

BÖLÜM V

KİRAZ ISLAHINDA GENETİK ÇEŞİTLİLİK VE MOLEKÜLER İLERLEMELER

Doç. Dr. Murat GÜNEY¹

Doç. Dr. Hakan KELES²

DOI: <https://dx.doi.org/10.5281/zenodo.10395974>

¹Yozgat Bozok Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bahçe Bitkileri Bölümü, Yozgat, Türkiye. murat.guney@yobu.edu.tr, Orcid ID: <https://orcid.org/0000-0003-2882-8347>

²Yozgat Bozok Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bahçe Bitkileri Bölümü, Yozgat, Türkiye. hakan.keles@yobu.edu.tr, Orcid ID: <https://orcid.org/0000-0002-8225-931X>

GİRİŞ

Kiraz (*Prunus avium* L.), Rosaceae familyasının Prunoideae alt familyasının *Prunus* cinsine dâhildir. *Prunus* cinsinde poliploidi yaygın olsa da, kiraz diploid bir yapıya sahiptir ve kromozom sayısı $2n = 2x = 16$ 'dır (Hedrick, 1915; Tavaud ve diğerleri, 2004). Kirazın anavatanı Kuzeydoğu Anadolu, Hazar Denizi ve Güney Kafkasya arasındaki bölge olduğu bildirilmiştir (Özbek 1978; Küden ve diğerleri, 2022). Bu gen merkezlerinden doğuya ve batıya insan ve kuşlar yardımıyla yayılmış, prehistorik çağlarda ise kalıntıları Yunanistan ve İsviçre'de bulunmuştur. Avrupa'da ilk kez yetiştirildiğine dair kayıtlar ise, *P. avium*'un sadece meyve olarak değil, aynı zamanda Yunanistan'da mobilya üretiminde ahşap ağacı olarak da kullanıldığı bilinmektedir (Iezzoni ve diğerleri 1990). Kirazın kültür formları, Romalılar tarafından Akdeniz bölgesine yayılmıştır, ancak Orta ve Kuzey Avrupa'ya tatlı kirazın varışı çok daha sonradır. Kirazlar, on dokuzuncu yüzyılda Amerika'ya götürülmüştür (Brown ve diğerleri 1996; Gharaghani ve Solhjoo, 2021). Ülkemizde yabani olarak Kuzey Anadolu'da ve Toros'larda yaygın olarak rastlanmaktadır.

Ülkemizde meyve yetiştiriciliğinde önemli yeri olan sert çekirdekli meyve türlerinden biridir. Özellikle ilkbaharda meyve çeşitlerinin az olduğu bir dönemde pazara çıkan kiraz meyveleri, güzel rengi ve kendine özgü tadıyla insanlar tarafından keyifle tüketilmektedir (Hepaksoy ve Çelik, 2021). Kiraz yetiştiriciliği bugün, Dünya'nın ılıman iklim kuşağında yer alan birçok ülkesine yayılmış durumdadır.

Kiraz meyveleri genellikle sofralık olarak tercih edilir. Konserve endüstrisindeki değerlendirme oranı, diğer bazı meyvelere kıyasla daha düşüktür. Ayrıca, kirazlar pastaların süslenmesinde de kullanılır. Aynı zamanda çiçeklerinden çeşitli kimyasal maddeler elde edilebilir (Vursavuş ve diğerleri, 2006). İlkbaharda renkli çiçekleriyle göz kamaştıran kiraz ağaçları, sofralarımızı süsleyen lezzetli meyveleriyle öne çıkar; aynı zamanda idrarı alkaliye dönüştürme özelliği ve böbrek sağlığını destekleyen potasyum tuzları içeren meyve saplarıyla, sağlığımızı olumlu yönde etkiler. Kiraz meyvesi, düşük kalorili içeriğe sahip, yüksek miktarda önemli besin ve biyoaktif bileşenler içeren besleyici bir gıdadır; bunlar arasında lif, polifenoller, karotenoidler, C vitamini ve potasyum bulunmaktadır. Kiraz antosiyanince çok zengin bir bitkidir. Antosiyaninlerin yüksek antioksidan özelliği

gösterdiği çalışmalarda ispatlanmıştır (Zarifikhosroshahi ve Güney, 2022). Ayrıca, kirazlar triptofan, serotonin ve melatonin açısından da zengin bir kaynaktır (Kelley ve diğerleri, 2018; Yener ve Altuntaş, 2021).

Atatürk Bahçe Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsü tarafından 1990 yılında tescillenen ve Avrupa'da 'Türk Kirazı' olarak bilinen '0900 Ziraat' çeşidi, üretimimizin hemen hemen tamamı oluşturmaktadır. Son yıllarda yetiştiriciler tarafından Sweet Heart, Celeste, Kordia, Regina, Sunburst, Summit gibi bazı kiraz çeşitlerinin kullanımı yaygınlaşmaktadır (Küden ve diğerleri, 2022; Arısoy ve Kaplan, 2022). Kiraz çeşitlerinin çok büyük çoğunluğu kendiyle uyumsuzluk gösterir. Ayrıca çeşitler arasında birbirleriyle uyumsuzluk da çok yaygındır (Özçağırın ve diğerleri., 2003). '0900 Ziraat' çeşidimizde kendine uyumsuz oluşu ve her yıl düzenli ürün alınamaması gibi istenmeyen özellikler, dünya piyasalarındaki rekabet gücünü olumsuz etkileyen faktörler arasında yer almaktadır. Bu durum, ülkemizde kiraz üretiminde ve ihracatında dalgalanmalara sebep olmaktadır. Bu bağlamda, ülkemizin kiraz üretim ve ticareti için oldukça önemli olan, kararlı verimlilik, kendi kendine verimlilik ve yüksek kalitede meyve taşıyan kiraz çeşitlerinin ıslah edilmesi gereklidir (Kaşka, 2019).

Meyvecilikte yapılan ıslah çalışmaları, uzun yıllar süren ve yüksek maliyetli olan çalışmalardır ve bir çeşidin başarısı genellikle pazardaki kabul ve yaygınlığına bağlıdır. Dünya genelinde kiraz ıslah çalışmalarının hedefleri zaman ve koşullara göre değişebilse de, başarılı ıslah programlarında çeşidin ticari başarısıyla doğru orantılıdır. Kiraz ıslahının temel hedefleri, verimli, erken veya geç olgunlaşan, geniş iklim koşullarına uyumlu, yüksek meyve kalitesi, depolama ve taşıma dayanıklılığı, istenilen meyve büyüklüğü ve şekli ile dönemsel uyumu içeren, meyve rengi, meyve eti sertliği, tat-aroma, meyve çatlamasına hassasiyeti, kendine uyuşma, zararlı ve hastalıklara dayanıklılık gösteren çeşitler elde etmektir. Bu amaçlar, tarım verimliliğini artırmak, üreticilere daha sağlıklı ve dayanıklı ürünler sunmak ve tüketicilere çeşitli ve kaliteli meyve seçenekleri sağlamak için ıslah çalışmalarının odak noktalarını oluşturur (Kaşka, 2019; Demirtaş ve Yıldırım, 2021; Küden ve diğerleri, 2022). 1970'lerden sonra artan ıslah çalışmalarıyla birlikte; hastalıklara ve değişen iklim koşullarına dayanıklılık, kendi kendine tozlanan, yüksek verimli, iri meyveli ve bodur çeşitlerin geliştirilmesi, özellikle bodur ve klon anaçların üretilmesiyle kiraz, üreticiler için karlı bir meyve türü haline gelmiş

ve hatta günümüzde anlaşmalı çiftçilik sistemleriyle bir yatırım aracı olarak kullanılmaktadır (Özbek, 1978; Webster ve Looney, 1996).

İslah çalışmalarında genellikle hem besin değeri hem de endüstriyel kullanım için istenilen özellikleri artırmayı hedefler. Bu kapsamda, bitkisel yağların kalitesini, miktarını ve çeşitliliğini artırmak amacıyla biyokimyasal çalışmalarda revaçtadır (Zarifikhosroshahi ve diğerleri, 2022a, 2022b; Alp ve diğerleri, 2022). Günümüzde morfolojik ve biyokimyasal çalışmaların yan ısıra, ıslah çalışmalarında biyoteknolojik yöntemlerde yaygın olarak kullanılmaktadır (Güney, 2019; Güney ve diğerleri, 2020; Güney, 2023). Günümüzde birçok meyve türünde (antepfıstığı, badem, ceviz, elma, vb.), meyve üretimini artırmak, meyve kalitesini iyileştirmek, hastalıklara ve zararlılara karşı direnç kazanmasına yardımcı olmak amacıyla biyoteknolojik yöntemler kullanılmaktadır (Güney ve diğerleri, 2019, 2021a ve 2021b; Paizila ve diğerleri, 2022; Kafkas ve diğerleri, 2023). Bu bölüm, kiraz ıslahında kullanılan moleküler markörler ve genetik gelişmeler hakkında genel bir bilgi vermeyi amaçlamıştır.

1. KİRAZDA MUTASYON ISLAHI VE GENETİK TEKNİKLERLE KİRAZ ÇEŞİT GELİŞTİRME

Mutasyon, yaşayan hücrelerde genetik ayrılma veya rekombinasyonla olmayan ani ve kalıtsal bir DNA değişikliğidir. Mutasyon ıslahı, bu genetik değişikliklerin bilinçli olarak bitki ıslahında kullanılmasıdır. Bu yöntem, seçkin çeşitlerdeki kusurları iyileştirme avantajına sahiptir, ancak agronomik ve kalite özelliklerini kaybetmez. Tohumlu olmayan bitkilerin geliştirilmesinde ana alternatif olarak öne çıkmaktadır. Avrupa'da temel mutasyon araştırmasının ürünü olan mutasyonlu çeşitlerin serbest bırakılmasından bu yana, mutasyon ıslahı bitki ıslahında yer bulmuştur. Mutasyon indüksiyon metodolojileri geliştirilmiş ve yeni mutajenik ajanlar araştırılmıştır. *In vitro* tekniklerin gelişimi, mutasyon ıslahının verimliliğini artırmıştır. Mutant tarama, ters genetik yaklaşımlarla devrim niteliğinde değişikliklere uğramıştır. Bu nedenle, mutasyon tekniklerinin moleküler yaklaşımlarla entegrasyonu, modern bitki ıslahına heyecan verici fırsatlar sunmaktadır (Pathirana, 2011; Galatalı ve diğerleri, 2023).

Herman Nilsson-Ehle ve Hugo de Vries, bitki ıslahında önemli bir dönüm noktası olan 'Mutasyon Islahı' teorisinin gelişiminde etkili olan iki

önemli bilim insanıdır. Nilsson-Ehle, 1908'de ortaya attığı bu teori ile genetik yapılarıdaki kalıcı ani değişikliklerin, yani mutasyonların bitki ıslahında kullanılmasının temelini atmıştır. Özellikle doğal somatik mutasyonların yanı sıra yapay mutasyonların da bitki ıslahındaki potansiyelini vurgulamıştır. Bu teori, bitki ıslahında genetik varyasyonu hızlandırarak istenen özelliklere sahip bitkilerin daha etkili bir şekilde geliştirilmesine olanak tanımıştır. Diğer yandan Hugo de Vries, 1901 yılında yayımladığı "Mutasyon Teorisi" adlı eseri ile genetik değişikliklerin evrimsel süreçteki rolünü vurgulamıştır. De Vries'in çalışmaları, genetik evrim konusunda yeni bir perspektif sunmuş ve doğal seleksiyonun yanı sıra mutasyonların da evrimin temel taşlarından biri olduğunu öne sürmüştür (Allen, 1969; Akerberg, 1986; Stamhuis ve diğerleri, 1999). Bu iki araştırmacının katkıları, bitki ıslahı ve evrimsel genetik alanlarında önemli bir ilerleme sağlamıştır. Hugo de Vries, 1904 yılında röntgen ışınlarının yapay mutasyonların oluşturulmasında kullanımını önermiştir. Bu fikirden 25 yıl sonra, 1927'de yapay mutasyonların bitki ıslahında kullanılması bir yöntem olarak kabul edildi. Meyvecilikte mutasyon çalışmaları 1930'larda X ışınlarıyla başlamış olup, ilk olumlu sonuçlar elmada 1950'lerde X ve Co⁶⁰ uygulamalarıyla elde edilmiştir.

Wilde ve diğerleri (2012) çalışmalarında, yeni özellikler geliştirmek amacıyla bahçe bitkilerinde hedefe yönelik mutasyon yetiştirme yöntemini ele almaktadır. Bu yaklaşım, belirli genlerde doğal veya indüklenmiş mutasyonları tanımlama ve kullanma sürecini içerir ki bu, transgenik teknolojiye kıyasla daha ekonomik olabilir. Bahçe bitkilerinde, hedefe yönelik mutasyon yetiştirme uygulamalarında, ürünlerde uzun raf ömrü, geliştirilmiş nişasta kalitesi ve virüs direnci gibi özelliklerin geliştirilmesi de dahil olmak üzere ilerlemeler kaydedildiğinden bahsedilmiştir. Genetik tarama ve genom sekansında yaşanan ilerlemeler, aday gen polimorfizmlerinden türetilen istenen özelliklere sahip çeşitlerin geliştirilmesinde kritik bir rol oynamaktadır. TILLING (Genomda İndüklenmiş Lokal Lezyonların Belirtilmesi), sekanslama ve EcoTILLING gibi çeşitli genetik teknikler, meyve kalitesi, virüs direnci, nişasta kalitesi ve çiçek morfolojisi gibi özellikler için aday genleri belirlemede kullanılmaktadır. 30'dan fazla bitki türünün genomu sekanslanmış ve HRM ve TILLING gibi genetik tarama yöntemleri, bitki genlerinde dizi varyasyonunu belirlemede kullanılmıştır. Çalışma, EMS mutajenize edilmiş bahçe bitkilerinin genetik taramasını

yapmış ve EMS'nin genellikle kodlanmış proteinleri değiştirebilen tek nükleotid polimorfizmlerine (SNP'ler) neden olduğunu bulmuştur. Aday gen polimorfizmlerine dayalı markör destekli seçimin, çeşit geliştirmeyi kolaylaştırmak için önerildiği belirtilmiştir. Dokular kültürü ve üretim kombinasyonu, hedefe yönelik mutasyon yetiştirmenin bir sonucu olarak geliştirilmiş özelliklere sahip bitkilerin geliştirilmesinde başarılı olmuştur. Bu örnekler arasında domateslerde uzun raf ömrü, kavun ve biberlerde virüs direnci, patateslerde nişasta ve yağ içeriğinde değişiklikler bulunmaktadır. Çinko parmak nükleazları, meganükleazlar ve yüksek-throughput sekanslama ile birleştirilen oligonükleotidler gibi teknikler, hortikültür bitkilerinde allel çeşitliliğini tespit etmek için kullanılmaktadır. Zorluklar, model olmayan sistemlerde varyant genotiplerinin tespiti konusunda devam etmektedir. Ayrıca, çalışmalarında bitkilerde fonksiyonel genomik için heteroduplex analizi, yüksek-throughput teknikleri, SNP keşfi, ters genetik ve TILLING ve EcoTilling tekniklerinin optimizasyonu gibi konularda kullanılan yöntemleri tartışmaktadır. Bu teknikler, gen fonksiyonunu, genetik varyasyonu incelemek ve ürün geliştirme stratejilerini uygulamak için kullanılmaktadır.

Chen ve diğerleri (2023) çalışmalarında, kiraz meyvelerinin renklendirme mekanizmasını anlamak için çoklu omiks analizi gerçekleştirdi. Analiz, sarı "Bing Hu" ve koyu kırmızı "Hong Deng" kirazlar arasındaki renk değişiminde rol oynayan farklı metabolitleri ve genleri tanımladı. Hesperetin, rutin ve kuersetin gibi toplamda 12 flavonoid farklı metabolit ve PAL, CHS, FLS ve DFR gibi 18 farklı yapısal gen tanımladı. "Bing Hu" tatlı kiraz meyvelerinin renk değişiminin ikinci aşaması (yeşilden sarıya) için olası önemli düzenleyici genler SBP, bHLH, WD40 ve bZIP olarak tanımlandı ve bunlar hesperetin ve naringenin gibi flavonoidlerin birikimini düzenledi. Ayrıca, her iki meyvede renk değişiminin üçüncü aşamasındaki (sarıdan koyu kırmızıya) muhtemel önemli rolleri tanımlayan anahtar transkripsiyon faktörleri, başlıca MYB, bHLH, AP2 ve WRKY olarak belirlendi. Bu çalışma, sarı ve koyu kırmızı tatlı kirazlar arasındaki meyve renklendirme değişiklikleri konusunda yeni perspektifler sunarken, anahtar metabolitlerin ve farklı genlerin analizi, gelecekteki renk geliştirme ve ıslah programları için moleküler bir temel sağlar. Flavonoidlerin meyve rengini belirlemede önemli bileşenler olduğu bulundu. Çalışma, tatlı kirazlardaki renklendirme süreci hakkında değerli bilgiler sunmaktadır.

Mutasyon ıslahı kullanılarak kirazda çeşit ıslahı çalışmaları ülkemizde başarıyla yapılmaktadır (Kunter ve diğerleri, 2009 ve 2012). Kunter ve diğerleri (2009), '0900 Ziraat' kiraz çeşidini geliştirmek amacıyla mutasyon ıslahı tekniğini kullanmışlardır. Bu kapsamda, 2000 yılında aşı gözleri 25, 30, 35, 40, 45, 50, 55 ve 60 Gy dozlarında kobalt 60 (Co^{60}) kaynağı ile ışınlanmıştır. Genç fidanlarda yapılan ölçüm ve hesaplamalar sonucunda etkili mutasyon dozu 33,75 Gy, mutasyon frekansı ise %4,1 olarak belirlenmiştir. Ağaçlarda gerçekleştirilen pomolojik çalışmalar neticesinde meyve ağırlığı (g), sap uzunluğu (cm), meyve uzunluğu (g), tohum ağırlığı (g), suda eriyebilir kuru madde oranı ve çatlama oranı (%) belirlenmiştir. Elde edilen verilere göre, 371 mutant ağaçtan bodur, yarı bodur, yüksek verimli ve çatlama dayanıklı 8 mutant çeşit aday seçilmiş ve ileri gözlemler için yeni bir plantasyon oluşturulmuştur. Bu çalışma, mutasyon ıslahı tekniğiyle meyvecilik alanında yeni çeşitler geliştirilmesine temel oluşturacak niteliktedir ve tescile esas ileri gözlem plantasyonlarının oluşturulmasını sağlamıştır.

Ülkemizde melezleme ıslahı ile kirazda yeni çeşit geliştirme çalışmaları devam etmektedir (Kaşka, 2019). Eğirdir Meyvecilik Araştırma Enstitüsü tarafından '0900 Ziraat' çeşidi uygulanan 1999 yılında başlatılan klon seleksiyonu çalışmaları sonucunda '4218' no'lu klon 'Davraz' ismiyle 2011 yılında tescil ettirilmiştir. 2014'te Atatürk Bahçe Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsü tarafından ümitvar iki mutant 'Aldamla' ve 'Burak' çeşitleri, 2022'de ise 'Baldamla' çeşitleri tescil edilmiştir.

2. KİRAZLARDA S-ALLEL UYUŞMAZLIĞI VE GENETİK ÇEŞİTLİLİK

Kirazlar kendine ve karşılıklı uyumsuzdur, bu durum üretim programları aracılığıyla yeni çeşitlerin geliştirilmesinde önemli sonuçlar doğurur. Doğal popülasyonlarda kendi kendine uyumsuzluk, gen akışı ve genetik çeşitlilik üzerinde önemli bir etkiye sahip olan önemli bir faktördür. Farklı popülasyonlardaki değişkenlik çalışmaları, dengeleme seçimi dâhil olmak üzere farklı seçim süreçlerinin S-lokusundaki alel frekanslarını şekillendirdiğini, aynı zamanda popülasyonlar arasında yüksek düzeyde gen akışı olduğunu ortaya koymuştur (Schueler ve diğerleri, 2006). Mariette ve diğerleri (2010) kendi kendine uyumsuzluk alellerinin çeşitliliği

çalışmalarında, kültüre alma ve üretim kısıtlayıcı faktörü sırasıyla %20 ve %30 olarak ölçmüş, toplam kısıtlayıcı faktörü S-lokusunda %50 olarak belirlemiştir.

Kirazlarda, kendine ve karşılıklı uyuşmazlığın (grup uyuşmazlığı) varlığı uzun bir süredir bilinmektedir (Özçağırın ve diğerleri, 2003). Kirazlarda ortaya çıkan gametofitik uyuşmazlık, çok sayıda alleli içeren (multiple) tek bir gen tarafından kontrol edilir (Özçağırın ve diğerleri, 2005). Bu uyuşmazlığı yöneten genlere ise S-allel genleri denir.

Kirazların meyveye yatma süresi uzundur ve arazi sonuçları da fizyolojik ve çevresel etkilere bağlı olarak değişkenlik gösterebilir, bu da tam uyuşan ve yarı uyuşan melezleme kombinasyonları arasında kesin bir ayrım yapmayı zorlaştırabilir. Kendine uyuşmazlığın belirlenmesinde, S-RNase enzimleri ve DNA amplifikasyonu temelli moleküler yöntemler geliştirilmiştir (Tsukamoto ve diğerleri, 2008a, 2008b; Demirtaş ve Yıldırım, 2021). Moleküler teknikler, çeşitlerin karşılıklı uyuşmazlık gruplarını belirlemede rutin olarak kullanılmaktadır (Schuster, 2017).

Yamane ve diğerleri (2003) çalışmalarında, *Prunus cerasus* ve *P. avium* adlı iki kiraz türünde, S-RNase geni ile yakından ilişkili yeni bir gen olan Pa-SFB'nin keşfini tanımlamaktadır. Bu gen özellikle polende ifade edilir ve dizi polimorfizması gösterir. Araştırmacılar, Pa-SFB'nin *Prunus*'ta gametofit kendine uyuşmazlığın erkek belirleyeni için potansiyel bir aday olabileceğini öne sürmektedir. Çalışma aynı zamanda her iki türdeki kendine uyuşmazlık tepkileri ve S-RNase için paylaşılan bir gen arasındaki benzerliği tartışmaktadır. Çalışmada kullanılan yöntemler arasında cDNA sentezi, PCR analizi, genomik DNA analizi, RACE, klonlama ve ekspresyon analizi bulunmaktadır. Çalışma, *Prunus*'taki kendine uyuşmazlık F-box proteinini tanımlamaya ve analiz etmeye odaklanmıştır. Ayrıca bu çalışmada, tatlı kirazda bir S-haplotype özel F-box proteinini kodlayan Pa-SFB adlı başka bir gen de klonlanmış ve dizilenmiştir. Pa-SFB geni, S-locus bölgesinde S-RNase geni ile fiziksel olarak bağlantılı ve badem SFB'lerine benzerlik göstermektedir. Ekspresyon analizi, Pa-SFB'nin tatlı kirazın polen tanelerinde özellikle ifade edildiğini gösterdi. Çalışma, SFB geni tarafından kodlanan F-box proteininin, yabancı olmayan S-RNase'lerin tanınması ve parçalanmasında rol oynayabileceğini öne sürmektedir. Sonuçlar, kendine uyuşmazlıkta polen-pistil tanıma inhibisyon modelini desteklemektedir.

Gametofitik kendine uyumsuzluk sergileyen bitki popülasyonlarında, nadir S alellerine sahip bireylerin, daha yaygın alellere sahip bireylere göre üreme avantajına sahip olma olasılığı yüksektir. Bu nedenle, bireylerin kendine uyumsuzluk haplotipinin belirlenmesi, genetik çalışmalar ve bilgili yönetim stratejileri geliştirmek için esastır. Vaughan ve diğerleri (2008) çalışmalarında, kirazda (*Prunus avium* L.) tanımlanan altı yeni S alelini karakterize etmektedir. Yakın zamanda dikilen ormanlık alandaki bireylerin S genotipini belirlemek için, S-RNase geni ile ilişkili intronların uzunluk polimorfizmleri ve polen SFB geni kullanılarak altı S intron profili ortaya çıkardılar ve bunlar, bilinen S alellerine uymayan S27'den S32'ye kadar olanlar belirlenmiştir. Yeni S intron profilleri ile ilişkilendirilmiş S-RNase alellerini izole etmek için sinyal peptidi ve C5 bölgeleri için kodon içeren S-RNase sekansına sahip ortak primerler kullanıldı. Yeni alellere ait proteinler, stil özütlerinden izoelektrik odaklamayla ayrıldı ve pI değerleri belirlendi. Yeni izole edilen alellerin çıkarılmış amino asit dizisi ile veritabanlarındaki diğer kiraz S-RNase dizileri arasındaki benzerlik %40 ila %86 arasında değişmektedir. SFB intronları için amplifikasyon ürünleri 172 ila 208 bp arasında değişmektedir. Pozitif seçilime maruz kalan yeni dizi bölgeleri tanımlandı ve PS3 bölgesinin önemi pekiştirildi. *P. avium* S-RNase'ler için S10 ve S13 arasındaki ve ilgili SFB alelleri arasındaki filogenetik ilişki, bu iki genin alel özelliklerinin birlikte evrimleştiğini gösterebilir. Kiraz popülasyonlarında S alellerinin dağılımı ve frekansı ekolojik öneme sahiptir ve genetik çeşitliliği etkiler. Bu araştırma, kiraz ağaçlarının genetik çeşitliliği ve üreme başarısını anlamamıza katkıda bulunmaktadır.

Schuster (2012) çalışmasında, kiraz çeşitlerinin kendine uyumsuzluğunu ve verimliliklerini belirleyen genetik faktörleri araştırmaktadır. Farklı moleküler yöntemler, tatlı kirazların S-allel'lerini tanımlamak ve S-genotiplerini belirlemek için geliştirilmiştir. Çalışma, 734 tatlı kiraz çeşidinde toplamda 18 S-allel tespit etmiş ve bunları 47 uyumsuzluk grubuna kategorize etmiştir. Bu bilgi, bahçe planlaması, hibridleme ve genetik markör kullanımı için değerlidir. Başka bir çalışma, farklı bölgelerden tatlı kiraz çeşitleri üzerindeki S-allel'lerine odaklanmış ve 11 farklı alleli tanımlamıştır. 51 tatlı kiraz erişimine ait S-genotipleri belirlenmiş ve 18 farklı S-allel ile toplamda 62 S-genotipi açıklanmıştır. Bu çalışma aynı zamanda 'Ermstaler I' çeşidini evrensel bir tozlayıcı olarak sınıflandırmış ve kendine uygun genotipleri

tanımlamıştır. Kiraz çeşitlerinde en yaygın S-allel S'dir. Ayrıca, uyumluluk gruplarına, kökenlerine ve ebeveyn bilgilerine göre sıralanan kiraz çeşitlerinin bir listesi bulunmaktadır. Ayrıca, kiraz ağaçlarının genetik uyumluluğunu inceleyen çalışmaların bir parçası olarak S-allel'lerinin tanımlanması, S-allel genotiplerinin belirlenmesi ve alel spesifik PCR tespit yöntemlerinin geliştirilmesi de ele alınmıştır. Bu çalışmalar, kiraz çeşitlerinin genetik temeli ve ıslahı konusundaki anlayışa katkı sağlamaktadır.

Cmejlova ve diğerleri (2023) çalışmalarında, kirazlarda kendine (karşı) uyumlu allel tespiti için yeni bir reaksiyon testini tartışmaktadır. Bu test, tek bir PCR çalışmasında birden fazla allel ve promotör varyantının tanımlanmasına olanak tanıyor, bu da rutin teşhisler ve moleküler markör destekli ıslah için kullanışlı kılıyor. Çalışma ayrıca tatlı kiraz çeşitlerinde daha önce bilinmeyen bir S-alleli ve MGST promotörünün yeni bir varyantını keşfetti. Test, tatlı kirazlarda S-allel tespiti için daha etkili ve pratik bir yöntem sunmaktadır.

3. KIRAZDA SSR MOLEKÜLER MARKÖR ÇALIŞMALARI

Moleküler markörler, meyve ıslahında önemli araçlar haline gelmiş ve çeşitli bitki türlerinde ekonomik açıdan önemli özelliklerin genetik ve kalıtımı hakkında değerli bilgiler sağlamıştır. Bu markörler, ıslah süresini kısaltmış ve daha yüksek kaliteli ve verimli meyve çeşitlerinin gelişimini desteklemiştir. RFLP (Restriksiyon Fragment Uzunluk Polimorfizmi), RAPD (Rastgele Amplifikasyon Polimorfizmi), SSR (Basit Dizi Tekrarları), SRAP (Baz Dizisi İlişkilendirilmiş Çoğaltılmış Polimorfizim) ve AFLP (Amplifiye Fragment Uzunluk Polimorfizmi) gibi farklı moleküler markör türleri, genetik materyali analiz etmek ve bireyler arasındaki genetik farklılıkları belirlemek için kullanılır. Bu markörler, bir bitki popülasyonundaki farklı genotipler arasındaki genetik yapı ve ilişkileri belirlemede kullanılmaktadır. Genotip tanımlama, sistematığı ve karakterizasyonu, genetik haritalama, seçim ve genetik kaynakların tanımlanması ve korunması dahil olmak üzere meyve yetiştiriciliğinde çeşitli uygulamalara sahiptirler. Moleküler markörler, farklı meyve çeşitleri arasındaki genetik farklılıkları ve benzerlikleri belirlemede daha etkili bir yol sunar (Güney ve diğerleri, 2020).

Kiraz genotiplerinin tanımlanması ve karakterizasyonu çalışmaları uzun bir süre boyunca morfolojik ve fizyolojik özelliklere dayalı olarak yapılmıştır. Bu tür özellikler çevresel koşullardan etkilenebilirken, moleküler markörler çevresel etkenlerden etkilenmemeleri ve polimorfizm oranlarının yüksek olması nedeniyle bu tarz çalışmalarda daha kullanılır bir duruma gelmiştir. Wünsch ve Hormaza (2002) çalışmalarında, şeftali de geliştirilen SSR markörlerini kullanarak kiraz genotiplerini karakterize etmeyi amaçlamaktadır. Araştırmacılar, şeftali için geliştirilen mikrosatellit markörlerinin kiraz genotiplerine transfer edilebilirliğini test etmişlerdir. 24 SSR lokusu başarıyla amplifiye etmiş ve 13 polimorfik lokus tespit etmişlerdir. Araştırmacılar, bu markörleri 76 kiraz genotipi arasındaki genetik benzerlikleri incelemek için kullanmışlar ve 72 benzersiz genotip profili belirlemişlerdir. Locus başına ortalama alel sayısı 3.7 iken, dokuz polimorfik lokus üzerindeki ortalama heterozigosite 0.49 olarak tespit etmişler. Sonuçlar, mikrosatellit markörlerinin türler arası transferinin kullanışlı olduğunu göstermektedir ve bu sayede aynı cinsin diğer türlerinde geliştirilen dizilerle farklı genotiplerin ayırt edilebilmesine olanak tanımaktadır. Çalışma aynı zamanda İspanyol çeşitlerinde nadir alelleri belirlemek ve heterozigositeyi hesaplamak için verileri analiz etmiştir. Genel olarak, bu araştırma, kiraz genotipleri arasındaki genetik çeşitlilik ve ilişkiler hakkında değerli bilgiler sağlamaktadır. Benzerlik verilerinin UPGMA küme analizi, çalışılan eski genotipleri coğrafi kökenlerini yansıtan iki oldukça iyi tanımlanmış gruba ayırmıştır; biri güney Avrupa kökenli genotipleri içerirken, diğeri kuzey Avrupa ve Kuzey Amerika kökenli genotipleri içermektedir.

SSR markörleri ile yapılan çalışmada, antik kiraz çeşitlerini coğrafi kökenlerine göre ayırdığı ve bu çeşitleri Güney ve Kuzey Avrupa'dan ayırdığı bildirilmiştir (Wünsch ve Hormaza 2002). Yabani ve kültür kiraz koleksiyonlarının kloroplast DNA'sının karşılaştırılması, kültüre alınmış koleksiyonlarda genetik çeşitliliğin kısıtlayıcı faktörler sonucunda azaldığını ortaya koymaktadır (Panda ve diğerleri, 2003). Mariette ve diğerleri (2010), kirazda popülasyon yapısı ve genetik darboğazı ortaya çıkarmak için, 26 SSR markörü ile 141 yerel çeşit ve 66 modern çeşidi analiz etti. Sonuçlar, kirazın kültür formlarının tek bir olay yerine yoğun gen akışı ve ikincil kültür formlarını içeren karma bir süreç olabileceğini öne sürmektedir. Diğer taraftan, Mariette ve diğerleri (2010) tarafından tespit edilen önemli

değişkenliğin azalması, modern çeşitlerde alellerin %40'ına varan kaybıyla, modern üretim programlarında az sayıda üreticinin kullanmasının bir kısıtlayıcı faktör olduğunu göstermektedir.

De Rogatis ve diğerleri (2013), çalışmalarında, 8 nükleer mikrosatellit markörü kullanarak, İtalya'daki yabani kirazı ağaçlarının genetik varyasyonunu açıklamışlar. Örneklenen bitkiler, ekolojik ve bitki örtüsü koşullarına göre tanımlanan 11 içsel olarak homojen üretim bölgesine gruplandırılmış. Ortalama gözlemlenen heterozigosite (Ho) 0.573, beklenen heterozigosite (He) ise 0.698 saptanmış. Her lokusta Hardy–Weinberg dengesinden önemli sapmalar ($P < 0.01$) tespit edilmiş. Null alel frekansları dikkate alındığında hesaplanan ortalama sabitleşme indeksi 0.075 olduğu ve hafif bir homozigot fazlasını gösterdiği rapor edilmiş. Genetik diferansiyasyonun bir tahmini olarak yaygın olarak kullanılan FST (popülasyonlar içindeki genotip frekanslarının Hardy–Weinberg beklentilerinden sapması) değeri 0.046 olduğu ve bu, üretim bölgeleri arasında hafif, ancak anlamlı bir farklılaşma olduğunu göstermektedir. Populasyonlar arasında ve içinde önemli genetik varyasyon tespit edilmiş, ancak coğrafi konumla net bir korelasyon bulunamamış. Toplamda 278 bitki örneklenmiş ve analiz edilmiş, metodoloji INEST ve GENALEX gibi programlarla mikrosatellit lokuslarının incelenmesi sonucunda, populasyonlar arasında yüksek genetik farklılık ve üretim bölgeleri içinde nispeten yüksek genetik çeşitlilik olduğu gösterilmiştir. İtalya'daki yabani kiraz ağaçlarının, yetiştirilen kiraz çeşitlerine kıyasla daha yüksek genetik çeşitliliğe sahip olduğu belirlenmiştir. Bununla birlikte, kendine uyumsuzluk sisteminin hakim olduğu bu ağaçlarda, bazı bölgelerde sınırlı uygun ağaçlar nedeniyle genetik olarak ilişkili soydan kaynaklanan nesillerin oluşması, coğrafi bir desenin olmamasına sebep olduğu belirtilmiştir. Çalışma da, yabani kirazının genetik kaynaklarının korunması ve yönetimi için görüşler de bildirilmiştir.

Eken ve diğerleri (2022), Türkiye'deki yabani kiraz (*Prunus avium* L, syn. *Cerasus avium* L. Moench.) populasyonlarının genetik varyasyonu üzerine bir çalışma yapmışlar. Araştırmacılar, 22 farklı popülasyondan örneklenen 440 birey yabani kirazının genetik yapısını değerlendirmek için 10 adet SSR markörlerini kullanmışlar. Sonuçlar, moleküler varyans analizi ile, populasyon içinde genetik çeşitliliğin yaklaşık %88.5 olduğunu ve populasyonlar arasındaki genetik çeşitliliğin yaklaşık %9.8 olduğunu tespit

etmişler. Bu nedenle, yabani kirazın genetik çeşitliliği popülasyonlar içinde yüksekken, test edilen popülasyonlar arasında orta düzeyde (FST değerleri 0.02-0.16) olduğunu saptamışlar. Filogeni, temel bileşen ve genetik Structure analizi, popülasyonların coğrafi konumlarına göre ayrıldığını belirlemişler. Dört popülasyonun genetik olarak farklı olduğu ve koruma altına alınması gerektiğini belirtmişler. Çalışmada, yabani kirazı genetik çeşitliliğine yönelik tehditleri, zararlılar, hastalıklar, düşük doğal rejenerasyon ve diğer türlerle rekabet gibi faktörleri de vurgulanmaktadır. Bu tehditlerle başa çıkmak ve yabani kiraz popülasyonlarının genetik çeşitliliğini artırmak için üretim ve koruma uygulamaları önerilmektedir.

Genbank koleksiyonları, eski yetiştirme geçmişine sahip birçok eski çeşidi korur. Ancak, genellikle eşanlamlı veya yanlış isimlendirilmiş çeşitler, birden çok koleksiyonda korunur. Bu nedenle, genbank koleksiyonlarındaki çeşitlerin tipine uygunluğunu doğrulamak için pomolojik ve genetik karakterizasyon, bir zorunlu önkoşuldur. Reim ve diğerleri (2023) çalışmalarında, Alman Ulusal Meyve Gen Bankası'ndaki (German National Fruit Genebank) kiraz çeşitlerinin gerçekliğini ve genetik çeşitliliğini değerlendirmektedir. 1442 kiraz ağacının pomolojik ve genetik analizi yapılmıştır. Çalışma aynı zamanda kiraz koleksiyonunda yüksek düzeyde genetik çeşitlilik tespit etti ve seçilmiş çeşitlerin coğrafi kökenleri belirlenmiştir. Çalışma, genetik ve pomolojik karakterizasyon yöntemlerinin genbank koleksiyonlarındaki çeşitlerin gerçekliğini değerlendirmedeki önemini vurgulamaktadır. Ayrıca, kiraz ağaçları, 16 SSR markörü kullanılarak çeşit kimliği için genetik olarak analiz edildi. Pomolojik karakterizasyon ve genetik analize dayanarak ağaçların çoğunluğu için (%86) çeşit gerçekliği doğrulanabildi. Çoğu markör, çeşit tanımlamak için yüksek ayırım yapıcı ve güçlüydü. Kiraz koleksiyonu, beklenen heterozigozite $H_e = 0.67$ olan yüksek bir genetik çeşitlilik gösterdi. Genel olarak, STRUCTURE analizi sonrasında farklı coğrafi kökenlere ve tarihlerdeki çeşitler arasında yüksek genetik karışım elde edildi, bu da koleksiyondaki kiraz çeşitleri arasında zaman içinde genetik bilgi değişiminin kapsamlı olduğunu gösterdi. Ancak, DARwin tarafından hesaplanan filogenetik ağaç, seçilmiş kiraz çeşitlerinin coğrafi kökenini yansıtırken, CERVUS ile yapılan soy analizi sonrasında, üç çeşit için baba kimliği doğrulanamadı, bu da bu çeşitler için daha fazla soy analizi gerekliliğini göstermektedir. Çalışmanın sonuçları,

genetik ve pomolojik karakterizasyona dayanarak genbank koleksiyonlarındaki çeşitlerin gerçekliğini değerlendirmenin genel önemini vurgulamaktadır. Ayrıca, popülasyonların genetik analizinde doğru genotipleme ve mikrosatellit markörlerin geliştirilmesinin önemi vurgulanmıştır.

4. KİRAZ ISLAHINDA MOLEKÜLER MARKÖR DESTEKLİ SEÇİM (MAS) VE GENETİK HARİTALAMA

Birçok tür de genetik bilginin büyük ölçüde artmasının ana nedenlerinden biri, DNA dizileme maliyetlerinin azalması olmuştur. Bu durum, özellikle Yeni Nesil Dizileme (Next-Generation Sequencing, NGS) 'nin birçok türün genomunu dizilemesiyle süre gelmiştir. Özellikle, farklı DNA markörlerinin geliştirilmesi ile sağlanan ilerlemenin devamında ise doymuş genetik haritaların oluşturulmasını ve yetiştirilen türlerin en önemli karakterlerinin değişkenliğini açıklayan ana genlerin ve QTL'lerin genomik pozisyonlarının belirlenmesini mümkün kılmaktadır (Güney ve Kafkas, 2020; De Mori ve Cipriani, 2023).

Genotipleme-yoluyla-dizileme (GBS) gibi yaklaşımların kullanımı, çeşitli şeftali çeşitleri veya genotiplerinin yeniden dizilimi temel alınarak yapılan analizler gibi yaklaşımlar da bu konuda önemli rol oynamaktadır (Elshire ve diğerleri, 2011). Daha önce haritalara yerleştirilen genler veya QTL'ler, referans *Prunus* haritasıyla hizalanmış haritalarda fiziksel haritada bulunmaktadır (Dirlewanger ve diğerleri, 1999; Etienne ve diğerleri, 2002; Quilot ve diğerleri, 2004; Eduardo ve diğerleri, 2013; Li ve diğerleri, 2021). Bu genlerin/QTL'lerin bulunduğu bölgelerin DNA dizisine dayalı olarak, bu bölgelerin doyumluğu için markörler geliştirmek kolaydır ve bu markörler, ayrışan popülasyonlar veya genotiplerin koleksiyonlarıyla birlikte çalışarak, ilgili fenotiplerle birlikte incelenebilir ve hedef lokusun haritalandırılır (Michelmore ve diğerleri, 1991). Gen/QTL'nin konumu belirlendikten sonra, bu kromozom bölgesinde karakterin ifadesi için aday olan genleri araştırmak ve bunların dizilimine dayalı markörler geliştirmek veya farklı bireylerdeki dizilim değişkenliğini incelemek ve gözlemlenen fenotiplerle ilişkisini incelemek de mümkündür.

Genel olarak, yeni çeşitlerin geliştirilmesi uzun ve zahmetli bir süreçtir. Amaca uygun en iyi genotipi seçmek, büyük bir popülasyonunun

oluşturulması ile gerçekleşebilir. İslahçıların melezlemelerden büyük popülasyonlar oluşturma kapasitesi neredeyse sınırsız olsa da, bunların yönetimi, incelenmesi ve seçimi de, yeni çeşitlerin oluşturulmasındaki temel sınırlayıcı faktörlerdendir. Bu bağlamda, Markör Destekli Seçim (MAS), seçim kazançlarını artırmak için çok umut vadeden bir strateji olarak ortaya çıkmaktadır (Arus ve Gonzalez, 1993; Infante Espiñeira ve diğerleri, 2008). MAS, yıllarca arazide denemlerine gerek kalmaksızın istenilen özelliklerin erken dönemde belirlenmesine imkan sağlamaktadır. Bu durum, tarımsal özellikler ile ilgili farklı genlerin/QTL'lerin birikimini mümkün kılar veya kültüre alınmış bir türün genotipini egzotik bir genotiple veya yabani türle melezleme sonrası elde etmek için gereken nesil sayısını kısaltabilir (Dirlewanger ve diğerleri, 1999; Güney ve Kafkas, 2020). MAS, uzun bir gençlik döneme sahip meyve ağaçlarında, genin ifadesi resesif olduğunda veya karakterin değerlendirilmesi biyotik veya abiyotik stres karşı dirence benzer şekilde zor olduğunda özellikle yararlıdır. Yeterli haritalama bilgisi mevcutsa, MAS, geriçaprazlama programlarında bitkinin istenmeyen genlerini elemine etmek için gereken nesillerin sayısını büyük oranda azaltabilir (Knapp, 1988; Güney ve Kafkas, 2020).

Moleküler markörler kullanılarak yapılan genetik benzerlik çalışmaları, çeşitli meyve ürünlerinde popülasyon içindeki genetik yapı ve ilişkileri ortaya koyar. Genetik ve nicel özellik lokusu (QTL) haritalama ile birlikte markör destekli seçim kullanımı, önemli meyve özelliklerini kontrol eden genlerin tanımlanmasına ve haritalanmasına izin vermektedir. Moleküler markörler, böcek zararlarına karşı direnç, meyve kalitesi ve hastalıklara karşı direnç gibi özellikleri artırmak için kullanılmaktadır. Ayrıca, çeşitli meyve türlerinde genetik çeşitliliğin tanımlanması ve karakterizasyonunda da kullanılır. Genel olarak, meyve ıslahında ve genetik analizde moleküler markörlerin kullanımı, bitki ürünlerini geliştirmede ve genetik özelliklerini anlamada kritik olduğunu kanıtlamaktadır (Aksu ve Şahin-Çevik, 2015; Güney ve diğerleri, 2019, 2021a ve 2021b).

Shirasawa ve diğerleri (2017) çalışmalarında, yeni nesil sekanslama (NGS) kullanılarak kiraz (*Prunus avium*) da genom dizileme çalışması yapmışlardır. Dizilerin toplam uzunluğu 272.4Mb idi ve 219.6 kb N50 uzunluğuna sahip 10,148 scaffold dizisinden oluşmaktadır. Diziler, k-mer analizi ile tahmin edilen 352.9Mb'lik kiraz genomunun %77.8'ini kapsamakta

ve çekirdek eukaryotik genlerin >96.0%'ını içermektedir. 43,349 tam ve kısmi protein kodlayan gen tahmin etmişlerdir. Çift-kesim restriksiyon site-ilişkili DNA dizileme kullanılarak 2,382 lokuslu yüksek yoğunluklu bir konsensüs haritası elde etmişlerdir. Dizi varyantları, basit dizi tekrarları gibi DNA markaları olarak kullanılabilir. Altı kiraz çeşidinin genomunun tam dizilemesi, birçok dizi varyantı ve DNA markasını tespit ettiler ve bunlar ıslah programlarında kullanılabilecek potansiyele sahiptir. Çalışma, kiraz için genetik çalışmalara katkıda bulunmayı ve ıslah çabalarını hızlandırmayı amaçlamaktadır. Araştırma, kiraz genomunu analiz etmek için çeşitli dizileme teknikleri, biyoinformatik araçlar ve veritabanları kullanmıştır. Ayrıca, markörler ve genetik bağlantı haritaları geliştirilmiş kirazdaki genetik çeşitlilik ve yapısal varyasyon analiz edilmiştir. Çalışma, kirazın genetik yapısı ve özellikleri hakkında değerli bilgiler sunmakta ve bu bilgiler kiraz ve diğer Rosaceae ailesi üyeleri için ıslah programları ve genetik çalışmalarda uygulanabilir.

Velioglu ve diğerleri (2020) çalışmalarında, Türkiye'deki yabani kiraz popülasyonlarının genetik parametrelerini tahmin etmeye odaklanmaktadır. Türkiye'deki altı popülasyonunda aile bazında tohum toplanmış ve bu tohumlardan yetiştirilen fidanlarla üç farklı deneme alanı (Demirköy, İzmit ve Safranbolu) kurulmuş. İlk yılın sonunda, 6 popülasyondan toplanan 95 aileye ait fidanlarda boy ve kök boğazı çapı ölçülmüş ve tomurcuk açma gözlemlenmiştir. Elde edilen verilerle özelliklere ait genetik parametreler tahmin edilmiştir. Tüm özelliklerde, popülasyonlar arasında ve popülasyonlar içinde aileler arasında anlamlı düzeyde varyasyon bulunmuştur. Popülasyon bazında incelendiğinde, popülasyonların üç farklı deneme alanında benzer boy, kök boğazı çapı ve tomurcuk açma gelişimi sergilediği anlaşılmıştır. Bireysel kalıtım dereceleri, tek tek deneme alanlarında 0,32 ile 1,09 arasında tahmin edilmiş, üç deneme alanı birlikte değerlendirildiğinde ise 0,27 ile 0,59 arasında değişmiştir. Türkiye'de ilk kez tahmin edilen genetik parametrelerin, yabani kirazın ıslahı ve genetik koruma çalışmalarına katkı sağlayabileceği düşünülmektedir.

Donkpegan ve diğerleri (2023), kiraz çeşitlerinde meyve kalite özelliklerinin genetik temelini belirlemek amacıyla genetik çeşitlilik haritası çıkaran bir genom genişletilmiş ilişki çalışması gerçekleştirmiştir. Bu amaçla, 116 kiraz germplazm koleksiyonunda, 2-6 yıl boyunca 23 tarımsal meyve

kalitesi özelliği açısından değerlendirilmiş ve dizileme ile genotipleme (GBS) yaklaşımı kullanılarak karakterize edilmiştir. Çalışma da, meyve boyutu, meyve çatlaması ve meyve sertliği gibi özellikler için SNP-özellik ilişkilerini belirlemişler. Fitohormon, kalsiyum ve hücre duvarı metabolizmalarında yer alan aday genler de tanımlanmış. Bulgular, kirazda meyve kalitesinin genetik kontrolünün anlaşılmasına katkı sağlamakta ve ıslah çabalarına yardımcı olacaktır. Çalışma kapsamında, genomik verileri analiz etmek için dizileme ile genotipleme (GBS) kullanmış ve erişimlerde yüksek fenotipik varyasyon saptamışlar. Ayrıca, popülasyon yapısını ve bağlantı dengesizliğini inceleyen ve alt popülasyonları tanımlayan çalışma, bağlantı dengesinin kullanılan referans genomuna bağlı olarak farklı oranlarda azaldığını belirlemişler. Çalışma, kirazdaki genetik özellikleri analiz etmede çeşitli faktörleri düşünmenin önemini vurgulamaktadır. Çalışma aynı zamanda şeftali genlerinde SNP ve özellikler arasındaki ilişkileri, kiraz ağaçlarında meyve çatlamaya karşı toleransla ilişkilendirilen lokusları da ortaya çıkarmıştır. Kalsiyum metabolizması ve hücre duvarı biyosentezine dahil olan genlerin meyve kalitesini belirlemede önemli bir rol oynadığı tespit edilmiştir. Genel olarak, çalışma kapsamında kirazdaki meyve kalitesini etkileyen genetik faktörlere dair bilgiler açığa çıkarıldı ve ıslah stratejileri için önem taşımaktadır.

Holušová ve diğerleri (2023), kirazın yüksek çözünürlüklü genom genişletilmiş ilişki çalışmasını kapsamaktadır. Çalışmanın amacı, meyve olgunluğu ve kalite özellikleri ile ilişkilendirilmiş genetik markörleri belirlemektir. Toplamda 235 kiraz çeşit ve genotipinde, hasat zamanı ile meyve rengi, sertlik ve boyut ile ilişkili 1,767,106 tek nükleotid polimorfizmi (SNP) belirlendi. Böylelikle, markörlerle ilgili fenotiplerle sıkı bir şekilde ilişkilendirildi ve belirli tek nükleotid polimorfizmlerinin bireysel alel kombinasyonları, belirli fenotiplerle bağlantılar sağladı. Ayrıca, sarı meyveli erişimler sıralandı ve kromozom 3'te beş MYB10 transkripsiyon faktörünü içeren ~90 kb'lık bir delesyonun fenotiple ilişkilendirildiği belirlendi. Genel olarak, çalışma, yüksek çeşitlilikli erişim popülasyonları kullanarak çift ebeveynli popülasyonlardan birçok nicel özellik lokusunu doğruladı, yeni ilişkileri tanımladı ve genom genişletilmiş ilişki çalışmaları, özellikle kilobas ve her lokus başına birkaç aday gen boyutuna azalttı. Çalışma aynı zamanda bir genom dizisinin nedenli önemli olduğunu vurgulamaktadır. Bu tarz

çalışmalar, moleküler markörleri geliştirmek ve önemli tarımsal özelliklerin temelinde yatan genleri değerlendirmek ve karakterize etmek için bir çerçeve sağlayacaktır. Bulgular, önemli kiraz özelliklerinin genetik temelini anlamamıza katkı sağlamakta ve ıslah programlarında istenen meyve özellikleri için seçim yapmak için kullanılabilir.

Kirazda (*Prunus avium* L.), çiçeklenme tarihi güçlü bir şekilde çevresel koşullara bağlıdır ve bu nedenle iklim değişikliğine uyum için önemli bir özelliktir. Bu tür bir özellik, genotip-çevre etkileşimi ($G \times E$) tarafından etkilenebilir, bu da genotiplerin farklı çevrelere verdiği tepkideki farklılıkları ifade eder. Göz önüne alınmazsa, $G \times E$ seçim doğruluğunu ve genel genetik kazancı azaltabilir. Ancak meyve ağacı türleri hakkında $G \times E$ hakkında pek bilgi yoktur. Çiçeklenme tarihi, çok kalıtsal ve poligenik bir özelliktir ve birçok nicel özellik lokusu (QTL) tanımlanmıştır. Genel genetik performans için çevreye yanıt olarak QTL'lerin farklı ifadesi (QTL-çevre etkileşimi, $QTL \times E$) meydana gelebilir. Branchereau ve diğerleri (2023) çalışmalarında, $G \times E$ ve $QTL \times E$ 'yi incelemek için uygun bir çoklu çevre denemesinin (MET) analizine dayanmaktadır. Araştırmacılar, 'Regina' ve 'Lapins' kirazları arasındaki melezleme sonucu elde edilen F1 bireylerini kullanmışlardır ve dört Avrupa ülkesinde (Fransa, İtalya, Slovenya ve İspanya) beş farklı lokasyonda ikişer tekerrür şeklinde bu bireylerin dikimi yapılmıştır, bu da geniş bir iklim koşulları yelpazesini kapsamaktadır. Bu çalışmanın amacı çevrenin çiçeklenme tarihi üzerindeki etkisini incelemek ve $G \times E$ 'yi tahmin etmek, farklı ortamlarda QTL tespiti yaparak QTL'lerin çevreler arasındaki kararlılığını incelemek ve $QTL \times E$ 'yi tahmin etmektir. Çiçeklenme tarihi üzerinde çevrenin ve genetik kontrolünün güçlü bir etkisi vurgulanmıştır. İki büyük etki ve çevre özgü QTL, 1 ve 4 numaralı bağlantı gruplarında belirlenmiştir ve anlamlı $QTL \times E$ 'ye sahiptir. Bu çalışma, ılıman bölgelerdeki en ekonomik öneme sahip meyve ürünlerinden birinde çevrenin etkisi üzerine yeni perspektifler sunmaktadır. Ayrıca, çiçeklenme tarihi için moleküler markörler geliştirilmiş ve kiraz ıslah programlarında marköre dayalı seleksiyonu (MAS) optimize etmek için sıcak veya soğuk bölgeler için belirli markörlerin kullanılmasını içeren bir strateji ortaya koymaktadır.

5. SONUÇLAR VE GELECEK PERSPEKTİFLERİ

Dünya genelindeki hızlı nüfus artışı, tarım ürünlerine olan talebi artırmaktadır. Bu bağlamda, tarımın geleceğini yönlendiren kuruluşlar, üretim ve tüketim tahminleri yaparak, tarımın sürdürülebilirliği için çalışmaktadırlar. Üretimi artırmak için kullanılan çeşitli yöntemler arasında tarım tekniklerinin geliştirilmesi, sulanabilir tarım alanlarının genişletilmesi ve hastalıkların ve zararlıların etkili bir şekilde kontrol edilmesi bulunmaktadır. Üretimi artırmanın bir başka yolu da uygun üreme yöntemleriyle yüksek verimli yeni çeşitler bulmak ve üretmektir. Bu noktada, mutasyonlar, bitki ıslahında önemli bir rol oynar. Mutasyonlar, doğrudan ve dolaylı olarak bitki ıslahında kullanılabilir. Doğrudan kullanım, adaptasyona sahip çeşitlerin belirli özelliklerini geliştirmek amacıyla gerçekleşir. Mutasyon üretimi, konvansiyonel üreme yöntemlerine kıyasla daha hızlı bir alternatif sunarak çeşitleri iyileştirme, morfolojik markörler oluşturma, erkek kısırlığı veya doğurganlığı geri kazanma ve kalıtsal mutasyonları elde etme gibi hedeflere yöneliktir. Ayrıca, yapay zeka kullanımıyla birleştirilen mutasyon üretimi ve gen düzenleme teknolojileri (CRISPR/Cas9 gibi), bitki özelliklerini, üreme stratejilerini ve tarım süreçlerini iyileştirme potansiyeline sahip olabilir, bu da gıda güvenliği ve uluslararası barışa katkıda bulunabilir. Meyve kalitesi için markör destekli seleksiyon (MAS) ile ilgili gelecekteki çalışmalar, kiraz çeşit ve genotiplerinin haritalanmasını içermelidir. Bu çalışmalar, kiraz genomunun tam diziliminin oluşturulması ve etkili moleküler markörlerin geliştirilmesi üzerine odaklanmalıdır. Genomik çalışmalar, kirazda önemli genleri keşfetmeyi mümkün kılabilir. Moleküler çeşitliliğin araştırılması, ana genlerin ve nicel karakter lokuslarının belirlenmesi, büyük DNA dizisi koleksiyonlarının oluşturulması, transkriptom ve proteom analizleri, karşılaştırmalı genom çalışmaları, fiziksel harita oluşturma ve bilgilere erişebileceği veri tabanlarının geliştirilmesi gibi çalışmalar, bitki ıslahında önemli bir ilerleme sağlamaktadır.

Sonuç olarak, mutasyon ıslahı, gen düzenleme teknolojileri ve genomik çalışmalar, tarımın geleceğinde önemli bir rol oynamaktadır. Bu teknolojilerin etkili bir şekilde kullanılması, gıda güvenliğini artırmak, çeşitliliği genişletmek ve tarımı sürdürülebilir hale getirmek için önemlidir.

KAYNAKÇA

- Akerberg, E. (1986). Nilsson-Ehle and the development of plant breeding at Svalöf during the period 1900–1915. *Hereditas*, 105(1), 1-5.
- Aksu, M., ve Şahin-Çevik, M. (2015). Moleküler Markörlerin Meyve Islahında Kullanım Alanları. *Meyve Bilimi*, 2 (1) , 49-59.
- Allen, G. E. (1969). Hugo de Vries and the reception of the “mutation theory”. *Journal of the History of Biology*, 2(1), 55-87.
- Alp, S., Zarifikhosroshahi, M., Ozturk, G. Y., & Ercisli, S. (2022). Extraction and Identification of Volatile Compounds in *Rosa laxa* Retz var *harputense* T. Baytop" Kışmırı rose". *Yuzuncu Yıl Üniversitesi Journal of Agricultural Sciences (YYU J Agr Sci)*, 32(4).
- Arisoy, H. ve Kaplan, B. (2022). Türkiye'nin Kiraz Dış Ticaretinde Bölgesel Yoğunlaşma Durumu, Tarım Ekonomisi Araştırmaları Dergisi, 8(2),132-143.
- Arus, P. ve Moreno-Gonzalez, J. (1993). Marker-assisted selection. In *Plant breeding: principles and prospects*, Dordrecht: Springer Netherlands, pp. 314-331.
- Branchereau, C., Hardner, C., Dirlewanger, E., Wenden, B., Le Dantec, L., Alletru, D., Parmentier, J., Ivančić, A., Giovannini, D., Brandi, F., Lopez-Ortega, G., Garcia-Montiel, G., Quilot-Turion, B. ve Quero-García, J. (2023). Genotype-by-environment and QTL-by-environment interactions in sweet cherry (*Prunus avium* L.) for flowering date. *Frontiers in Plant Science*, 14, 1142974.
- Brown, S. K., Iezzoni, A. F. ve Fogle, H. W. (1996). Cherries. In J. Janick & J. N. Moore (Eds.), *Fruit breeding. Volume 1: Tree and tropical fruits*. New York: Wiley.
- Chen, C., Zhang, Y., Tang, W., Chen, H. ve Gong, R. (2023). Insights into the Coloring Mechanism of Dark-Red and Yellow Fruits in Sweet Cherry through Transcriptome and Metabolome Analysis. *Agronomy*, 13(9), 2397.
- Cmejlova, J., Paprštejn, F., Suran, P., Zelený, L. ve Čmejla, R. (2023). A New One-Tube Reaction Assay for the Universal Determination of Sweet Cherry (*Prunus avium* L.) Self-(In) Compatible MGST-and S-Alleles Using Capillary Fragment Analysis. *International journal of molecular sciences*, 24(8), 6931.
- De Mori, G. Ve Cipriani, G. (2023). Marker-Assisted Selection in Breeding for Fruit Trait Improvement: A Review. *International Journal of Molecular Sciences*, 24(10), 8984.
- De Rogatis, A., Ferrazzini, D., Ducci, F., Guerri, S., Carnevale, S. ve Belletti, P. (2013). Genetic variation in Italian wild cherry (*Prunus avium* L.) as characterized by nSSR markers. *Forestry*, 86(3), 391-400.

- Demirtaş, İ. ve Yıldırım, F., (2021). Melezleme Islahı Yoluyla Elde Edilen Ümitvar Kiraz (*Prunus avium* L.) Genotiplerinin Kendine Verimlilik ve S-Allel Genlerinin Belirlenmesi. Ziraat Fakültesi Dergisi, 16(2), 105-114.
- Dirlewanger, E., Moing, A., Rothan, C., Svanella, L., Pronier, V., Guye, A., Plomion, C. ve Monet, R. (1999). Mapping QTLs controlling fruit quality in peach (*Prunus persica* (L.) Batsch). Theoretical and Applied Genetics, 98, 18-31.
- Donkpegan, A. S., Bernard, A., Barreneche, T., Quero-García, J., Bonnet, H., Fouché, M., Le Dantec, L., Wenden, B. Ve Dirlewanger, E. (2023). Genome-wide association mapping in a sweet cherry germplasm collection (*Prunus avium* L.) reveals candidate genes for fruit quality traits. Horticulture Research, 10(10), uhad191.
- Eduardo, I., Chietera, G., Pirona, R., Pacheco, I., Troggio, M., Banchi, E., Bassi, D., Rossini, L., Vecchietti, A. ve Pozzi, C. (2013). Genetic dissection of aroma volatile compounds from the essential oil of peach fruit: QTL analysis and identification of candidate genes using dense SNP maps. Tree genetics & genomes, 9, 189-204.
- Eken, B.U., Kırdök, E., Velioglu, E. ve Çiftçi, Y. Ö. (2022). Assessment of genetic variation of natural populations of wild cherry (*Prunus avium* L.) via SSR markers. Turkish Journal of Botany, 46(1), 14-25.
- Elshire, R. J., Glaubitz, J. C., Sun, Q., Poland, J. A., Kawamoto, K., Buckler, E. S. ve Mitchell, S. E. (2011). A robust, simple genotyping-by-sequencing (GBS) approach for high diversity species. PLoS ONE 6:e19379.
- Etienne, C., Rothan, C., Moing, A., Plomion, C., Bodénès, C., Svanella-Dumas, L., Cosson, P., Pronier, V., Monet, R. ve Dirlewanger, E. (2002). Candidate genes and QTLs for sugar and organic acid content in peach [*Prunus persica* (L.) Batsch]. Theoretical and Applied Genetics, 105, 145-159.
- Galatalı, S., Özkaya, D. E., Mercan, T. ve Kaya, E. (2023). Mutation Breeding in Horticultural Plant Species. OBM Genetics, 7(4), 1-10.
- Gharaghani, A. ve Solhjoo, S. (2021). Varietal diversification of stone fruits. Production Technology of Stone Fruits, 1-56.
- Guney, M., Kafkas, S., Keles, H., Zarifikhosroshahi, M., Gundesli, M. A., Ercisli, S., Necas, T. ve Bujdoso, G. (2021a). Genetic diversity among some walnut (*Juglans regia* L.) genotypes by SSR markers. Sustainability, 13(12), 6830.
- Guney, M., Kafkas, S., Zarifikhosroshahi, M., Gundesli, M. A., Ercisli, S. ve Holubec, V. (2021b). Genetic diversity and relationships of terebinth (*Pistacia terebinthus* L.) genotypes growing wild in Turkey. Agronomy, 11(4), 671.

- Güney, M. (2019). Development of an in vitro micropropagation protocol for Myrobalan 29C rootstock. Turkish Journal of Agriculture and Forestry, 43(6), 569-575.
- Güney, M. (2023). Optimization of in vitro micropropagation protocol for Eminium rauwolffii var. rauwolffii: an ornamental plant with prominent pharmaceutical value. Genetic Resources and Crop Evolution, 1-11.
- Güney, M. ve Kafkas, S., (2020). Populations and Their Characteristics For QTL Analysis in Plants. Tarım Akademik Araştırmalar (pp.85-96), Çanakkale: Paradigma Akademi.
- Güney, M., Kafkas, S., Koç, A., Aras, S., Keles, H. ve 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.
- Güney, M., Zarifikhosrohani, M., Çömlekçioğlu, S., Keles, H., Gundesli, M. A., Yaşa Kafkas, N. E. ve Ercişli, S.(2020). Efficiency of various plant growth regulators on micropropagation of hawthorn (*Crataegus* spp.). Comptes Rendus De L Academie Bulgare Des Sciences, 3(1), 58-65.
- Hedrick, U.P. (1915). The history of cultivated cherries. The cherries of New York. Albany: JB Lyon Company, 39, 64.
- Hepaksoy, S. ve Çelik, Z. (2021). Farklı Lokasyonların Kiraz Meyve Kalitesi Üzerine Etkileri. Biyoloji Bilimleri Araştırma Dergisi, 14(2), 127-141.
- Holušová, K., Čmejlová, J., Suran, P., Čmejla, R., Sedlák, J., Zelený, L. ve Bartoš, J. (2023). High-resolution genome-wide association study of a large Czech collection of sweet cherry (*Prunus avium* L.) on fruit maturity and quality traits. Horticulture Research, 10(1), uhac233.
- Iezzoni, A., Schmidt, H. ve Alberini, A. (1990). Cherries (*Prunus*). Acta Horticulturae, 290, 111–173.
- Infante Espiñeira, R., Martínez Gómez, P., ve Predieri, S. (2008). Quality oriented fruit breeding: Peach [*Prunus persica* (L.) Batsch]. Food Agri. Environ, 6, 342-356.
- Kafkas, S., Ma, X., Zhang, X., Topçu, H., Navajas-Pérez, R., Wai, C. M., Tang, H., Xu, X., Khodaeiaminjan, M., Güney, M., Paizila, A., Karcı, H., Zhang, X., Lin, J., Lin, H., de la Herrán, R., Rejón, C. R., García-Zea, J. A., Robles, F., del Val Muñoz, C., Hotz-Wagenblatt, A., Min, X. J., Özkan, H., Motalebipour, E. Z., Gozel, H., Çoban, N., Kafkas, N. E., Kilian, A., Huang, H., Lv, X., Liu, K., Hu, Q., Jaczygrad, E., Palmer, W., Michelmores, R. ve Ming, R. (2023). Pistachio genomes provide insights into nut tree domestication and ZW sex chromosome evolution. Plant Communications, 4(3).
- Kaşka, N. (2019). Meyveciliğin Gelişmesi Konusunda Çukurova ve Türkiye'ye Yapılan Hizmetler. Adana, <https://bahcebitkileri.cu.edu.tr/storage/kaska.pdf>

- Kelley, D. S., Adkins, Y. ve Laugero, K. D. (2018). A review of the health benefits of cherries. *Nutrients*, 10(3), 368.
- Knapp, S. J. (1998). Marker-assisted selection as a strategy for increasing the probability of selecting superior genotypes. *Crop Science*, 38(5), 1164-1174.
- Kunter, B., Bas, M., Kantoglu, Y. ve Burak, M. (2012). Mutation breeding of sweet cherry (*Prunus avium* L.) var. 0900 Ziraat. In *Plant mutation breeding and biotechnology* (pp. 453-459). Wallingford UK: CABI.
- Kunter, B., Kantaoglu, Y., Bař, M. ve Burak, M. (2009). Mutasyon ıslahıyla kirazda yeni tiplerin geliştirilmesi. X. Ulusal Nükleer Bilimler ve Teknolojileri Kongresi, 6(9), 321-332.
- Küden, A., Kuden, A. B., Comlekcioglu, S., Imrak, B. ve Bag, M. (2022). Recent Techniques and Developments on Cherry Growing in Turkey.
- Li, Y., Cao, K., Li, N., Zhu, G., Fang, W., Chen, C., Wang, X., Guo, J., Wang, Q., Ding, T., Wang, J., Guan, L., Wang, J., Liu, K., Guo, W., Arús, P., Huang, S., Fei, Z. ve Wang, L. (2021). Genomic analyses provide insights into peach local adaptation and responses to climate change. *Genome Research*, 31(4), 592-606.
- Mariette, S., Tavaud, M., Arunyawat, U., Capdeville, G., Millan, M. Ve Salin, F. (2010). Population structure and genetic bottleneck in sweet cherry estimated with SSRs and the gametophytic self-incompatibility locus. *Bmc Genetics*, 11, 1-13.
- Michelmore, R. W., Paran, I. ve Kesseli, R. V. (1991). Identification of markers linked to disease-resistance genes by bulked segregant analysis: a rapid method to detect markers in specific genomic regions by using segregating populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 88, 9828-9832.
- Özbek, S. (1978). Özel Meyvecilik. Çukurova Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları 128.
- Özçağırın, R., Ünal, A., Özeker, E. ve İsfendiyoğlu, M. (2005). Ilıman İklim Meyve Türleri, Sert Kabuklu Meyveler Cilt III. Ege Üniversitesi Yayınları, Ziraat Fakültesi Yayın, (566).
- Paizila, A., Karcı, H., Ziya Motalebipour, E., Güney, M. ve Kafkas, S. (2022). Quantitative trait loci analysis for flower-related traits in almond (*Prunus dulcis*). *Plant Breeding*, 141(1), 119-132.
- Panda, S., Martín, J. P. ve Aguinalalde, I. (2003). Chloroplast DNA study in sweet cherry cultivars (*Prunus avium* L.) using PCR-RFLP method. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 50, 489-495.
- Pathirana, R. (2011). Plant mutation breeding in agriculture. *CABI Reviews*, (2011), 1-20.
- Quilot, B., Wu, B. H., Kervella, J., Génard, M., Foulongne, M. ve Moreau, K. (2004). QTL analysis of quality traits in an advanced backcross

- between *Prunus persica* cultivars and the wild relative species *P. davidiana*. Theoretical and Applied Genetics, 109, 884-897.
- Reim, S., Schiffler, J., Braun-Lüllemann, A., Schuster, M., Flachowsky, H. ve Höfer, M. (2023). Genetic and Pomological Determination of the Trueness-to-Type of Sweet Cherry Cultivars in the German National Fruit Genebank. Plants, 12(1), 205.
- Schueler, S., Tusch, A. ve Scholz, F. (2006). Comparative analysis of the within-population genetic structure in wild cherry (*Prunus avium* L.) at the self-incompatibility locus and nuclear microsatellites. Molecular ecology, 15(11), 3231-3243.
- Schuster, M. (2012). Incompatible (S-) genotypes of sweet cherry cultivars (*Prunus avium* L.). Scientia Horticulturae, 148, 59-73.
- Schuster, M. (2017). Self-incompatibility (S) genotypes of cultivated sweet cherries—An overview 2017. OpenAgrar—Repo-sitorium.
- Shirasawa, K., Isuzugawa, K., Ikenaga, M., Saito, Y., Yamamoto, T., Hirakawa, H. ve Isobe, S. (2017). The genome sequence of sweet cherry (*Prunus avium*) for use in genomics-assisted breeding. DNA Research, 24(5), 499-508.
- Stamhuis, I. H., Meijer, O. G. ve Erik J. A. Zevenhuizen. (1999). Hugo de Vries on Heredity, 1889-1903: Statistics, Mendelian Laws, Pangenesis, Mutations. Isis, 90(2), 238–267.
- Tavaud, M., Zanetto, A., David, J. L., Laigret, F. ve Dirlewanger, E. (2004). Genetic relationships between diploid and allotetraploid cherry species (*Prunus avium*, *Prunus*×*gondouinii* and *Prunus cerasus*). Heredity, 93(6), 631-638.
- Tsukamoto, T., Potter, D., Tao, R., Vieira, C. P., Vieira, J. ve Iezzoni, A. F. (2008). Genetic and molecular characterization of three novel S-haplotypes in sour cherry (*Prunus cerasus* L.). Journal of experimental botany, 59(11), 3169-3185.
- Tsukamoto, T., Tao, R. ve Iezzoni, A. F. (2008). PCR markers for mutated S-haplotypes enable discrimination between self-incompatible and self-compatible sour cherry selections. Molecular Breeding, 21, 67-80.
- Vaughan, S. P., Bošković, R. I., Gisbert-Climent, A., Russell, K. ve Tobutt, K. R. (2008). Characterisation of novel S-alleles from cherry (*Prunus avium* L.). Tree Genetics & Genomes, 4, 531-541.
- Velioğlu, E. , Alan, M. , Atmaca, C. , Taştan, Y. ve Uzan, B. (2020). Türkiye'deki *Prunus avium* L. popülasyonlarında bazı kantitatif özellikler için genetik parametrelerin tahmini . Ormancılık Araştırma Dergisi , 7 (2) , 179-192
- Vursavuş, K., Kelebek, H. ve Selli, S. (2006). A study on some chemical and physico-mechanic properties of three sweet cherry varieties (*Prunus avium* L.) in Turkey. Journal of Food Engineering, 74(4), 568-575.

- Webster, A.D. ve Looney, N.E. (1996). Cherries: Crop Physiology, Production and Uses. CAB International, Wallingford, Oxon Ox UK, ISBN 0 85198 936 5. pp: 513.
- Wilde, H. D., Chen, Y., Jiang, P., ve Bhattacharya, A. (2012). Targeted mutation breeding of horticultural plants. Emirates Journal of Food and Agriculture, 31-41.
- Wünsch, A., ve Hormaza, J. I. (2002). Molecular characterisation of sweet cherry (*Prunus avium* L.) genotypes using peach [*Prunus persica* (L.) Batsch] SSR sequences. Heredity, 89(1), 56-63.
- Yamane, H., Ikeda, K., Ushijima, K., Sassa, H. ve Tao, R. (2003). A pollen-expressed gene for a novel protein with an F-box motif that is very tightly linked to a gene for S-RNase in two species of cherry, *Prunus cerasus* and *P. avium*. Plant and Cell Physiology, 44(7), 764-769.
- Yener, H. ve Altuntaş, Ö. (2021). Effects of potassium fertilization on leaf nutrient content and quality attributes of sweet cherry fruits (*Prunus avium* L.). Journal of Plant Nutrition, 44(7), 946-957.
- Zarifikhosroshahi, M. ve Güney, M. (2022). Antepfıstığının biyoaktif bileşimi (Eds.), Antepfıstığı (*Pistacia vera* L.). Ankara: İksad Yayınevi, Ankara, ss. 301-327.
- Zarifikhosroshahi, M., Ergun, Z., Alp, S., & Ozturk, G. (2022b). Detection of Volatile Compounds of (Hyacinth Flowers *Hyacinthus orientalis* L.) from Turkey. In Proceedings of the Bulgarian Academy of Sciences (Vol. 75, No. 10, pp. 1447-1453).
- Zarifikhosroshahi, M., Erkoyuncu, M. T., & Ergun, Z. (2022a). The fatty acid composition of *Nigella sativa* from Turkey. International Journal of Agriculture Forestry and Life Sciences, 6(2), 39-43.