,73 | 1,31±0,13 | 14,50±4,95 |
| Tip25 | 72,21±4,25 | 66,11±4,11 | 1,53±0,23 | 14,50±3,54 |
| Tip26 | 78,89±7,19 | 66,79±3,50 | 2,19±0,66 | 15,50±0,71 |
| Tip27 | 74,18±8,70 | 55,62±7,64 | 1,68±0,38 | 13,00±0,48 |
| Tip28 | 67,30±4,45 | 50,26±2,48 | 2,13±0,74 | 19,00±2,82 |
| Tip29 | 80,70±6,22 | 71,90±6,57 | 1,48±0,44 | 13,50±0,71 |
| Tip30 | 66,75±6,17 | 61,49±3,52 | 1,20±0,01 | 11,50±0,71 |
| Tip31 | 75,36±4,63 | 71,79±3,82 | 0,84±0,25 | 12,00±2,04 |

Dendrogram genel olarak incelendiğinde, bazı küçük gruplanmaların coğrafik orijine uygun olduğu görülmüş, ancak genotiplerin tümü ele alındığında bunun geçerli olmadığını saptanmıştır.

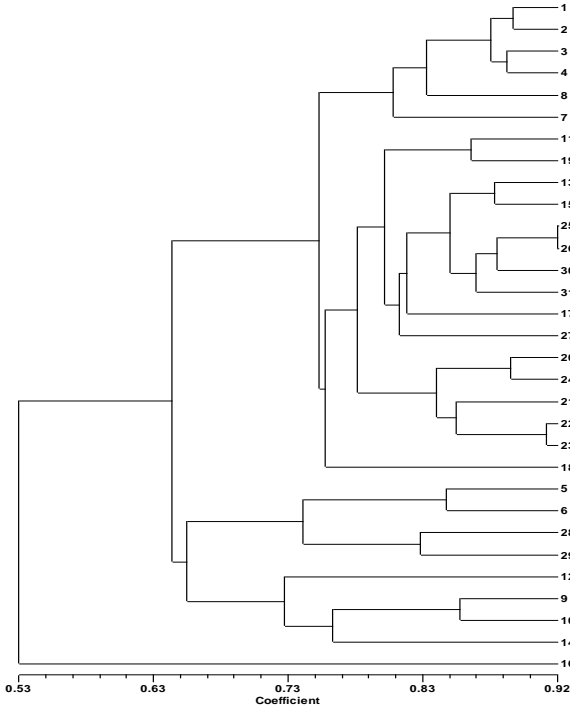
Yamamoto ve ark. (2004), SSR yöntemiyle 20 ayva genotipi kullanarak yapmış oldukları çalışmada benzerlik oranının 0,67 ve 1,00 arasında değişim gösterdiğini belirlemişlerdir. Mevcut çalışmada bu çalışmayla benzer özellik göstermekte olup bazı genotiplerde benzerlik oranı 0,9'un üzerinde belirlenmiştir (Şekil 1). Pınar ve ark., (2015), SRAP markırlarıyla Türkiye'de yetiştirilen ayva çeşitlerinde genetik ilişkinin belirlenmesi amacıyla yürüttükleri çalışmada benzerlik oranının 0,78-1,00 arasında olduğunu tespit etmişler ve SRAP yönteminin ayva çeşitleri arasındaki benzerliği belirlemede kullanışlı bir yöntem olduğunu rapor etmişlerdir. Çalışmamızda elde edilen sonuçlar söz konusu çalışma ile uyumlu olarak bulunmuştur.

Güney ve ark. (2019), SSR markır sistemiyle Türkiye'nin farklı bölgelerinden toplanan ayva genotipleri ve çeşitlerinde moleküler farklılığı belirlemek amacıyla yürüttükleri çalışmada markır sisteminin genetik çeşitliliği belirlemede kullanılabilir bir yöntem olduğunu tespit etmişlerdir. Topcu ve ark. (2015) AFLP markır sistemi ile koleksiyon bahçesinde yer alan 40 adet ayva genotipinde genetik çeşitliliği ortaya koymak için çalışmada 6 AFLP primer kombinasyonu kullanmışlardır. Çalışma sonucuna

göre polimorfizm oranı %66,1 olarak tespit edilmiştir. Mevcut çalışmada ise polimorfizm oranı %87,7 olarak belirlenmiş olup, iki çalışma arasında meydana gelen farklılığın kullanılan markır sistemi ve genotiplerden kaynaklı olabileceği öngörülmektedir. Yüksek ve ark. (2013) Anadolu'da yetiştiriciliği yapılan 15 ayva çeşidinde 8 SSR markır kullanarak genetik çeşitliliğin %18-87 arasında değiştiğini belirlemişlerdir. Mevcut çalışmada benzerlik oranları Yüksel ve ark., 2013 tarafından yapılan çalışmayla benzer özellik taşımaktadır.

Meyve Analizleri

Çalışmanın meyve analizleri sonuçlarına göre meyve boyu 55,62 (tip 5) mm ile 94,03 (tip1) mm arası, meyve eni 44,81 (tip 2) mm ile 79,25 (tip 1) mm arası değişim gösterdiği belirlenmiştir. Çalışmanın meyve boyu ve meyve eni bakımından maksimum ve minimum değerler Develi Sarıca mahallesinden toplanan genotiplerde belirlenmiştir. Bu bölgede ayva genotipleri arasında meyve özellikleri bakımından geniş bir varyasyon meydana gelmiştir. Asitlik ve SÇKM değerlerinde ise asitlik %0,61 (tip 12) ile %2,40 (tip 1) arasında, SÇKM %9,50 (tip 12) ile %19,00 (tip 28) arasında değişim göstermiştir (Tablo 3). Çalışmanın asitlik ve SÇKM değerleri bakımından genotiplerin toplandığı bölgeler arasında genel olarak önemli farklılıklar bulunmamaktadır (Tablo 3).



Şekil 1. Çalışmada kullanılan ayva genotiplerinin UPGMA'ya dayalı genetik benzerlik dendrogramı

Figure 1. UPGMA-based genetic similarity dendrogram of quince genotypes used in the study



Şekil 2. 16 numaralı tipten bir görünüm
Figure 2. A view from type 16

Pınar ve ark. (2016), meyve boyu ve meyve eninin sırasıyla 145,9- 50,0 mm, 99,5-63,0 mm arasında, suda çözünebilir kuru madde (SÇKM) %15,5-11,3 arasında, asitliğin %0,99-1,98 değişim gösterdiğini belirlemişlerdir. Gerçekçioğlu ve ark. (2014), SÇKM miktarlarının genotiplere göre %13,20 ile %14,30; asitlik miktarının %7,37 ile %14,85 g/l, Ercan ve Özkarakas, (2005), SÇKM miktarını 11,75 ile 17,10 arasında, Küden ve ark. (2009), %11,4-20,4, Büyükyılmaz ve Yalçınkaya, (2007) ise %14,7 ile %15,9 arasında değiştiğini rapor etmişlerdir.

Dumanoglu ve Güneş (2009) yapmış olduğu çalışmada ayvada meyve boyunun 92,9 ile 117,1 mm arasında, meyve eninin 77,3 mm ile 88,3 mm arasında gösterdiğini belirtmiştir. Mevcut çalışma Dumanoglu ve Güneş (2009)

tarafından yapılan çalışma ile meyve boyu ve meyve eni noktasında benzer özellikler taşımaktadır. Pınar ve ark. (2016) yapmış olduğu çalışmada meyve boyu değeri mevcut çalışmadan yüksek bulunmuştur. Bu farklılığın sebebi kullanılan genetik materyalin farklı olmasından kaynaklı olabilir. Çalışmanın SÇKM ve asitlik değerleri ise diğer araştırmacıların bulgularıyla paralellik gösterdiği söylenebilir.

Sonuç olarak Kayseri ve yöresinden toplanan ayva genotipleri arasındaki genetik ve morfolojik çeşitliliğin belirlenmesi amacıyla yapılan bu çalışmada, genotipler arasında büyük bir varyasyonun olduğu belirlenmiştir. Bu zengin popülasyonun hem ayva yetiştiriciliği hemde ıslah programları açısından kullanılabilir olduğunu söyleyebiliriz. Yalnızca morfolojik analizler kullanılarak genotiplerin birbirinden ayrılması zor ve güvenilir değildir. Moleküler markırlara dayalı olarak yapılan analizler sonuçların güvenilir olmasında ve zamandan tasarrufta etkilidir. Çalışma sonuçlarına göre ayva genotiplerinde genetik çeşitliliğin belirlenmesinde SRAP markırlarına ek olarak morfolojik verilerinde çalışmada kullanılması başarılı sonuçlar vermiştir. Bu sonuçlar neticesinde edilen verilerin gelecekte farklı meyve özelliklerine yönelik olarak ve daha fazla varyasyon elde edilmesi amacıyla ayva ıslahı programlarında kullanımı mümkün olacaktır.

Kaynaklar

- Atay E, Gargın S, Çalhan Ö, Atay NA, Butar A. 2011. Propagation of ege-2, ege-22 and Eşme quince varieties by hardwood cuttings. Uluslararası Katılımlı I. Ali Numan Kırac Tarım Kongresi ve Fuarı. 2441-2444.
- Bayazit S, Imrak B, Kuden A, Gungor MK. 2011. RAPD analysis of genetic relatedness among selected quince (*Cydonia oblonga* Mill.) accessions from different parts of Turkey. Horticultural Science, 38: 134-141
- Büyükyılmaz M, Yalçınkaya E. 2007. Marmara Bölgesi için ümitvar ayva çeşitleri - II, Türkiye V. Ulusal Bahçe Bitkileri Kongresi, 4-7 Eylül, Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölümü, Erzurum, Cilt 1 (Meyvecilik): 763- 767.
- Doyle JJ, Doyle JL. 1990. A rapid total DNA preparation procedure for fresh plant tissue. Focus 12:13-15.
- Dumanoglu H, Gunes NT. 2009. Analysis of clonal variations in cultivated quince (*Cydonia oblonga* 'Kalecik') based on fruit characteristics and SSR markers. New Zealand Journal of Crop and Horticultural Science. 37: 113-120.
- Erayman M, İlhan E, Güzel Y, Eren AH. 2014. Transferability of SSR markers from distantly related legumes to *Glycyrrhiza* species. Turkish Journal of Agriculture and Forestry. 38: 32-38.
- Ercan N, Özkarakas İ. 2005. Ege Bölgesi'nden toplanan bazı ayva (*Cydonia vulgaris* Pers.) materyalinin adaptasyonu ve değerlendirilmesi. Anadolu Dergisi 15 (2): 27-42.
- Ercisli S. 2004. A short review of the fruit germplasm resources of Turkey. Genet Resour Crop Ev, 51: 419-435.
- Gerçekçioğlu R, Gencer S, Öz Ö. 2014. Tokat ekolojisinde yetiştirilen "Eşme" ve "Limon" ayva (*Cydonia vulgaris* L.) çeşitlerinin bitkisel ve pomolojik özellikleri. Tarım Bilimleri Araştırma Dergisi. 7 (1): 01-05.
- Güney M, Kafkas S, Koç A, Aras S, Keles H, Karcı H. 2019. Characterization of quince (*Cydonia oblonga* Mill.) accessions by simple sequence repeat markers. Turkish Journal of Agriculture and Forestry. 43(1): 69-79.
- Halasz J, Hoffmann V, Szabo Z, Nyeki J, Szabo T, Hegedus A. 2009. Characterization of quince (*Cydonia oblonga* Mill.) cultivars using SSR markers developed for apple. International Journal of Horticultural Science. 15: 7-10.

- FAO. 2017. FAO database search results. <http://www.fao.org>. Erişim tarihi 10. 09.2019
- Kaçar Y, Şimşek O, Dönmez D, Boncuk M, Yeşiloğlu T, Ollitrault P. 2014. Genetic relationships of some citrus genotypes based on the candidate iron chlorosis genes. Turkish Journal of Agriculture and Forestry. 38: 340-347.
- Küden A, Tümer MA, Güngör MK, İmrak B. 2009. Pomological traits of some selected quince types. Acta Horti, 818: 73-76.
- Mohammadi SA, Prasanna BM. 2003. Analysis of Genetic Diversity in Crop Plants Salient Statistical Tools and Considerations. Crop Sci, 43: 1235-1248.
- Özçağırın R, Ünal A, Özeker E, İsfendiyaroğlu M. 2011. Ayva. İlman İklim Meyve Türleri (Yumuşak Çekirdekli Meyveler). Cilt: 2, E. Ü. Ziraat Fakültesi Yayınları, No: 556, Bornova/İzmir, s.127-149.
- Pınar H, Uzun A, Unlu M, Yaman, M. 2019. Genetic Diversity İn Turkish Banana (Musa Cavendishii) Genotypes With Damd Markers. Fresenius Environmental Bulletin, No.1, 459-463.
- Pınar H, Kaymak S, Ozogun S, Uzun A, Unlu M, Bircan M, Ercisli S, Orhan E. 2016. Morphological and molecular characterization of major quince cultivars from Turkey. Not Bot Horti Agrobot, 44: 72-76. <https://doi.org/10.15835/nbha44110228>.
- Soylu A. 1997. İlman İklim Meyveleri-II. Uludağ Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Ders Notları, No: 72, Bursa.
- Topcu H, Kafkas S, Dogan A, Akcay ME, Ercisli S. 2015. Genetic relatedness among quince (Cydonia oblonga Miller) accessions from Turkey using amplified fragment length polymorphisms. Journal of Applied Botany and Food Quality. 88: 197-201
- Uzun A, Yaman M, Pınar H, Çetin N, Say A. 2018. Türkiye’de Ekonomik Olarak Yetiştiriciliği Yapılan Sert Çekirdekli Meyvelerin Üretim Projeksiyonu. Bahçe, Vol. 47, 79-83.
- Uzun A, Yesiloglu T, Aka-Kacar Y, Tuzcu O, Gulsen O. 2009. Genetic diversity and relationships within Citrus and related genera based on sequence related amplified polymorphism markers (SRAPs). Scientia Horticulturae. 121: 306-312.
- Westwood MN. 1993. Temperate-Zone Pomology: physiology and culture. Third Ed. Timber Press, Inc. Portland. OR USA. p. 523.
- Yamamoto T, Kimura T, Soejima J, Sanada T, Ban Y, Hayashi T. 2004. Identification of quince varieties using SSR markers developed from pear and apple. Breeding Science. 54: 239-244.
- Yüksel C, Mutaf F, Demirtaş İ, Öztürk G, Pektaş M, Ergül A. 2013. Characterization of Anatolian traditional quince cultivars, based on microsatellite markers. Genetics and Molecular Research.12(4): 5880, 2013.