BÖLÜM XIV

ŞEFTALİ ISLAHINDA MOLEKÜLER MARKÖRLER VE GENETİK GELİŞMELER

Doç. Dr. Murat GÜNEY[1],
Doç. Dr. Hakan KELES[2]

DOI: https://dx.doi.org/10.5281/zenodo.10138561

[1]Yozgat Bozok Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bahçe Bitkileri Bölümü, Yozgat, Türkiye. murat.guney@yobu.edu.tr, Orcid ID: https://orcid.org/0000-0003-2882-8347
[2]Yozgat Bozok Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bahçe Bitkileri Bölümü, Yozgat, Türkiye. hakan.keles@yobu.edu.tr, Orcid ID: https://orcid.org/0000-0002-8225-931X

GİRİŞ

Şeftali, (*Prunus persica* (L.) Batsch), Rosaceae familyasının Prunoideae alt familyasında yer alan, dünya genelinde ticari olarak en yaygın yetiştirilen sert çekirdekli meyve türlerinden biridir. Şeftali türünün "*Persica*" olarak adlandırılmasının nedeni, başlangıçta şeftalinin anavatanının İran olduğu düşünülmesidir. Çin, hem yabani şeftali türleri hem de kültür formları bakımından dünyanın en zengin bölgelerinden biri olarak kabul edilir. Bu zengin genetik çeşitlilik, şeftali türünün gelişimine ve farklı çeşitlerin meydana gelmesine katkı sağlamıştır. Bu nedenle, şeftalinin anavatanının Çin olduğu bilimsel olarak kabul edilmektedir (Hedrick, 1911; Scorza ve Okie 1990). Çin'den batıya doğru yayılışı, eski göç yolu ile önce İran'a olmuştur. Bu yüzden Romalılar şeftaliye Pers elması (*Malus persica*) demişlerdir. Daha sonra Anadolu'ya getirilen şeftalinin, buradan Avrupa'ya yayıldığı zannedilmektedir (Rom, 1988).

Prunus persica türü içerisinde ticari öneme sahip farklı çeşitler bulunur. Bu çeşitler arasında sofralık, konservelik ve kurutmalık şeftali çeşitleri yer alırken, bazıları beyaz, kırmızı veya koyu renkli katmerli çiçeklere sahip; koyu kırmızı, mor veya alacalı yapraklara sahip bodur süs formları içermektedir. Kültürü yapılan şeftali çeşitleri, meyve etinin çekirdekten ayrılma durumuna göre iki ana gruba ayrılır. Bunlar yarma şeftaliler (*Prunus persica* domestica Risso) ve et şeftalileri (*Prunus persica* vulgaris Risso) olarak adlandırılır (Özçağıran ve diğerleri, 2011). Ayrıca, *P. persica* türünün bazı botanik varyeteleri de bulunur. Bu varyetelerden biri, *P. persica* var. *nectarina* Maxim. olarak da bilinen tüysüz şeftaliler olarak bilinen nektarinlerdir. Diğer bir varyete olan *P. persica* var. *platycarpa* Bailey ise ülkemizde domates şeftalisi olarak bilinir. Bu varyeteye ait meyveler, sap ve çiçek çukuru tarafından sıkıştırılmış bir şekle sahiptir ve genellikle yuvarlak şekillidir (Gür ve Şeker, 2016). *Prunus* cinsinde poliploidi yaygın olsa da, yetiştiriliği yapılan şeftali diploid bir yapıya sahiptir ve kromozom sayısı 2n = 2x = 16'dır (Hancock ve diğerleri, 2008). Şeftali, geniş iklim uyumuna sahip olması ve yetiştirme bölgelerinde yüksek üretim yapabilmesi nedeniyle popüler bir meyve türdür (Potter ve diğerleri, 2007). Türkiye'de üretilen sert çekirdekli meyveler içerisinde şeftali bazı yıllarda birinci sırada, bazı yıllarda kayısının arkasından ikinci sırada yer alır. Türkiye'nin çeşitli bölgeleri şeftali yetiştiriciliğine çok

uygundur. Bu sebeple, üretilen şeftali meyvelerinin kalitesi de yüksektir (Kaşka, 2019).

Dünya genelinde meyve yetiştiriciliği, her yıl birçok geliştirilmiş çeşitlerin sunulduğu, yetiştiricilere uzun bir mevsim boyunca olgunlaşan, geniş bir ekolojik koşullar yelpazesi dolduran ve tüketici taleplerini karşılayan verimli bir iş sahası olarak karşımıza çıkmaktadır (Arus ve diğerleri, 2022). Bununla birlikte, meyve yetiştiriciliğinde ele alınması gereken ciddi konular da bulunmaktadır ve bunlar zamanla daha da kritik hale gelecektir. Bu kritik konuların başında ise iklim değişiklikleri gelmektedir. Ekosistemdeki sürekli ve kaçınılmaz bu değişimler, bitkilerin bu değişimlere uyumunu artırmak ve var olan streslerle baş edebilmek için biyolojik ve fizyolojik süreçlerde değişimler gerçekleşmektedir (Dasgan ve diğerleri, 2018; Çoban ve diğerleri, 2020; Güney ve Güney, 2022; Çoban ve Aras, 2023). İklim değişiklikleriyle başa çıkabilmek ve olumsuz etkilerini azaltmak için bilim, teknoloji ve çevre koruma stratejilerine ihtiyaç vardır. Bu bağlamda, iklim değişikliklerinin etkilerine karşı bitki çeşitliliğinin koruması ve bitki ıslahı gibi birçok alanda biyoteknolojik yöntemler (Rekombinant DNA teknolojisi, gen düzenleme, doku kültürü vb.) kullanılmaktadır (Güney, 2019; Güney ve diğerleri, 2020; Hasan ve diğerleri, 2021; 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 (Monet ve diğerleri, 1996; Guney ve diğerleri, 2019, 2021a ve 2021b; Arus ve diğerleri, 2022; Paizila ve diğerleri, 2022; Kafkas ve diğerleri, 2023). Bu bölüm, şeftali ıslahında kullanılan moleküler markörler ve genetik gelişmeler hakkında genel bir bilgi vermeyi amaçlamıştır.

1. ŞEFTALİ ISLAHINDA MOLEKÜLER MARKÖRLER

Şeftali 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 polimorfizim oranlarının yüksek olması nedeniyle bu tarz çalışmalarda daha kullanılır bir duruma gelmiştir (Wünsch ve Hormaza, 2002; Martinez-Gomez ve diğerleri, 2003).

Moleküler markörler, şeftali çeşitlerinin genetik karakterizasyonunda, akrabalık derecelerinin ve kökenlerinin belirlemesinde kullanılmaktadır (Testolin ve diğerleri, 2000; Dirlewanger ve diğerleri, 2002; Aranzana ve Arus, 2003; Xu ve diğerleri, 2006). Moleküler markörler, interspesifik melezden (farklı türler arasındaki melez) istenen geni taşıyan tek bir introgression (genetik geçiş) taşıyan bir hat oluşturma olasılığı sunar. Bu strateji, bütün genom seçimi olarak adlandırılan ve ilk olarak Tanksley ve diğerleri (1981) tarafından önerilen bir stratejidir ve temel olarak düşük yoğunlukta genomu kapsayan bir dizi markırlar ile ebeveynin alellerinin seçilmesinden oluşur.

İzoenzimler ise şeftalide kullanılan ilk genetik markörlerdir. Bununla birlikte, bu dominant markörlerin kullanımı, geleneksel enzim boyama yöntemleri ile analiz edilebilen lokus sayısının sınırlı olması ve bazı lokuslarda düşük varyasyon nedeniyle sınırlı kalmıştır. Bu markörler, özellikle badem ve erik gibi *Prunus* türlerinin karakterizasyonunda oldukça kullanışlıdır, çünkü her ikisi de yüksek düzeyde polimorfizme sahip olan yani kendinden-başka-bireylerle döllenebilen (outcrossing) türlerdir (Byrne ve Bacon, 1992; Aranzana ve diğerleri, 2003), şeftali ise çoğunlukla kendine döllenen (otogam) bir türdür (Scorza ve diğerleri, 1996; Faust ve Timon, 2010) ve az sayıda izoenzim polimorfizmi gösterir (Agarwal ve diğerleri, 2001; Infante Espiñeira ve diğerleri, 2008). Öte yandan, Restriksiyon Parça Uzunluk Polimorfizmi (RFLP) markörleri, restriksiyon enzimi sindiriminden elde edilen DNA parçalarının farklı hibridizasyonuna dayanır. Bu markörler de, şeftali genotiplerinin moleküler karakterizasyonunda ve genetik bağlantı haritalarının oluşturulmasında kullanılmaktadır (Dettori ve diğerleri, 2001; Infante Espiñeira ve diğerleri, 2008).

Rastgele Amplifiye Edilmiş Polimorfik DNA (RAPD) kısa DNA primerleri kullanılarak Polimeraz Zincir Reksiyonu (PCR) ile rastgele çoğaltma yapan bir sistemdir (Welsh ve McClelland, 1990). RAPD tekniği, şeftali için çeşit tanımlamada ve harita oluşturmada başarıyla kullanılmıştır (Warburton ve diğerleri, 1996; Jun ve diğerleri, 2002). İzoenzimler ve RFLP'lerin aksine bunlar dominant markörlerdir. Çoğaltılmış Parça Uzunluk Polimorfizmi (AFLP) teknolojisi, PCR kullanarak genomik restriksiyon fragmentlerinin bir alt kümesinin seçici çoğaltılmasına dayanan güçlü bir DNA parmak izi teknolojisidir (Vos ve diğerleri, 1995). AFLP yöntemi, RAPD'ye göre birçok

avantaja sahiptir, daha fazla lokus analiz edilir ve tekrarlanabilirliği yüksektir (Powell ve diğerleri, 1996). Bu markörler, şeftali için genetik harita oluşturma ve çeşitlerin moleküler karakterizasyonunda yaygın olarak kullanılmıştır (Sosinski ve diğerleri, 2000; Etienne ve diğerleri, 2002; Dondini ve diğerleri, 2007).

Şeftali ve 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. Günümüzde, küçük ve orta büyüklükte genomlara sahip birçok türün genomu dizilenmiştir (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/browse/). Özellikle, Basit Tekrarlı Diziler (SSR) ve Tek Nükleotid Farklılıkları (SNP) gibi moleküler markörlerin 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). Arus ve diğerleri (2012), şeftali de yaptıkları bir çalışmada, yüksek yoğunluklu genetik haritalar oluşturmuş ve 40'tan fazla ana gen ile bağlantılı birçok QTL belirlenmişlerdir.

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 doygunluğu için markörler geliştirmek kolaydır ve bu markörler, ayrışan populasyonlar 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.

2. ŞEFTALİ ISLAHINDA MARKÖR DESTEKLİ SEÇİM (MAS) VE GENETİK HARİTALAMA

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

Şeftalideki önemli tarımsal özelliklerle bağlı büyük genler ve QTL'leri belirlemek için farklı moleküler markörler kullanılarak birçok genetik bağlantı haritaları oluşturulmuştur (Chaparro ve ark. 1994; Dirlewanger ve diğerleri, 1999; Etienne ve diğerleri, 2002; Howad ve diğerleri, 2005; Verde ve diğerleri, 2012; Guan ve diğerleri, 2019; Bie ve diğerleri, 2023). Kantitatif karakterleri, kantitatif karakter lokusu (QTL) tanımlayarak haritalamak, çok yıllık bitkilerin ıslahında önemli bir araç haline gelmektedir. Infante Espiñeira ve diğerleri (2008), meyve kalitesi özellikleri ile ilişkilendirilen yirmi beş monogenik gen ve QTL, içeren haritalar oluşturmuştur. Jun ve diğerleri (2002) ise, meyve kalitesi ıslahında MAS için (RAPD'den gelen) farklı SCAR markörleri geliştirme çalışmaları sonucunda şeftalide Ff genini tanımlanmışlardır. ISAFRUIT, 2014-2019 yılları arasında yürütülen ve meyve üretimini daha sürdürülebilir ve çevre dostu hale getirmeyi amaçlayan bir Avrupa Birliği projesidir. ISAFRUIT, meyve kalitesi gibi özelliklerin genetiği üzerine

çalışmalarda içeren önemli bir projedir. Bu proje kapsamında, ana meyve kalitesi bileşenlerini kontrol eden 16 önemli QTL haritalanmış ve bunlar arasında asitlik, sakkaroz içeriği, pH'sı ve meyve ağırlığı da yer almaktadır (Infante Espiñeira ve diğerleri, 2008).

3. ŞEFTALİ GENOM VERİTABANLARI VE ARAŞTIRMA KAYNAKLARI

Şeftalinin evrimi, 4000 yıldan daha eski bir tarihe dayanır ve şeftali genetiği, tesadüfi değişimler ve heterozis yoluyla evrimleşmiştir (Faust ve Timon, 2010). Şeftali, genetik ve genomik çalışmalar sayesinde önemli meyve özelliklerini kontrol eden gen içeren aralıkları tanımlamıştır (The International Peach Genome Initiative ve diğerleri, 2013). Şeftali, özellikle kısa gençlik dönemi (2-3 yıl) ve kontrollü melezler elde etmenin kolaylığı, şeftali yetiştirme programlarını oldukça başarılı kılmakta olup 1991-2001 yılları arasında çok sayıda yeni çeşit piyasaya sürülmüştür (Della Strada ve Fideghelli, 2003). Ayrıca, küçük genom boyutuna sahip olması, birçok morfolojik ve ekonomik özelliğin basit genetik temeline sahip olması nedeniyle, şeftali geleneksel genetik ve güncel genom araştırmaları için bir model meyve türüdür (Bielenberg ve diğerleri, 2009; The International Peach Genome Initiative ve diğerleri, 2013).

Moleküler çeşitliliğin araştırılması, ana genlerin ve nicel karakter lokuslarının genom pozisyonlarının belirlenmesi, büyük DNA dizisi koleksiyonlarının oluşturulması, transkriptom ve proteom analizleri, karşılaştırmalı genom çalışmaları, fiziksel harita oluşturma ve araştırmacıların bilgilere erişebileceği veritabanlarının geliştirilmesi gibi çalışmalarla hızlı bir şekilde ilerlemektedir. Genomik bilginin büyümesi, şeftali genomunun açığa çıkarılmasınıda sağlamıştır; kısa (230 Mbp), diploit ve sekiz kromozom çifti üzerine dağılmıştır (Arus ve diğerleri, 2012). Şeftali meyve kalitesi özelliklerine ilişkin markör geliştirmekte kullanılan daha yeni markörler, ya cDNA dizilerinden (ifade edilen dizi etiketleri, EST'ler) veya veritabanlarından (klonlanmış gen analogları, CGA'lar) elde edilenler veya tek nokta mutasyonlarına dayalı olanlardır (SNP'ler) (Testolin, 2003). Yakın zamanda şeftali ve diğer *Prunus* türlerinden elde edilen cDNA kütüphanelerine dayalı EST koleksiyonu, halka açık veritabanlarına sunulmuş (Jung ve diğerleri, 2019) ve 83,751 potansiyel gen tespit edilmiştir (https://www.bioinfo.wsu.edu/research/overview). Rosaceae Genom Veritabanı (GDR), şeftali genomu ve genetik araştırmalarına yönelik çalışmalarında yer aldığı değerli bir kaynaktır. SNP'ler genomdaki en yaygın moleküler markörlerdir. Bu GDR veritabanında unigene contiglerinde SNP'ler

aranmış, toplamda 5,284 SNP tespit edilmiştir, 0.65 SNP/100 bp sıklığıyla yer almaktadır. Bu araştırmalar, İtalya'da farklı araştırma grupları tarafından *Prunus'ta* EST geliştirme ile ilgili diğer çalışmalarla birbirini tamamlamaktadır ve bu İtalyan Ulusal Şeftali Genomik Konsorsiyumu'nun bir parçası olarak yapılmıştır (http://www.itb.cnr.it/estree/) (Pozzi ve diğerleri, 2007). Bu veritabanında, şeftaliye ait farklı cDNA kütüphanelerinden elde edilen 75,404 diziyi içeren bir koleksiyon da sunulmaktadır. Son zamanlarda, Şili'deki şeftali genomu ile ilgili entegre işlevsel ve genomik bir projede büyük bilgi hacmini analiz etmeyi kolaylaştıran bir veri yönetim sistemi geliştirilmiştir (http://www.genomavegetal.cl/juice_system/) (Latorre ve diğerleri, 2006). Ayrıca, farklı EST'leri kullanarak Ulusal Biyoteknoloji Bilgi Merkezi (NCBI) veritabanlarını kullanarak yapılan analizler, veritabanındaki protein kodlama dizilerine önemli benzerlikler göstermiş ve şeftali genomu alanında yeni olanaklar sunmaktadır (Infante Espiñeira ve diğerleri, 2008).

4. SONUÇLAR VE GELECEK PERSPEKTİFLERİ

Şeftali (*P. persica* L. Batsch), dünya çapında ekonomik açıdan önemli bir meyve türüdür. Tüketicilerin isteklerini anlamak ve bu isteklere uygun ürünler sunmak, meyve yetiştiricileri ve araştırmacıları için önemli bir konudur. Şeftali ıslahçıları; meyve üretimi, depolama ve dağıtım ile meyvenin hedonik değeri ile ilgili faktörleri göz önünde bulundurmalıdır. Bu, örneğin, homojen pazarlanabilir meyve üretimini en üst düzeye çıkaran kültürel uygulamaların yanı sıra hasat tarihinin, depolama şekli ve süresinin tüketimde duyusal özelliklere olan etkisini de dikkate alınmasıdır. Öte yandan, şeftali meyve kalitesi için markör destekli seleksiyon (MAS) ile ilgili gelecekteki çalışmalar, farklı şeftali ırklarının haritalanmasını içermelidir. Şeftali ıslahında, yeni teknolojilere yönelik teşvik edici avantajlarından birisi de, küçük bir genom boyutu, genomlar arasındaki yüksek seviyede sentezi ve araştırmacılar arasında kurulmuş bir uluslararası işbirliği ağına sahip olmasıdır. Araştırıcılar, genom içerisindeki her bir kromozoma ait fiziksel haritaların oluşturulması, hızlı gen dizileme ve klonlama araçları ile şeftali genomunun tam diziliminin oluşturulması üzerine odaklanmalıdır, böylelikle şeftali ıslah programlarında kullanılabilecek etkili moleküler markörler geliştirmek mümkün olabilir. Şeftali genomundaki gelişmeler, gelecekteki meyve ıslahı programları için değerli bilgiler sağlayacaktır. Genomik çalışmalar, şeftali meyve kalitesi seleksiyonunda ilgi çeken genleri keşfetmeyi mümkün kılabilir.

KAYNAKÇA

Agarwal, S., Nath, A. K. ve Sharma, D. R. (2001). Characterisation of peach (*Prunus persica* L.) cultivars using isozymes as molecular markers. Scientia Horticulturae, 90(3-4), 227-242.

Aranzana, M., Carbó, J. ve Arus, P. (2003). Microsatellite variability in peach [*Prunus persica* (L.) Batsch]: cultivar identification, marker mutation, pedigree inferences and population structure. Theoretical and Applied Genetics, 106, 1341-1352.

Aranzana, M., Pineda, A., Cosson, P., Dirlewanger, E., Ascasibar, J., Cipriani, G., Ryder, C., Testolin, R., Abbott, A., King, G., Iezzoni A. ve Arus, P. (2003). A set of simple-sequence repeat (SSR) markers covering the Prunus genome. Theoretical and Applied Genetics, 106, 819-825.

Arus, P. ve Moreno-Gonzalez, J. (1993). Marker-assisted selection. In Plant breeding: principles and prospects, Dordrecht: Springer Netherlands, pp. 314-331.

Arus, P., Verde, I., Sosinski, B., Zhebentyayeva, T. ve Abbott, A. G. (2012). The peach genome. Tree Genetics & Genomes, 8, 531-547.

Bie, H., Li, Y., Zhao, Y., Fang, W., Chen, C., Wang, X., Wu, J., Wang, L. ve Cao, K. (2023). Genome-wide presence/absence variation discovery and its application in Peach (*Prunus persica*). Plant Science, 111778.

Bielenberg, D., Gasic, K. ve Chaparro, J. X. (2009). An introduction to peach (*Prunus persica*). Genetics and Genomics of Rosaceae, 223-234.

Byrne, D. H. ve Bacon, T. A. (1992). Chilling estimation: its importance and estimation. The Texas Horticulturist, 18(8), 5-8.

Chaparro, J. X., Werner, D. J., O'malley, D. ve Sederoff, R. R. (1994). Targeted mapping and linkage analysis of morphological isozyme, and RAPD markers in peach. Theoretical and Applied Genetics, 87, 805-815.

Çoban, G. A., Altunlu, H. ve G., A. (2020). Effectiveness of *In Vitro* and *In Vivo* Tests for Screening of Tomato Genotypes against Drought Stress. Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi, 143-150.

Çoban, G.A. ve Aras, S. (2023). Effects of Ascorbic and Oxalic Acids on Cucumber Seedling Growth and Quality Under Mildly Limey Soil Conditions. Gesunde Pflanzen, 75 (5), 1925-1932.

Dasgan, H. Y., Bayram, M., Kusvuran, S., Coban, G. A. ve Akhoundnejad, Y. (2018). Screening of tomatoes for their resistance to salinity and drought stress. Screening, 8(24).

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.

Della Strada, G. ve Fideghelli, C. (2003). Le cultivar di pomacee introdotte dal 1991 al 2001. Informatore Agrario, 59(47), 69-74.

Dettori, M. T., Quarta, R. ve Verde, I. (2001). A peach linkage map integrating RFLPs, SSRs, RAPDs, and morphological markers. Genome, 44(5), 783-790.

Dirlewanger, E., Cosson, P., Tavaud, M., Aranzana, M. J., Poizat, C., Zanetto, A., Arus, P. ve Laigret, F. (2002). Development of microsatellite markers in peach [*Prunus persica* (L.) Batsch] and their use in genetic diversity analysis in peach and sweet cherry. Theoretical and Applied Genetics, 105, 127-138.

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.

Dondini, L., Lain, O., Geuna, F., Banfi, R., Gaiotti, F., Tartarini, S., Bassi, D. ve Testolin, R. (2007). Development of a new SSR-based linkage map in apricot and analysis of synteny with existing *Prunus* maps. Tree Genetics & Genomes, 3, 239-249.

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.

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.

Faust, M. ve Timon, B. (2010). Origin and dissemination of peach. Horticultural Reviews, 17, 331-379.

Guan, L., Cao, K., Li, Y., Guo, J., Xu, Q. ve Wang, L. (2019). Detection and application of genome-wide variations in peach for association and genetic relationship analysis. BMC Genetics, 20(1), 1-13.

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 Güney, M. (2022). Antepfıstığının Biyoaktif Bileşim. Edi (Muhammet Ali Gündeşli), Antepfıstığı (*Pistacia vera* L.) Iksad Yayın Evi, Ankara, ss. 301-327.

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., Zarifikhosrohahi, 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.

Gür, E. ve Şeker, M. (2016). Beyaz Nektarin Tiplerinin *Prunus* Cinsine giren Önemli Türlerle Melezlenmesi sonucu elde edilen Pomolojik Sonuçlarının Karşılaştırılması. VII. Ulusal Bahçe Bitkileri Kongresi Bildirileri, 25-29 Ağustos 2015, Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi Ziraat Fakültesi, Çanakkale, 82-87.

Hancock, J. F., Scorza, R. ve Lobos, G. A. (2008). Peaches. In Temperate fruit crop breeding: germplasm to genomics (pp. 265-298). Dordrecht: Springer Netherlands.

Hasan, N., Choudhary, S., Naaz, N., Sharma, N. ve Laskar, R. A. (2021). Recent advancements in molecular marker-assisted selection and applications in plant breeding programmes. Journal of Genetic Engineering and Biotechnology, 19(1), 1-26.

Hedrick, U. P. (1911). The plums of New York. N.Y. Dept. Agr. 18th Ann. Rpt. v. 3, pt. 2

Howad, W., Yamamoto, T., Dirlewanger, E., Testolin, R., Cosson, P., Cipriani, G., Monforte, A. J., Georgi, L., Abbott, A. G. ve Arus, P. (2005). Mapping with a few plants: using selective mapping for microsatellite saturation of the *Prunus* reference map. Genetics, 171(3), 1305-1309.

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.

Jun, J. H., Chung, K. H., Jeong, S. B. ve Lee, H. J. (2002). Development of RAPD and SCAR markers linked to flesh adhesion gene in peach. In XXVI International Horticultural Congress: Biotechnology in Horticultural Crop Improvement: Achievements, Opportunities and 625 (pp. 89-96).

Jung, S., Lee, T., Cheng, C. H., Buble, K., Zheng, P., Yu, J., Humann, J., Ficklin, S. P., Gasic, K., Scott, K., Frank, M., Ru, S., Hough, H., Evans, K., Peace, C., Olmstead, M., DeVetter, L. W., McFerson, J., Coe, M., Wegrzyn, J. L., Staton, M. E., Abbott, A. G. ve Main, D. (2019). 15 years of GDR: New data and functionality in the Genome Database for Rosaceae. Nucleic Acids Research, 47(D1), D1137-D1145.

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., Jacygrad, E., Palmer, W., Michelmore, 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

Knapp, S. J. (1998). Marker-assisted selection as a strategy for increasing the probability of selecting superior genotypes. Crop Science, 38(5), 1164-1174.

Latorre, M., Silva, H., Saba, J., Guziolowski, C., Vizoso, P., Martinez, V., Maldonado, J., Morales, A., Caroca, R., Cambiazo, V., Campos-Vargas, R., Gonzalez, M., Orellana, A., Retamales, J. ve Meisel, L. A. (2006). JUICE: a data management system that facilitates the analysis of large volumes of information in an EST project workflow. BMC Bioinformatics, 7, 1-11.

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.

Martinez-Gomez, P., Arulsekar, S., Potter, D. ve Gradziel, T. M. (2003). Relationships among peach, almond, and related species as detected by simple sequence repeat markers. Journal of the American Society for Horticultural Science, 128(5), 667-671.

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.

Monet, R., Guye, A., Roy, M. ve Dachary, N. (1996). Peach Mendelian genetics: a short review and new results. Agronomie, 16, 321-329.

Özçağıran, R., Ünal, A., Özeker, E. ve İsfendiyaroğlu, M. (2011). Ilıman İklim Meyve Türleri: Sert Çekirdekli Meyveler Cilt-I. Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları, Bornova, İzmir.

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.

Potter, D., Eriksson, T., Evans, R. C., Oh, S., Smedmark, J. E. E., Morgan, D. R., Kerr, M., Robertson, K. R., Arsenault, M., Dickinson, T. A. ve Campbell, C. S. (2007). Phylogeny and classification of Rosaceae. Plant Systematics and Evolution, 266, 5-43.

Powell, W., Morgante, M., Andre, C., Hanafey, M., Vogel, J., Tingey, S. ve Rafalski, A. (1996). The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for germplasm analysis. Molecular Breeding, 2, 225-238.

Pozzi, C., Vecchietti, A., Lazzari, B., Ortugno, C., Barale, F., Severgnini, A. ve Salamini, F. (2007). The ongoing peach genomics and functional genomics effort in Italy. In XII EUCARPIA Fruit Section Symposium. Zaragoza (Spain) (pp. 88-93).

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.

Rom, R. C. (1988). The peach: its history and future. The Peach Culture, Cultivars, Breeding, Propagation, Nutrition, Training and Pruning, Diseases and Insects, Harvesting, Storage and Marketing, 1-6.

Scorza, R. ve Okie, W. R. (1990). Peaches (*Prunus*). In: Moore JN, Ballington JR (eds.) Genetic resources of temperate fruit and nut crops. ISHS, Wageningen, (pp 177-231).

Scorza, R., Sherman, W. B., Janick, J. ve Moore, J. N. (1996). Fruit breeding: tree and tropical fruits. John Whiley & Sons, 1, 325-440.

Sosinski, B., Gannavarapu, M., Hager, L. D., Beck, L. E., King, G. J., Ryder, C. D., Rajapakse, S., Baird, W. V., Ballard, R. E. ve Abbott, A. G. (2000). Characterization of microsatellite markers in peach [*Prunus persica* (L.) Batsch]. Theoretical and Applied Genetics, 101, 421-428.

Tanksley, S. D., Zamir, D. ve Rick, C. M. (1981). Evidence for extensive overlap of sporophytic and gametophytic gene expression in *Lycopersicon esculentum*. Science, 213(4506), 453-455.

Testolin, R. (2003). Marker-assisted selection (MAS) in stone fruits. Acta Horticulturae, 633, 163-176.

Testolin, R., Marrazzo, T., Cipriani, G., Quarta, R., Verde, I., Dettori, M. T., Pancaldi, M. ve Sansavini, S. (2000). Microsatellite DNA in peach (*Prunus persica* L. Batsch) and its use in fingerprinting and testing the genetic origin of cultivars. Genome, 43, 512-520.

The International Peach Genome Initiative, Verde, I., Abbott, A. G., Scalabrin, S., Jung, S., Shu, S., Marroni, F., Zhebentyayeva, T., Dettori, M. T., Grimwood, J., Cattonaro, F., Zuccolo, A., Rossini, L., Jenkins, J., Vendramin, E., Meisel, L. A., Decroocq, V., Sosinski, B., Prochnik, S., Mitros, T., Policriti, A., Cipriani, G., Dondini, L., Ficklin, S., Goodstein, D. M., Xuan, P., Fabbro, C. D., Aramini, V., Copetti, D., Gonzalez, S., Horner, D. S., Falchi, R., Lucas, S., Mica, E., Maldonado, J., Lazzari, B., Bielenberg, D., Pirona, R., Miculan, M., Barakat, A., Testolin, R., Stella, A., Tartarini, S., Tonutti, P., Arús, P., Orellana, A., Wells, C., Main, D., Vizzotto, G., Silva, H., Salamini, F., Schmutz, J., Morgante, M. ve Rokhsar D. S. (2013). The high-quality draft genome of peach (*Prunus persica*) identifies unique patterns of genetic diversity, domestication and genome evolution. Nature Genetics, 45(5), 487-494.

Verde, I., Bassil, N., Scalabrin, S., Gilmore, B., Lawley, C. T., Gasic, K., Micheletti, D., Rosyara, U. R., Cattonaro, F., Vendramin, F., Main, D., Aramini, V., Blas, A. L., Mockler, T. C., Bryant, D. W., Wilhelm, L., Troggio, M., Sosinski, B., Aranzana, M. J., Arús, P., Iezzoni, A., Morgante, M. ve Peace, C. (2012). Development and evaluation of a 9K

SNP array for peach by internationally coordinated SNP detection and validation in breeding germplasm. PloS one, 7(4), e35668.

Vos, P., Hogers, R., Bleeker, M., Reijans, M., van de Lee, T., Hornes, M., Frijters, A., Pot, J., Peleman, J., Kuiper, M. ve Zabeau, M. (1995). AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. Nucleic Acids Research, 23(21), 4407-4414.

Warburton, M. L., Becerra-Velasquez, V. L., Goffreda, J. C. ve Bliss, F. A. (1996). Utility of RAPD markers in identifying genetic linkages to genes of economic interest in peach. Theoretical and Applied Genetics, 93, 920-925.

Welsh, J. ve McClelland, M. (1990). Fingerprinting genomes using PCR with arbitrary primers. Nucleic Acids Research, 18(24), 7213-7218.

Wünsch, A. ve Hormaza, J. I. (2002). Cultivar identification and genetic fingerprinting of temperate fruit tree species using DNA markers. Euphytica, 125(1), 59-67.

Xu, D. H., Wahyuni, S., Sato, Y., Yamaguchi, M., Tsunematsu, H. ve Ban, T. (2006). Genetic diversity and relationships of Japanese peach (*Prunus persica* L.) cultivars revealed by AFLP and pedigree tracing. Genetic Resources and Crop Evolution, 53, 883-889.