



T.C.

SELÇUK ÜNİVERSİTESİ

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

ELMA KARA LEKESİ HASTALIĞI ETMENİ *Venturia inaequalis* [(Cooke) G.Winter 1875]'İN TÜRKİYE İZOLATLARININ MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU VE PATOJENİSİTELERİNİN BELİRLENMESİ

Suat KAYMAK

DOKTORA TEZİ

Bitki Koruma Anabilim Dalı

Nisan-2012

KONYA

Her Hakkı Saklıdır

ÖZET

DOKTORA TEZİ

ELMA KARA LEKESİ HASTALIĞI ETMENİ *Venturia inaequalis* [(Cooke) G.Winter 1875]'İN TÜRKİYE İZOLATLARININ MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU VE PATOJENİSİTELERİNİN BELİRLENMESİ

Suat KAYMAK

Selçuk Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü
Bitki Koruma Anabilim Dalı

Danışman: Prof. Dr. Nuh BOYRAZ

Yıl, 2012 112 Sayfa

Jüri
Prof.Dr. Nuh BOYRAZ
Prof.Dr. Celaleddin ÖZTÜRK
Prof.Dr. Lütfi PIRLAK
Doç.Dr. Himmet TEZCAN
Yrd.Doç.Dr. Kubilay Kurtuluş BAŞTAŞ

Bu çalışma ile elmacılığın yaygın olduğu, 22 ilden elma kara lekesi hastalığı ile bulaşık yaprak ve meyve örnekleri toplanmış, toplanan bu örneklerden 117 adet *Venturia inaequalis'*in tek spor izolasyonları yapılmıştır. RAPD, ISSR, SSR ve SRAP moleküler markırlar yardımıyla izolatların akrabalık ilişkilerine ve genetik çeşitliliğine bakılmıştır. Örnekler Türkiye ve Isparta olarak iki ayrı gruba ayrılmış, verilerin analizinde her grup ayrı olarak değerlendirilmiştir. Coğrafik olarak farklı yerlerde bulunan bahçelerden toplanan izolatların ırk oluşturma ve patojenisite potansiyelleri araştırılmıştır. Isparta (Eğirdir, Gelendost), Denizli (Çivril), Karaman (Merkez) ve Kayseri (Yahyalı)'den toplanan izolatların, patojenisitelerinin ve virülentliğini belirlemek için ayırıcı elma hatlarına inoküle edilmiştir.

İlk defa bu çalışmada *V. inaequalis* izolatlarının moleküler karakterizasyonu için ISSR ve SRAP markırları kullanılmış, grupların analizinde ise genetik benzerlikler birbirine yakın bulunmuş, konukçu seçimi ve çoğrafi farklılıklar tespit edilememiştir. SSR ve SRAP markırları diğer markırlara göre, uygulamanın kolaylığı, tekrarlanabilirliği ve spesifikliği gibi konular bakımından daha bilgilendirici bulunmuştur. Patojenisite çalışmalarında, en fazla hastalık şiddeti %35.2 ile Starking Delicious çeşidinde gözlenirken, tüm izolatların Juliet ve Prima elma çeşidi ile yapılan yapay inokulasyonlarında hiçbir enfeksiyon belirtisi tespit edilememiştir. İzolatların alınış yerlerine göre yapılan değerlendirmede, en fazla hastalık şiddetinin Eğirdir'den (%20.4) alınan izolatda olduğu bulunmuş, en düşük enfeksiyon şiddeti de Denizli izolatında %16.9 olarak ortaya çıkmıştır. İzolatlar arasındaki fark istatistikî olarak önemli bulunurken ($P > 0.01$), patojenisite çalışmalarında elde edilen sonuçlara göre; en virülent ırk olan 6 nolu ırk ve 7 nolu ırkın henüz ülkemizde, elma yetiştiriciliği yapılan alanlara yayılmadığı tespit edilmiştir. Bu çalışma, ülkemizde *Venturia inaequalis'* in moleküler markırlarla yapılan populasyon genetiği hakkındaki ilk rapordur.

Anahtar Kelimeler: Elma, genetik çeşitlilik, ISSR, patojenisite, RAPD, SRAP, SSR, *Venturia inaequalis*

ABSTRACT

Ph.D THESIS

APPLE SCAB DISEASE CAUSED by *Venturia inaequalis* [(Cooke) G. Winter1875] TURKEY ISOLATES DETERMINATION of MOLECULAR CHARACTERIZATION and PATHOGENICITY

Suat KAYMAK

THE GRADUATE SCHOOL OF NATURAL AND APPLIED SCIENCE OF SELÇUK UNIVERSITY
THE DEGREE OF DOCTOR OF PHILOSOPHY
IN PLANT PROTECT

Advisor: Prof. Dr. Nuh BOYRAZ

2012, 112 Pages

Jury
Advisor: Prof. Dr. Nuh BOYRAZ
Prof.Dr. Celaleddin ÖZTÜRK
Prof.Dr. Lütfi PIRLAK
Assoc.Prof.Dr. Himmet TEZCAN
Asst.Prof.Dr. Kubilay Kurtuluş BAŞTAŞ

In this search, 117 isolates of *Venturia inaequalis* were collected from leaves and fruits of infected on commercial apple growing areas in 22 provinces to estimate differences in pathogen population using RAPD, ISSR, SSR, and SRAP markers. Samples were divided two groups which were Isparta and Türkiye groups. Every groups were calculated as individual. Collected isolates from orchards differents regions where Isparta (Eğirdir, Gelendost), Denizli (Çivril), Karaman (Centrum), and Kayseri (Yahyalı), investigated race and patojenity of capacity. The virulence pattern of isolates, obtained by isolation of single conidia, was assessed by differential resistance hosts. The first marker technique which called SRAP, and ISSR were used to genotype isolates of *V. inaequalis.* There is no relationship between groups and geographic or source of cultivar pattern. Variance analysis obtained molecular datas after clustering from the isolates at district level showed highly genetic similarity among population. Also, SSR and SRAP markers were found more information, and more consistency than others.

There were noticeable differences in the virulence of isolates of *V. inaequalis* toward cultivars in each region. All the isolates which was tested as artificially, could infect all of susceptible cultivars except Prima, Juliet varities. The proportion of infection on Starking Delicious (35.2 %) was significantly greater than others cultivars. Cultivars were infected the most severity disesase Isolate from Eğirdir (20.4%), the least severity disease isolate from Denizli 16.9 %, were statistically ($P > 0.01$) different in the proportion of infection between isolates from two regions when it was evaluated as obtained regions of isolates. It was found important differences among isolates statistically ($P > 0.01$). It was shown by based on pathogenicity experiment, the most virülent races 6 and 7 have not yet spread on apple growing areas. Population genetic analysis of *V. inaequalis* has published the first report molecular analysis of this pathogen from Türkiye.

Keywords: Apple, genetic diversity, ISSR, pathogenicity, RAPD, SRAP, SSR, *Venturia inaequalis*

TEŞEKKÜR

Üzerinde çalışma yapmaktan büyük zevk aldığım böyle kapsamlı bir çalışmayı yapma fırsatı veren ve çalışma boyunca yardım ve desteğini esirgemeyen danışman hocam Prof. Dr. Nuh BOYRAZ'a teşekkürlerimi sunarım.

Tez çalışmam sırasında bilgi ve tecrübelerini esirgemeyen Yrd. Doç. Dr. Aydın UZUN'a çok teşekkür ederim. Laboratuvar çalışmalarım sırasında her zaman yardımlarını ve desteğini gördüğüm meslektaşlarım Yusuf ÖZTÜRK, Hamza ŞENYURT ve Mesut İŞÇİ'ye teşekkürlerimi sunarım ve örneklerin toplanmasında emek veren ve yardımlarını esirgemeyen burada ismini sayamadığım tüm araştırmacılara teşekkür ederim. Çalışmalarım sırasındaki katkılarından dolayı Doç. Dr. Mehmet Ali SÖĞÜT ve meslektaşım Hasan PINAR'a, sağladığı imkânlardan dolayı Meyvecilik Araştırma İstasyonu Müdürü Enver Murat DOLUNAY'a teşekkür ederim.

Yoğun çalışmalarım sırasında, bazen sitemde bulunsa da desteğini hiçbir zaman esirgemeyen eşim Ayşegül KAYMAK'a, kızlarım Süveyda ve Ahsen'e gösterdikleri özveriden dolayı teşekkür ederim.

Suat KAYMAK
KONYA-2012

İÇİNDEKİLER

ÖZET ..... **iv**

ABSTRACT ..... **v**

TEŞEKKÜR ..... **vi**

İÇİNDEKİLER ..... **vii**

SİMGELER VE KISALTMALAR ..... **x**

1. GİRİŞ **1**

2. KAYNAK ARAŞTIRMASI **5**

2.1. Hastalığın Tanımı ve Zarar Şekli 5
2.2. Moleküler Markırlar 8
2.2.1. *Venturia inaequalis* ile ilgili markırların kullanıldığı çalışmalar 9
2.2.2. Farklı bitkilerdeki çeşitlerin karakterizasyonunda kullanılan moleküler markırlar 12
2.3. Elma Kara Leke Hastalığı'na Karşı Elma Dayanıklılık Genleri ve Patojenisite Çalışmaları 13

3. MATERYAL VE YÖNTEM **21**

3.1. Arazi Çalışmaları 22
3.2. Etmenin İzolasyonu 23
3.3. *Venturia inaequalis* İzolatlarından DNA İzolasyonları 23
3.4. PCR Analizleri 25
3.4.1. PCR çalışmalarında kullanılan RAPD primerleri ve PCR döngüsü 26
3.4.2. PCR çalışmalarında kullanılan ISSR primerleri ve PCR döngüsü 27
3.4.3. PCR çalışmalarında kullanılan SSR primerleri ve PCR döngüsü 28
3.4.4. PCR çalışmalarında kullanılan SRAP primerleri ve PCR döngüsü 29
3.4.5. Veri analizleri, benzerlik indekslerinin ve dendrogramların oluşturulması, 30
3.5. *Venturia inaequalis* İzolatlarının Patojenisite Çalışmaları 31
3.5.1. *Venturia inaequalis*'in inokülasyonu 32

4. ARAŞTIRMA SONUÇLARI VE TARTIŞMA **34**

4.1. Arazi Çalışmaları 34
4.2. *Venturia inaequalis* izolatlarının DNA İzolasyonları 34
4.2.1. *Venturia inaequalis* izolatlarının RAPD markırı ile yapılan analizler ve sonuçları 34
4.2.2. *Venturia inaequalis* izolatlarının ISSR markırı ile yapılan analizleri ile elde edilen bulgular 36
4.2.3. *Venturia inaequalis* izolatlarının SSR markırı ile yapılan analizleri ile elde edilen bulgular 38
4.2.4. *Venturia inaequalis* izolatlarının SRAP markırı ile yapılan analizleri ile elde edilen bulgular 39

4.3. Isparta İlinde Yapılan Moleküler Karakterizasyon Çalışmaları 42
4.3.1. Filogenetik Analiz 43
4.3.1.1. Isparta grubu RAPD markırı ile yapılan moleküler karakterizasyon çalışmaları 43
4.3.1.2. Isparta grubu ISSR markırı ile yapılan moleküler karakterizasyon çalışmaları 45
4.3.1.3. Isparta grubu SSR markırı ile yapılan moleküler karakterizasyon çalışmaları 45
4.3.1.4. Isparta grubu SRAP markırı ile yapılan moleküler karakterizasyon çalışmaları 46
4.3.1.5. Isparta grubu markırların hepsi kullanılarak yapılan moleküler karakterizasyon çalışmaları 48
4.4. Türkiye'den Toplanan *Venturia inaequalis* İzolatlarında Yapılan Moleküler Karakterizasyon Çalışmaları 55
4.4.1. Filogenetik analiz 55
4.4.1.1. Türkiye grubu *Venturia inaequalis* izolatlarında RAPD markırı ile yapılan moleküler karakterizasyon çalışmaları 56
4.4.1.2. Türkiye grubu *Venturia inaequalis* izolatlarında ISSR markırı ile yapılan moleküler karakterizasyon çalışmaları 57
4.4.1.3. Türkiye grubu *Venturia inaequalis* izolatlarında SSR markırı ile yapılan moleküler karakterizasyon çalışmaları 58
4.4.1.4. Türkiye grubu *Venturia inaequalis* izolatlarında SRAP markırı ile yapılan moleküler karakterizasyon çalışmaları 60
4.4.1.5. Türkiye grubu *Venturia inaequalis* izolatlarında markırların hepsi kullanılarak yapılan moleküler karakterizasyon çalışmaları 61
4.5. *Venturia inaequalis* İzolatlarının Patojenisite Çalışmaları 68
4.5.1. Yaprak disklerine inokülasyon 68
4.5.2. *Venturia inaequalis*'in inokülasyonu 68
4.5.3. *Venturia inaequalis*'in patojenisite sonuçları 70

5. SONUÇLAR VE ÖNERİLER 76

5.1 Sonuçlar 76
5.2 Öneriler 78

KAYNAKLAR 80

EKLER 87

Ek. 1. İlaç Denemesi ve Organik Yetiştiricilik Yapılan Parsellerden Alınan Örnekler ve Özellikleri 87
Ek. 2. Çalışmada Kullanılan Materyallerin Benzerlik İndeksi (Dice, 1945) Değerleri (RAPD Isparta Grubu) 88
Ek. 3. Çalışmada Kullanılan Materyallerin Benzerlik İndeksi (Dice, 1945) Değerleri (RAPD Türkiye Grubu) 91
Ek. 4. Çalışmada Kullanılan Materyallerin Benzerlik İndeksi (Dice, 1945) Değerleri (ISSR Isparta Grubu) 94
Ek. 5. Çalışmada Kullanılan Materyallerin Benzerlik İndeksi (Dice, 1945) Değerleri (SSR Isparta Grubu) 97
Ek. 6. Çalışmada Kullanılan Materyallerin Benzerlik İndeksi (Dice, 1945) Değerleri (SSR Türkiye Grubu) 100

Ek. 7. Çalışmada Kullanılan Materyallerin Benzerlik İndeksi (Dice, 1945) Değerleri (SRAP Isparta Grubu) 102
Ek. 8. Çalışmada Kullanılan Materyallerin Benzerlik İndeksi (Dice, 1945) Değerleri (SRAP Türkiye Grubu) 104
Ek. 9. Patojenisitede Kullanılan İzolat ve Çeşitlere Ait Varyans Analiz Tablosu 106
Ek.10. Isparta İçin Tarım İl Müdürlüğü Tarafından Bitkisel Üretim Sezonu Boyunca Erken Uyarı Mücadele Sistemine Göre Verilen Elma Kara Lekesi Uyarı Tarihleri 107
Ek. 11. Tüm *Venturia inaequalis* Örneklerinin SRAP Markırı Kullanılarak UPGMA Metodu ile Elde Edilen ve Genetik Benzerlikleri Gösteren Dendrogram 108
Ek. 12. Tüm *Venturia inaequalis* Örneklerinin SSR Markırı Kullanılarak UPGMA Metodu ile Elde Edilen ve Genetik Benzerlikleri Gösteren Dendrogram 109

ÖZGEÇMİŞ 110

SİMGELER VE KISALTMALAR

AFLP: Amplified Fragment Length Polymorphisms (Çoğaltılan parça uzunluğu farklılığı)
bp : base pair (baz çifti)
cM: santimorgan
CTAB : Cetyltrimeyhhylamoniumbromide
DNA : Deoksiribonükleik asit
EDTA : Ethilen daimin tetra asetik asit
g : gram
ISSR : inter-simple sequence repeat (Basit tekrarlı diziler arası polimorfizm)
kb : kilobaz
MEA: Malt ekstrakt agar
mg : miligram
ml : mililitre
mM : milimolar
ng : nanogram
PDA: Patates dekstroz agar
PCR : Polymerase Chain Reaction (Polimeraz zincir reaksiyonu)
RAPD : Randomly Amplified Polymorphic DNA (Rastgele çoğaltılmış DNA farklılığı)
RFLP: Restriction Fragment Length Polymorphisms (Restriksiyon endonükleazlarla DNA'nın farklı büyüklüklerdeki fragmanlara ayrılması)
RNA : Ribonucleic Acid
rpm : revolution per minute (Dakikadaki devir sayısı)
SSR : Simple Sequence Repeat (Basit dizilim tekrarları)
Taq : *Thermus aquaticus*
TAE : Tris/asetat/EDTA (Buffer)
TBE : Tris/borik asit/EDTA (Buffer)
TE : Tris EDTA (Buffer)
Tris : tris(hydroksi methil) aminomethane
UPGMA : Unweighted pair-group method analysis
^{o}C: santigrad derece
µg: mikrogram
µM : mikromolar
µl : mikrolitre

1. GİRİŞ

Elma, dünya üzerinde çok geniş yayılma alanı gösteren ve değişik ekolojilerde üretimi yapılabilen bir bitkidir. Dünya elma üretimi yaklaşık 70 milyon ton civarında gerçekleşmektedir. Türkiye, dünya elma üretiminde 2010 yılı verilerine göre 2,600,000 ton ile 3. sırada yer almaktadır (Anonymous, 2012).

Türkiye'de yumuşak çekirdekli meyve üretimi toplam meyve üretiminin %24'lük bir dilimini kapsamakta ve bu üretiminde %84'ünü elma üretimi oluşturmaktadır. Ülkemizde elma yetiştiriciliği tüm illerde yapılmakla birlikte, son yıllarda göller bölgesinde yoğunluk göstermektedir. Ülkemiz elma üretiminin yarısından fazlası sırasıyla; Isparta (549,371 ton), Niğde (311,820 ton), Karaman (165,040 ton), Kayseri (127,282 ton) ve Denizli (91,355 ton) illerinde gerçekleştirilmektedir. Ülkemizde elma üretiminin çeşitlere göre dağılımı ise; Starking Delicious (%55), Golden Delicious (%28), Amasya (%7), Granny Smith (%2) ve diğer (%8) olarak sıralanmaktadır (Anonim, 2011a).

Dünyada olduğu gibi ülkemizde de elma kara lekesi hastalığı elmanın en önemli fungal hastalıklarından biridir. Bu hastalık, toplam verimde %70 azalmaya (Agrios, 1997), ayrıca pazar değeri üzerinde de olumsuz etkiler yaparak %30–60 değer kaybına neden olmaktadır (Türkoğlu, 1978). Hastalık, yurdumuzda elma yetiştirilen tüm bölgelerde yoğun olarak görülmektedir. En çok üretimi yapılan Starking Delicious ve Golden Delicious elma çeşitleri elma kara lekesi hastalığına karşı en hassas çeşitler arasında yer almakta, bu durum hastalıkla mücadeleyi oldukça zorlaştırmaktadır (Kaymak ve ark., 2008).

Hollanda'da üreticiler, ticari bahçelerde hastalıktan korunmak amacıyla bir sezonda 20-30 kez fungisit kullanmaktadır (Soriano ve ark., 2009). Türkiye'de, elma üretiminin yoğun olarak yapıldığı Eğirdir'de (250,000 ton), elma üreticisi hastalık ve zararlılara karşı bir sezonda 20–25 defa ilaçlama yapmaktadır. İlkbahar aylarının yağışlı geçtiği dönemlerde, özellikle elma kara lekesi enfeksiyonuna karşı üreticilerin bundan korunmak için ağaçları sürekli ilaçlı bulundurma eğilimi içersinde oldukları belirlenmiştir (Boyraz ve ark., 2005).

Isparta; Ege, Akdeniz ve İç Anadolu Bölgelerinin kesiştiği Göller Bölgesi denilen noktada yer almaktadır ve doğusunda Konya, batısında Burdur, güneyinde Antalya ve kuzeyinde Afyon illeri ile çevrilmiştir. Ayrıca Isparta; Eğirdir, Kovada ve

Gölcük göllerini sınırları içerisinde bulundurmakla birlikte, Kovada ve Kızıldağı Milli Parkları ile zengin bir fauna ve floraya sahiptir (Anonim, 2011b).

Elma kara lekesi hastalığı meyve üretiminde, hem kalitatif hem de kantitatif olarak önemli ürün kayıplarına neden olmaktadır. Ayrıca çok sayıda pestisit uygulaması gerektirdiğinden, üretim maliyetini artırmakta, çevre ve insan sağlığı açısından risk oluşturmaktadır. Yoğun ilaçlama, üretilen elmaların iç ve özellikle de dış pazarlarda pazarlanmasını engellemekte ve büyük ekonomik kayıplara neden olmaktadır.

Elma kara lekesi hastalığına karşı dayanıklı çeşitlerin kullanımı, çevre dostu ve önemli bir mücadele yöntemidir. Yabani elmalarda bulunan hastalığa dayanıklılık genleri geleneksel ıslah metotları kullanılarak kültür çeşitlerine aktarılmaya çalışılmaktadır (MacHardy, 1996). Elma kara lekesine dayanıklılık gösteren genler değişik elma türlerinde tanımlanmıştır. *Vm* geni *Malus micromalus*'tan, *Vr* geni *M. pumila*'dan, *Vbj* geni *M. baccata jackii*'den, *Vb* geni Hansen's baccata 2'den, *Va* geni Antonovka PI 172623'den (Williams ve Kuc, 1969), *Vj* geni Jonsib'den ve *Vc* geni Cathay Crab'dan sayılabilir. Elma kara lekesi hastalığına dayanıklılık gösteren genler arasında en fazla kullanılanı *Vf* geni olup, orijini de *Malus floribunda* 821'dir. Bu gen şu ana kadar hastalığa dayanıklı 70 çeşitte bulunmuştur (Williams ve Dayton, 1968; Janick ve ark., 1996).

Malus floribunda 821 klonunda *Vf* dayanıklılık geni yaklaşık 50 yıldır ıslah programlarında başarılı bir şekilde donör olarak kullanılarak elma kara lekesi hastalığına dayanıklı birçok çeşit geliştirilmiştir (MacHardy, 1996). Prima *Vf* dayanıklılık genini taşıyan ilk ticari elma çeşidi (Dayton ve Williams, 1970) olmakla birlikte, *Vf* dayanıklılık genine sahip olduğu bilinen diğer yaygın elma çeşitleri Beacon, Coper 44, Juliet, Enterprise, Priam, Priscilla ve Red Free elma çeşitleridir (Afuniana ve ark., 2004).

Vf dayanıklılığı 1980'li yıllarının başında kabul görmeye başlamış, ancak fungusun bir genotipi tarafından bu dayanıklılığın kırıldığı tespit edilmiştir. Bu nedenle ıslahçılar stratejilerini yeniden düşünmek zorunda kalmışlardır (Gessler ve ark., 2006).

Yetiştiricilikte yaygın kullanılan kaliteli elma çeşitlerinin hiçbiri, kara lekeye karşı yeterince yüksek ve sürekli dayanıklılığa sahip değildir. Ancak seçilen bazı küçük meyveli Asya *Malus* türlerinde tam tarla bağışıklığı görülmüştür (Hough, 1944). Bazı ticari çeşitler ile yapılan çalışmalarda etkili bir dayanıklılık bulunmuş olmasına karşılık, elma kara lekesi fungusunun yüksek adaptasyon yeteneği sayesinde dayanıklılıkta zaman içerisinde değişikler meydana gelmiştir. Bazı yabani *Malus* türleri ya da

genotiplerindeki dayanıklılığında fungusun yeni ırkların gelişmesiyle kırılabileceği bildirilmektedir (Williams ve Brown 1968, Roberts ve Crute, 1994; Be´naouf ve Parisi, 2000). Bu duruma Golden Delicious elma çeşidi iyi bir örnektir. Bu çeşit 1900'lü yıllarda kara leke hastalığına karşı oldukça dayanıklı olduğu düşünülürken, bugün en hassas çeşitlerden birisi olarak bilinmektedir.

Venturia inaequalis yüksek derecede genetik değişkenliğe sahiptir. Fungus genetik olarak her yıl rekombinasyona uğrayarak konukçu dayanıklılığının üstesinden gelme yeteneğini arttırmaktadır. Son yıllarda birkaç farklı dayanıklılık kaynağının kombine edildiği, poligenik dayanıklılığın geliştirilmesi doğrultusunda çalışmalar yapılmaktadır (Sandskar, 2003).

Şimdiye kadar yapılan çalışmalarda 17 tane dayanıklılık geni (*Va, Vb, Vbj, Vd, Vf, Vg, Vh2, Vh4, Vh8, Vm* ve *Vr2*) ve bu genlere sahip çeşitlerde hastalık oluşturabilen 8 ırk tespit edilmiştir (Çizelge 1.1. ve Çizelge 2.2.).

Her ırkın patojenitesi konukçusuna göre değişmektedir. Şu ana kadar dünyanın değişik bölgelerinde farklı dayanıklılık kaynaklarını kıran fungus ırklarının ortaya çıktığı göz önünde tutulmalıdır.

Çizelge 1.1. *Venturia inaequalis'*in ırkları ve bulundukları yerler [Janick ve Moore (1996), Roberts ve Crute (1994)]

Irk No	Kaynak	Hassas materiyal
1	Tüm dünya	Dünyadaki çeşitlerin çoğu
2	Güney Dakota, USA	*M. baccata*, Dolgo, Alexis, Bittercrab, R12740-7A, Geneva
3	Nova Scotia, Kanada	Geneva
4	Lafayette, Indiana, USA	R12740-7A
5	Norwich, England	*M. micromalus* nokta tip dayanıklılık *M. atrosanguinea* 804
6	Ahrensburg, Germany	Prima (*Vf* çeşidi)
7	Great Britain	*M. floribunda* 821
8	New Zealand	*M. sieversii (Vh8)*

Elmadaki kara leke hastalığına karşı dayanıklılıkta dayanıklılığı sürekli kılmak ve kalite unsurlarını göz önünde bulundurmak önemlidir. Dayanıklılığın major genler tarafından güçlendirildiği poligenik kaynakların tanımlanması büyük önem taşımaktadır (Gessler ve ark., 2006).

Ülkemizde günümüze kadar *Venturia inaequalis'*in ırk tespitine yönelik çalışmalar yapılmamıştır. Hastalığa karşı dayanıklı çeşitlerin geliştirilmesine yönelik ıslah çalışmalarına başlanmış, fakat bu çalışmaların daha sağlıklı olabilmesi için

ülkemizde bulunan kara leke ırklarının araştırılarak, çeşitler üzerinde patojenisitelerinin belirlenmesine ihtiyaç bulunmaktadır.

Bu çalışmayla, *Venturia inaequalis'*in ırk tespitine yönelik çalışılmasına, Türkiye'de bulunan ırklar belirlenerek, sahip olduğumuz genetik çeşitlilikte var olan dayanıklılık kaynaklarının, ıslah programlarında daha etkin kullanımı amaçlanmıştır. Bu kapsamda elmacılığın yoğun olarak yapıldığı 22 ilden kara leke izolatları toplanmış, RAPD, ISSR, SSR ve SRAP moleküler markırlar yardımıyla izolatların akrabalık ilişkilerine ve genetik çeşitlilik çalışması yürütülerek coğrafik olarak farklı yerlerde bulunan bahçelerden toplanan izolatların ırk oluşturma ve patojenisite potansiyelleri araştırılmıştır.

2. KAYNAK ARAŞTIRMASI

2.1. Hastalığın Tanımı ve Zarar Şekli

Elma kara lekesi hastalığı (*Venturia inaequalis* (Cke.) Wint.) elma ağaçlarının en önemli fungal hastalığı olup, ülkemizde ekonomik anlamda önemli kayıplara neden olmaktadır. Hastalıkla mücadele amacıyla elma bahçelerinde yoğun şekilde fungisit uygulanmaktadır. Dünyada olduğu gibi ülkemizde de elma karalekesi hastalığı elmanın ana hastalığı olup, hastalığın gelişimi için şartlar uygun oluştuğunda ve mücadele yapılmadığında, hastalık; toplam verimde %70 azalmaya (Agrios, 1997), ayrıca pazar değeri üzerinde olumsuz etkiler yaparak %30–60 değer kaybına neden olmaktadır. Hastalık, yurdumuzda elma yetiştirilen tüm bölgelerde yoğun olarak görülmektedir (Türkoğlu, 1978).

V. inaequalis öncelikle elma çeşitlerinde hastalık meydana getirirken, ayrıca *Malus* (Yabani elma), *Cotoneaster integerrima*, *Crataegus oxycantha* (Alıç), *Loquat*, *Pyracantha* (Ateş dikeni), *Sarcocephalus esculantus*, *Sorbus* (Üvez) ve *Viburnum* (Kartopu)'da da enfeksiyon oluşturur (Jha ve ark., 2009).

Elma kara lekesi (*Venturia inaequalis* (Cke) Wint.)'nin saprofitik ve parazitik olmak üzere 2 devresi vardır. Saprofitik dönem sonbaharda yere dökülen ölü yapraklarla başlar ve ilkbaharda pseudotesyumun olgunlaşmasına kadar sürer. Parazitik dönem ise, fungusun canlı dokularda sürdürdüğü yaşamını kapsamaktadır (Anonim, 2008).

Hastalığın yazlık formu ilk kez İsveçli botanikçi Fries (1819), tarafından tespit edilirken, başlangıçta eşeysiz dönemine göre *Fusicladium dendriticum* ve *Spilocaea pomi* olarak isimlendirilmiştir. Kışlık formu ise Cooke (1866), tarafından açıklanmış, iki formun aynı türe ait olduğu bilinmemesine rağmen, daha sonra Goethe (1887) onların aynı türe ait olduğunu belirtmiştir. En eski resim 1600 'da Caravaggio tarafından kara lekeli elmaların olduğu bir meyve sepeti konulu resimdir. Elma karalekesi hastalığının elma tarihindeki önemi Olsson (1962) tarafından anlatılmıştır (Sandskar, 2003).

Elma kara leke fungusu Ascomycota şubesi, Pezizomycotina alt şubesi, Dothideomycetes sınıfı, Pleosporales takımı, *Venturiaceae* familyasında yer almaktadır. Ana karakteristik özelliği, bir bölmeli yeşil, sarımsı ya da zeytini kahverengi askosporlarıdır (Barr, 1968). Eşeyli dönemi pseudothecium formunda, elma yapraklarında kış boyunca nokta iğne şeklinde başıyla siyah olarak görülür.

Pseudothecium içinde sayıları 50-100 arasında değişen ascuslar vardır. Her bir ascus içinde 8 adet askospor bulunur. İlkbaharda yağışlı günlerde pseudotheciumların içindeki olgunlaşan askuslardan askosporlar fırlatılır. Askosporların çimlenmesi için sıcaklık ve yaprak ıslaklık süresi önemlidir. Askospor uçuşları 5-9 hafta boyunca devam eder (Agrios, 1997; Jones ve Aldwinckle, 1991).

Farekulağı döneminden itibaren elma yapraklarına ulaşan askosporlar uygun koşullar oluştuğunda çimlenir ve bitki dokusunu kütikuladan penetre eder. Askosporlar yapraklarda film tabakası şeklinde ıslaklık sürdükçe, 6-26 ^{0}C arası sıcaklıklarda çimlenmeye devam eder. Böylece askosporlar primer enfeksiyonları meydana getirir. Enfeksiyondan itibaren 8-15 gün içinde hastalık belirtileri görülmeye başlar. Hastalığın belirtileri ağacın yaprak, meyve ve sürgünlerinde görülür. Yaprağın alt ve üst yüzeyinde oluşan lekeler başlangıçta yağlımsı görünüştedir, giderek zeytin rengini alır sonra da kahverengileşir. Kadifemsi yapıdadır ve zamanla lekeli kısımdaki doku ölür, üzerinde çatlaklar ve delikler oluşur. Ağır infekteli yapraklar sararır ve erken dökülürler (Agrios, 1997).

Meyvedeki lekeler ise yeşilimsi olup zamanla kahverengiye dönüşür. Küçük lekeler zamanla birleşirler ve bu kısımlarda meyvenin gelişmesi durur, deforme olmuş meyveler oluşur. Elmada sürgün enfeksiyonları bazı duyarlı çeşitlerde görülür. Lekeler oval veya yuvarlak kabarcıklar şeklindedir. Püstül olarak tanımlanan bu kabarcıklar ilkbaharda çatlar ve içinde oluşan konidi yatakları açığa çıkar. Püstüller zamanla birleşerek "uyuz" veya "sıraca" denilen yaralar oluşturur (Anonim, 2008; Agrios, 1997).

Konidiosporlar (her bir yaprak lezyonundan 100.000'in üzerinde üretilebilmektedir) yağışla birlikte konidioforlardan koparak rüzgâr ve su damlaların yardımıyla diğer yaprak ve meyvelere taşınarak sekonder enfeksiyonlara neden olur. Bu enfeksiyonlar yağışlı geçen yaz ayları boyunca devam etmektedir (Anonim, 2008; Agrios, 1997; Jones ve Aldwinckle, 1991).

Hastalık etmeni kışı sonbaharda yere dökülen lekeli yapraklarda miselyum olarak geçirir. İlkbahara doğru bu yapraklarda önce eşeyli üreme meydana gelir daha sonra pseudotesyumlar oluşur (Anonim, 2008; Agrios, 1997).

Büyüme sezonu boyunca birkaç konidiospor üretimi devam eder. Kış başlangıcında yaprak dökümüyle, miselyum yaprak dokularında daha derinlere ilerler ve iki farklı miselin kesiştiği yerde çiftleşme olur. Çiftleşmeyi takiben, yerçekiminin tersi istikamette pseudotesyum oluşur. *V. inaequalis* in askusu bitunikate, silindirik, çift duvarlı ve boşlukludur. Askospor iki eşit olmayan hacimde hücreye sahip olup, ince

kırılgan dış duvar ve ince elastik iç duvardan oluşur. Pseudotesyum patojenin kış boyunca dayanmasına yardım eder (MacHardy, 1996). Fungus öncelikle düşen yapraklarda kışı geçirse de, sürgün ve meyvede de konidiospor olarak da kışı geçirdiği ve buradan ilk enfeksiyonları başlattığı rapor edilmiştir (Boehm ve ark., 2003). Askosporların olgunlaştığı zaman elma tomurcukları patlar ve elmanın en hassas dönemidir. Askospor olgunlaştığı zaman askustan serbest bırakılır, yağmur ve rüzgârla yayılır. Askosporun optimum salınması için ışık gereklidir (MacHardy, 1996).

V. inaequalis in doğrudan hücre duvarından girişi, fungus sporunun bitki dokusu üzerinde çimlenmesi ile oluşan hifin bitki dokusu üzerinde şişerek apresorium oluşturması ve yüzeye yapışmasıyla başlar. Konukçu yüzeyine tutunmada rol oynadığı tahmin edilen zamklı maddeler üretir. Bu sırada stomadan giriş yapmaz. Bu zamklı maddeler *β*-galactose ve N-acetylglucosaminyl gibi protein ve karbonhidratlardan oluşur. Apresoriumun gelişmesinde temel olan melanin, başarılı bir enfeksiyon için gereklidir. *V. inaequalis* tarafından üretilen melanin (melanoprotein olarak bulunur) hücre duvarını parçalayan enzimlerin (CWDEs) sentezlenmesini kolaylaştırır. Melanoprotein elma membran besin durumu geçirgenliğini ve taşınma sistemini değiştirerek, patojenin büyüme ve gelişmesini kolaylaştırır. Patojen çıkardığı enzimler ile bulunduğu sathı eritmeye çalışır. Çimlenen misel ve konidi tarafından hücreler arası kütinaze üretilir. Bitki tarafından salgılanan spesifik kütinaze inhibitörlerin etkisi gözlemlendiğinde patojenin konukçuya girişinin önlendiği görülür. Esterazın ise konidinin çimlenmesi esnasında kütikülayı yumuşatarak patojenin girişini kolaylaştırdığı rapor edilmiştir. Bu sırada apresorium fevkalede incelerek "penetrasyon peg" (penetrasyon çivisi) oluşturarak dokuyu delmedeki basıncı asgariye indirmiş olur. Fungus penetrasyon yaptıktan sonra doku içerisinde tekrar eski kalınlığına kavuşarak stroma formundaki hif, kütiküla ve epidermis hücrelerinin dış duvar arasında yana doğru yayılmasına devam eder. Penetrasyondan sonra, enfeksiyon hifi farklılaşarak subkütikülada konidioforları oluşturur. Konidioforlarda konidispor oluşur ve kükikülayı patlatarak yüzeye çıkar. Buda genç lezyonlarda karakteristik kadifemsi görüntüsünü oluşturur. Konidiler konukçusu olmayan *Pyrus communis* gibi bitkilerde çimlenebilir ve yüzeye tutunabilir, fakat sadece konukçularında enfeksiyon oluşturabilir ve gelişebilir. *V. inaequalis'in* en anlaşılmaz özelliği sadece subkütikülada ilerlemesi ve stroma epidermal hücrelerin üst kısmında oluşarak, epidermisi penetre etmemesidir. Bunun da haustorium yapısı olmadan besin türetmek için bitki hücre duvarı parçalayan enzimlerin

kullanılmasıyla oluştuğu düşünülmektedir (MacHardy, 1996; Güncan ve Boyraz, 2002; Jha ve ark., 2009; Bowen ve ark., 2011).

2.2. Moleküler Markırlar

Genel olarak moleküler markırlar PCR'nuna (polymeraz zincir reaksiyonu) bağlı olmayanlar ve PCR'nuna bağlı olanlar şeklinde iki gruba ayrılmaktadır. RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) markırı PCR'nuna bağlı değildir ve analizi DNA-DNA hibridizasyonuyla gerçekleşmekte olup ve analizinde genellikle radyoaktif maddelerin kullanımı zorunludur. PCR'a bağlı olan moleküler markırlar arasında SSR (Simple Sequence Repeat), ISSR (Inter Simple Sequence Repeat), RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA), AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphisms) ve SCAR (Sequence Characterized Amplified Region) gibi markırlar sayılabilir. Araştırmanın amacına, bütçesine ve araştırmanın yapıldığı laboratuvar olanaklarına göre kullanılacak markırın tipi belirlenmektedir. Genel olarak moleküler markırlar bitki tür ve çeşitlerin genetik karakterizasyonunda, genetik haritalama ve markır yardımıyla seleksiyon (MAS) çalışmalarında kullanılmaktadır (Gülşen ve Mutlu, 2005).

Bugüne kadar hastalıklara dayanıklılıkla ilişkili olarak geliştirilen çok değişik moleküler markırlar bulunmaktadır. MAS çalışmalarında hangi moleküler markırın uygun olduğuna markır teknikleri birbirleriyle karşılaştırılarak karar verilebilir. Yapılan bu karşılaştırmaların sonucunda polimorfizm bakımından SSR ve AFLP tekniklerinin, iyi sonuç verdiği, maliyet bakımından RAPD ve ISSR tekniklerinin olduça uygun olduğu, tekrarlanabilirlik bakımından ise RFLP, SSR, ISSR ve AFLP tekniklerinin avantajlı oldukları sonucuna varılmıştır (Staub ve ark., 1996).

RAPD (Rastgele çoğaltılmış DNA farklılığı) markırı ile yapılan analizlerde 6-10 nükleotid uzunluğundaki primerler kullanılarak genom üzerinde rastgele bölgelerin DNA amplifikasyonu gerçekleştirilmektedir. Reaksiyon şartlarının spesifik olmaması rastgele çoğaltıma izin vermektedir. Uygulanan diğer PCR temelli markır analiz tekniklerinin aksine RAPD tekniğinde iki değil bir primer kullanılmaktadır (Yıldırım ve Kandemir, 2001).

SRAP (Sequence Related Amplified Polymorphism) markırları kolay uygulanabilmesi, tekrarlanabilmesi gibi özelliklerinden dolayı ucuz ve etkili bir sistem olarak değerlendirilmiş, son dönemlerde Li ve Quiros (2001) tarafından geliştirilmiş

yeni bir moleküler markır sistemidir. PCR temelli bir sistem olan SRAP, iki primerden oluşan bir kombinasyonla çalışmaktadır. Primerler 17-18 nükleotitten meydana gelmekte ve bunlardan biri ileri, diğeri ise geri primer olarak adlandırılmaktadır. Bu primerlerde 13-14 nükleotitten oluşan bir çekirdek sekans kısmı vardır. Bu kısımdan sonra 3 seçici nükleotitten oluşan bölüm bulunmaktadır.

SRAP markır sistemi, genetik çeşitliliğin, genetik ilişkilerin araştırılması ve parmakizi çalışmalarında kullanılabilecek etkili ve ucuz bir sistem olarak kabul edilmiştir. Aynı şekilde Gülşen ve ark. (2007), bu markır sisteminin genetik ilişkilerin açıklanması, gen kaynağı koleksiyonlarının oluşturulması, genetik haritalama çalışmaları ve çekirdek koleksiyonların oluşturulması çalışmalarında kullanılabileceğini belirtmişlerdir.

SSR (Simple Sequence Repeat) veya mikrosatelitler ökaryotik genomlar boyunca dağılmış bulunan ve ardışık olarak tekrarlanan 2-6 nükleotid uzunluğunda dizilerden oluşmaktadır. Bu gruplar (AT)n, (GT)n, (ATT)n veya (GACA)n şeklinde gösterilmekte ve "n" tekrarlanan dizi sayısını belirtmektedir. Mikrosatelitleri çevreleyen DNA dizileri genellikle aynı türün bireyleri arasında korunmuş olduklarından dolayı farklı genotipte olan bireylerin seçimleri SSR analizleri ile mümkün olmaktadır. Genomda yer alan bu tekrarların varlığının ve dizilerinin belirlenmesi çok yakın tür ve çeşitler arasında bile polymorphizimin belirlenmesine imkân vermektedir (Yıldırım ve Kandemir, 2004).

2.2.1. *Venturia inaequalis* ile ilgili markırların kullanıldığı çalışmalar

Sierotzki ve ark. (1994), kara leke izolatlarını 7 elma çeşidinden (Golden Delicious, Idared, Maigold, Glockenapfel, Boskoop, Spartan ve James Grieve) toplamışlardır. Toplanan izolatlar, aşılanmış kendi çeşitleri üzerine veya diğer çeşitler üzerinde karışık olarak inoküle edilmişlerdir. Genelikle tüm izolatlar kendi elde edildikleri çeşit üzerinde aynı tip enfeksiyon oluştururken diğer çeşitlerde farklı şekilde lezyon oluşturduğunu bulmuşlardır. Belirli patojen genotiplerinin kendi konukçularına doğru özelleştiğini belirtmişlerdir. Monokonidiyal kültürlerin RAPD markırlar kullanılarak tanımını ve teşhisini yapmışlar, bunun sonucunda kendi konukçusundan olmayan izolatların etkili bir şekilde seleksiyona uğradığını bulmuşlardır. Farklı dayanıklılık kaynaklarının, hassas ırkları seleksiyona tabi tuttuğunu ve hastalık şiddetinde değişiklikler meydana getirdiğini tespit etmişlerdir.

Tenzer ve Gessler (1997), İsviçre'de *Vf* genine sahip dayanıklı çeşitlerde dayanıklılığı kıran yeni patotipin taşınma ve yayılma hızını araştırmak için *Venturia inaequalis*'in 4 populasyonunun analizini yapmışlardır. Elde ettikleri sonuçlara göre, meydana gelen gen akışının daha çok insan aktivitesi ile arttırıldığını ve bu yüzden İsviçre'de *Vf* dayanıklılığının ne kadar süre devam edeceğinin tahmin etmenin çok zor olduğunu vurgulamışlardır.

Venturia inaequalis'in ilk genetik olarak haritalanmasında 30 RAPD primer kullanılmış, araştırıcılar 270 cM uzunluğunda 6 bağlantı grup (linkage) elde etmişlerdir (Sierotzki ve Gessler, 1998a).

Tenzer ve Gessler (1999), 5 Avrupa ülkesinden topladıkları *Venturia inaequalis*'in 11 populasyonunun genetik çeşitliliğini, ITS- rDNA ile 18 RAPD markırlar kullanılarak karşılaştırmışlardır. Her bir populasyon içi çeşitlilik (H_S) 0.26 ve 0.33 arasında belirlenirken, populasyon arasındaki farklılık (G_{ST}) ortalama 0.11 ve populasyonun izolasyon mesafesini ($r^2 = 0.50$, $P < 0.01$) olarak tespit etmişlerdir. Bu sonuçlarla Avrupa'da yaygın olarak kısa mesafede gen akışının oluştuğunu vurgulamışlardır. Araştırıcılar Kuzey ve Güney Alpler'de daha fazla bir farklılık beklerken, Alpler'in bariyer etkisinden dolayı *V. inaequalis*'in yayılmasının azaldığını belirtmişlerdir. Gen akışında, sporların ve enfekteli yaprakların taşınmasında insanların önemli rol oynadığını rapor etmişlerdir.

Tenzer ve ark. (1999)'de yaptıkları çalışmada, 11 avrupa ülkesinden topladıkları 350 *V. inaequalis* izolatını 7 SSR markırı ile taramışlardır. Genetik çeşitliliği 0.52-0.96 arasında bulmuşlardır. Populasyon çeşitliliğini ise 0.28-0.49 arasında değiştiğini tespit etmişlerdir. SSR markırların yüksek polimorfizm, tekrarlanabilirlik, yüksek spesifiklik ve kesin sonuç vermesinden dolayı RAPD markırlara göre büyük avantajları olduğunu vurgulamışlardır.

Boehm ve ark. (2003) İsrail'de elma bahçelerinde *Venturia inaequalis* populasyonu arasındaki çevreyle ilgili genotipik farklılıkları belirlemek için çalışma yapmışlardır. Eşeyli üretimin fungusun düşük kış şartlarını sürdürebilmesi için gerekli olduğunu, bu şartların sadece Suriye'nin Golan Tepelerinde oluştuğunu vurgulamışlardır. Fakat şu ana kadar sahil kıyısı boyunca ve daha düşük seviyelerde bulunan Hula Vadisi'ndeki elma bahçelerinde Pseudothecia'nın oluştuğunun rapor edilmediğini bildirmişlerdir. Bu amaçla Golan Tepelerindeki 2 bahçeden 38 ile Hula Vadisi ve sahil kıyısındaki 3 bahçeden 40 izolat toplamışlar ve populasyon yapısını analiz için SSR markırı kullanmışlardır. Sahil kıyısından alınan örneklerin hepsi genetik

olarak kendi içinde tek tip olarak bulunurken, Golan tepelerinden gelen örnekler genetik yönden 10 kat daha fazla farklı bulunmuştur. Araştırıcıların elde ettiği veriler patojenin düşük kış şartları gerçekleşmeyen bölgelerde eşeyli olarak çoğalmadığını göstermiştir.

Melounova ve ark. (2004), Çek Cumhuriyetinde *Venturia inaequalis*'in tek spor izolatlarının genetik olarak karakterizasyonunu yapmışlardır. Farklı bölgelerdeki elma çeşitlerinden elde ettikleri 10 tek spor izolatını RAPD ile karşılaştırmışlardır. *Vf* geni içeren dayanıklı genotipten sağlanan tek spor izolatı ile hassas bir çeşitten sağlanan izolat arasında genetik benzerliği % 79 olarak bulmuşlardır. Ayrı yer ve konukçulardan elde edilen diğer izolatların genetik farklılığını saptayamamışlardır.

Guérin ve ark. (2004), Avrupa ülkelerinden topladıkları 44 elma kara leke izolatını 21 microsatellite (SSR) markır ile konukçu-patojen ve coğrafik farklılıkları araştırmışlardır. Her primer çiftinin polimorfik olduğunu tespit etmişler, lokuslarda ortalama 9.1 alel (2-24) elde etmişlerdir. Bu SSR primerlerinin aynı zamanda *Spilocaea pyracanthae* ve *S. eriobotryae* türlerinin moleküler çalışmalarında da kullanılabileceğini rapor etmişlerdir

Xu ve ark. (2008), yaptıkları çalışmada, Asya, Hindistan ve Avrupa'daki bahçelerden farklı olduğu tahmin edilen 80 elma kara lekesi izolatı toplamışlar ve hastalık yapabilme yeteneklerine bakmışlardır. Elma kara lekesi izolatlarını, AFLP markırları kullanarak akrabalık ilişkilerini belirlemişlerdir. İki yerel çeşit olan Hindistan'daki Black Ben Davis ile İngiltere'deki Cox çeşitleri yerli olmayan izolatlara karşı oldukça dayanıklı bulunurken, özellikle elde edilen tüm izolatlara karşı Çin'in lokal çeşidi olan Qingguanı test etmişler ve yüksek seviyede izolatlara karşı dayanıklılık gösterdiğini rapor etmişlerdir.

Xu ve ark. (2009)'da *Venturia inaequalis*'in genetik olarak haritalanması çalışmasında, genetik olarak farklı buldukları (virülentlik, konukçu spesifikliği, toksin üretimi ve eşeyli dönem) C0154 (Çin) × 01/213 (UK) izolatlarını çaprazlamışlar ve 83 F1 izolat elde etmişlerdir. Bu iş için 18 AFLP ve 31 SSR primer kombinasyonlarını denemişler, 978 bantdan 518'ini polimorfik olarak tespit etmişlerdir. Analiz sonucunda 11 bağlantı grubu (linkage) oluşturarak 1106 cM uzunluğunda haritayı meydana getirmişlerdir.

Padder ve ark. 2011'de *V. inaequalis*'in Hindistan'ın Jammu ve Kashmir'de bulunan ticari elma bahçelerindeki popülasyon yapısını anlamak için yaptıkları çalışmada, 27 izolat toplamışlar ve RAPD moleküler markırı ile filogenetik analizlerini yapmışlardır. Araştırma sonucunda 10, 10 ve 7 izolatın ayrıldığı 3 grup elde etmişler,

gruplar arasında coğrafik ve konukçu özelliği yönünden belirgin bir ilişki tespit edememişlerdir.

2.2.2. Farklı bitkilerdeki çeşitlerin karakterizasyonunda kullanılan moleküler markırlar

Farklı genetik koleksiyonlarda, genetik çesitliliğin analiz edilmesi, genotiplerin güvenilir bir sekilde sınıflandırılmasını ve özel ıslah amaçlı kullanılmak üzere temel genotiplerin tanımlanmalarını kolaylaştırmaktadır. Genetik çesitlilik çalısmaları, bireyler ile gruplar arasında veya bireyler ile populasyonlar arasındaki varyasyonların özel bir metotla analiz edildiği bir süreçtir. Bu bölümde araştırcıların genetik çeşitlilik çalışmalarında kullandığı yöntemlerden örnekler verilmiştir.

Monte-Corvo ve ark. (2002), 24 armut çeşidinde RAPD, ISSR ve AFLP markırlarını kullanarak genetik benzerliklerin belirlenmesindeki etkilerini karşılaştırmışlardır. Çalışma sonucunda ISSR ve AFLP markırları ile yapılan analiz sonucunda çeşitler aynı dendrogramlarda yer almış, araştırıcılar ISSR markırının kullanılmasını uygulama yönünden daha pratik, hızlı ve ucuz bulmuşlardır.

Yalım (2005), Türkiye orjinli 28 arpa çeşidi içerisindeki genetik farklılıkları ortaya çıkarmak için ISSR DNA moleküler markır tekniğini kullanmıştır. Wünsch ve Hormaza (2007), elma için geliştirilen 7 SSR primer çiftini 63 farklı Avrupa armut çeşidinin genetik akrabalık düzeylerini belirlemek için kullanmışlar ve başarılı sonuçlar elde etmişlerdir. Ağar (2007), SSR markırları kullanarak Çukurova Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Tuzcu turunçgil koleksiyonunda bulunan *Citrus* tür ve akrabalarına ait 88 adet genotip arasındaki moleküler farklılıkları incelemiştir. Uzun (2009), turunçgil türleri ve bunların akraba gruplarına ait 825 adet genotipte SRAP markırları kullanarak genetik çeşitliliğini araştırmış, 21 adet primer kombinasyonu kullanarak tür gruplarına göre sekiz ayrı gruba ayırarak çalışmıştır. Baysal ve ark., (2009) da yaptıkları çalışmada, Batı Akdeniz Bölgesindeki seralarda köklerde hastalık oluşturan *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* etmeninin SRAP ve ISSR markırları kullanarak genetik yönden ırklarının ayrımını yapmışlardır. Akpınar ve ark., (2010), SSR (simple sequence repeat) markırı kullanarak 25 yerli ve 4 yabancı olacak şekilde 29 kayısı çeşidini genetik akrabalık yönünden test etmişlerdir. Lu ve ark., (2011), Inter simple sequence repeats (ISSR) markırını kullanarak 30 muz çeşidinde genetik çeşitliliğe bakmışlardır.

2.3. Elma Kara Leke Hastalığı'na Karşı Elma Dayanıklılık Genleri ve Patojenisite Çalışmaları

Malus floribunda 821'den gelen *Vf* dayanıklılık geni 50 yıldır elma ıslah programlarında başarılı bir şekilde kullanılmakta olup bu dayanıklılık geni yeni geliştirilen elma çeşitlerine aktarılmaktadır. Almanya'nın Ahrensburg şehrinde 1984'de tarla şartlarında Prima elma çeşidinde kara leke enfeksiyonu tespit edilmiş, bu inokuluma karşı *M. floribunda 821* klonunun kendisi ve yabani süs elması olan Evereste çeşidi dayanıklı olarak bulunmuştur (Parisi ve ark., 1993).

Parisi ve Lespinasse (1998), *Malus floribunda* 821'den gelen *Vf* dayanıklılık genine sahip yaklaşık 40 elma çeşidinin *Venturia inaequalis'*in 5 nolu ırkına karşı dayanıklı olduğunu daha önce belirlemişlerdir. Son zamanlarda tanımlanan elma kara lekesi fungusunun 6 nolu ırkına dayanıklılık gösteren bu çeşitlerin bazılarında virülent reaksiyon göstermiş ve enfeksiyon gerçekleştirmiştir. Bu klonlar dünyada elma ıslahçıları tarafından dayanıklılık kaynakları olarak kullanılmakta olup, 35 elma klonu *V. inaequalis*'in 6 nolu ırkına karşı test edilmiştir. 6 nolu ırk hemen hemen tüm *Vf* seleksiyonların, *Vr* dayanıklılık geni taşıdığı rapor edilen Nova Easygro çeşidinde, *Va* geni taşıyan seleksiyonlarda ve Jonsib çeşidinde virülent reaksiyon göstermiştir. *V. inaequalis* ırk 6, hassas olarak bilinen Granny Smith'de, poligenik dayanıklılığa sahip *Malus baccata jackii* (*Vbj*), R 127.40.7A (*Vr*) ve PI 172623 (*Va*)'de hastalık oluşturamamıştır. Diğer taraftan F_2 (F_2 26830-2) hassas bulunmuştur. Bu sonuç *Venturia inaequalis'*in yabani türlerinde dayanıklılıkta karışık bir genetik yapının olduğu ve ıslah süreci boyunca kısmen kayıp olduğu hipotezini ortaya çıkarmıştır. Bu hipoteze göre dayanıklılık genlerini taşıyan en son çeşitlerde dayanıklılığın daha az olduğu sonucuna varılmıştır. Bunun sebebi ise *Vf* geninin indirgendiği noktasında olmuştur. Elma ıslahçıları, bulunan poligenik dayanıklılık kaynaklarının kara leke hastalığına karşı sürekli bir dayanıklılığın elde edilmesi için çalışmaktadırlar.

Kara leke hastalığına karşı *Malus floribunda* 821 *Vf* dayanıklılık geni elma ıslah programlarında yaygın olarak kullanılmıştır. Maliepaard ve ark. (1998) yapmış oldukları haritalama çalışmasında, bu genin Prima çeşidinde 1. bağlı grupta yer aldığını tespit etmişlerdir.

*Venturia inaequalis'*in 2 yeni ırkı *Vf* geninden kaynaklanan dayanıklılığı kırdığı bildirilmektedir (Parisi ve ark. 1993, Roberts ve Crute 1994). *Vf* dayanıklılık geni taşıyan Prima x Fiesta melezleri 6 nolu ırkın monokonidiyal straini ile inoküle

edildiğinde virülent reaksiyon göstermiştir. Progenitor *M. floribunda* 821 çeşidinde ise 6 nolu ırk enfeksiyon oluşturamamıştır (Parisi ve Lespinasse 1996). İnokulasyondan 14 ve 21 gün sonra bitkileri dayanıklı/hassaslık seviyelerine göre değerlendirmişlerdir. QTL analizi olarak MCQTL yazılımını kullanmışlar, 1. bağlı grup üzerinde *Vf* bölgesi bulunmuştur (Durel ve ark., 2000).

Benaouf ve Parisi (1998), *in vitro*'da yaprak disklerinde *Venturia inaequalis'*in karakterizasyonunu çalışmışlardır. *V. inaequalis*'in 1, 6 ve 7 nolu ırklarını, dayanıklı ve hassas klonlardan oluşan 16 tane *Malus* sp.'e inoküle etmişlerdir. *Va, Vb, Vbj, Vf, Vg, Vm* ve *Vr* gibi dayanıklılık genlerini taşıyan klonlarda, kara leke şiddetini ve sporulasyonu inokulasyondan 21 gün sonra değerlendirmişlerdir. Sıfır enfeksiyon belirtisi strainin klonda avirülent olduğunu ortaya koymuştur. *Vb, Vbj, Vf, Vg, Vm* ve *Vr* genleri tarafından sağlanan dayanıklılık *in vitro*'da ifade edilirken, yalnız *Va* geni taşıyan klon ve 6 nolu ırk ile inokulasyonda uyumlu bir durum oluşmuş, tüm bitki gözlemlerinde ise sonuçlar uyumsuz oluşmuştur. Araştırıcılar bu testi geliştirmenin *V. inaequalis* populasyonlarının dayanıklılık genlerini taşıyan konukçularda *in vitro'*da patojenitelerinin çalışılmasını kolaylaştıracağını vurgulamışlardır.

Be´naouf ve Parisi (2000), yaptıkları çalışmada 7 nolu ırkın Golden Delicious elma çeşidinde enfeksiyon yapamadığını gözlemlemişler ve bunun *Vg* dayanıklılık geninden kaynaklandığını bulmuşlardır. *Vg* dayanıklılık genin ise 7 nolu ırk haricindeki tüm ırklarda dayanıklılığı kırılmıştır. Sierotzki ve ark. (1994), Sierotzki ve Gessler (1998) ve Koch ve ark. (2000) çalışmalarında, seçilen bütün patojenleri çeşitlerde deneyerek dayanıklılığın kırıldığı çeşitleri ve patojen populasyonlarını belirlemeye çalışmışlardır. MacHardy ve ark. (2001), zaman içinde dayanıklılık genlerinin patojenin virulenslik alel genleri tarafından kırılacağını vurgulamışlardır.

Sandskar ve Gustafsson (2002), İsveç'de 22 elma çeşidinde elma kara lekesi hastalığına karşı hassasiyet çalışması yaparak, organik tarımda kullanılabilecek alternatif çeşitleri belirlemeye çalışmışlardır. İsveç'de 3 bölgede (Alnarp, Kivik, Rana/Skövde) bulunan bahçelerde fungisit uygulanmamış ve en dayanıklı çeşitler "McShay" ve "Sansa" elma çeşitleri olarak belirlemişlerdir. Bu çeşitleri Pimona, Redsleeves, Piros, BM54859, BM44044, Pikant, Jupiter, Elise, Majda, Birgit Bonnier, Aroma ve Pinova'nın takip ettiğini belirtmişlerdir. En hassas çeşitleri de Pilot, Astramel, Arlet, Bountiful, Evalotta, Rubinette, BM55196 ve Cadel olarak tespit etmişlerdir. Alnarp'taki lokasyonda ilk defa McShay çeşidinin meyvesinde elma kara

lekesi hastalığı belirtisini belgelemişler ve 1999 yılında *Vf* dayanıklılık geninden kaynaklanan dayanıklılığın kırıldığını rapor etmişlerdir.

Gelvonauskis ve Gelvanauskiene (2004), Litvanya'da yaptıkları çalışmada, 228 yerli ve yabancı elma çeşit ve genotipini elma kara lekesi hastalığına karşı dayanıklılık yönünden değerlendirmişlerdir. Çeşitlerden 37 tanesinde hiç lezyon oluşmamış, bu çeşitlerin 27 tanesinin *Vf* dayanıklılık genini, 1 tanesinin de *Vm* dayanıklılık genini taşıdığını tespit etmişlerdir.

Sandskar ve Gustafsson (2004), elma kara lekesi hastalığına karşı Alnarp'ta 339 ve Balsgard'da 165 adet elma çeşit ve tiplerini 0–4 skalasına göre değerlendirmişlerdir. Alnarp'da en dayanıklı çeşitleri, Priscilla, Nova Easygro, Prima, Warner's King, Akane, Remo, Co-op 25, Liberty, McShay ve Katinka olarak belirlemişlerdir. Balsgard'da en dayanıklı çeşitleri ise Co-op 22, Enterprise, Mcshay, Prima, Priscilla, William's Pride, Luke, Apelsinoe ve Judeline olduğunu rapor etmişlerdir.

Martinez-Bilbao ve Murillo (2005), İspanya'daki kara leke ırklarını belirlemişlerdir. İspanyanın kuzeydoğusunda bulunan Gerona, Guipuzcoa ve Navarra'daki yerli ve yabancı çeşitlerden oluşan elma bahçelerinden taze oluşmuş kara leke lezyonlarını toplayarak, spor süspansiyonları ($2.5x10^5$ spor/ml) hazırlamışlardır. Süspansiyonları 1 den 7'ye kadar olan ırkların tanımlanması için, genel hassas çeşit Gala'yı ve Genava, Prima ve *M. flloribunda* 821'den elde edilen 6 farklı elma klonuna, 5 tekerrürlü olacak şekilde inokulasyon yapmışlardır. Yaprakları inokulasyondan 17 gün sonra değerlendirmişler ve tüm inokulumların Gala'da tipik kara leke belirtisi ve sporulasyon ($>10^6$ konidia/cm^2) oluşturduğunu rapor etmişlerdir. 2, 3, 5, 6 ve 7 nolu ırkları dayanıklı çeşitlerdeki enfeksiyon durumlarına göre tanımlamışlardır. La Tallada, Gerona'dan gelen bir inokulum sadece Gala'da tipik hastalık belirtisi ve sporulasyon oluşturmasından dolayı 1 nolu ırk olarak değerlendirmişlerdir. Bu çalışmanın İspanya'daki *V. inaequalis* ırklarını tanımlayan ilk rapor olduğunu belirtmişlerdir.

Sandskar ve Liljeroth (2005), İsveç'de Alnarp, Kivik ve Ranna'daki elma bahçelerinden topladıkları 16 izolatı ırkların durumunu araştırmak amacıyla 13 adet ayırıcı elma çeşitlerini kullanarak test etmişlerdir. Ayırıcı çeşit ve tip olarak Gala, Golden Delicious, TSR34T15, Geneva, TSR33T139, 9-ART196, Prima, Florina, *Malus floribunda* 821, *M. pumila* R127.40.7A, *M. baccata jackii*, Generos ve Antonovka elma çeşitlerini kullanmışlardır. Çalışma sonucunda 5 nolu ırk hariç diğer ırkların (1-7) değişik yoğunluklarda varlığını tespit etmişlerdir.

Çizelge 2.1. *V. inaequalis*'in ırklarının tanılanmasında kullanılan ayırıcı elma çeşit/genotipleri ile patojenisiteleri (Parisi ve Lespinasse 1996, Benaouf ve Parisi 1997, 2000, Bus ve ark. 2005).

Çeşitler	Dayanıklılık geni	*Venturia inaequalis* ırkları*							
		1	2	3	4	5	6	7	8
Royal Gala	Yok	H	H	H	H	H	H	H	H
Dolgo	Yok	D	H	D	D	D	D	D	D
TSR34T132	Vh2	D	H	H	D	D	D	D	D
Geneva	Ismi yok	D	H	H	D	D	D	D	D
TSR33T239	*Vh*4	D	D	D	H	D	D	D	D
9-AR2T196	*Vm*	D	D	D	D	H	D	D	D
Florina	*Vf* ve *Vg*	D	D	D	D	D	H	D	-
M. floribunda 821	*Vf*	D	D	D	D	D	D	H	D
Golden Delicious	*Vg*	H	H	H	H	H	H	D	H
M. sieversii W 193B	*Vh*8	D	H	-	-	-	-	-	H

*D= Dayanıklı, H= Hassas

Çizelge 2.1'de Araştırıcıların yaptıkları çalışmalara göre fizyolojik ırkları özetlersek; 1 nolu ırk yaygın olarak ABD ve diğer ülkelerde bulunmuş, 2 nolu ırk ise Dolgo, Rus çeşidi R12740-7A ve Geneva elma çeşitlerinde yaptığı enfeksiyona göre tanımlanmıştır. 3 nolu ırk, Geneva çeşidinde yaptığı enfeksiyona göre belirlenmiş ve orijin olarak 2 nolu ırk ile aynı olduğu düşünülmüştür. 4 nolu ırk, *M. pumila* R12740-7A'da ABD'de tanımlanmıştır. Yine aynı yerde *M.micromalus* ve *M. atrosanguinea* çeşitlerinde nokta tip reaksiyon vermesiyle 5 nolu ırk tanımlanmıştır. Aynı çalışmalar İngiltere'de yapılmış, *M. micromalus*'un bazı tiplerinde sporulasyon oluşmuştur. Almanya'nın Ahrensburg şehrinde *Vf* dayanıklılık genini taşıyan Prima elma çeşidinde görülen enfeksiyona göre de 6 nolu ırk tanımlanmıştır. Fakat aynı izolat ile yapılan çalışmalarda *M. floribunda* 821 klonunda enfeksiyon oluşmamıştır. Aynı şekilde Granny Smith ve *Vbj, Vr* ve *Va* genlerini taşıyan elma çeşitlerinde hastalık meydana getiremediği rapor edilmiştir. 7 nolu ırk ya da İngiliz ırkı, *M. floribunda* 821 klonunda ve *Vf* geni taşıyan bazı elma çeşitlerinde hastalık meydana getirmiş ve ikinci bir dominant genin varlığı (*Vfh*) düşünülmüştür. 7 nolu ırk Golden Delicious elma çeşidinde hastalık oluşturamamış ve bunun sonucunda bu elma çeşidinde *Vg* dayanıklılık geni tespit edilmiştir. 8 nolu ırk, *M. sieversii* W193B (*Vh8*) çeşidinde yaptığı enfeksiyona göre (Yıldız şeklinde; stellate necrotic) tanımlanmıştır.

Tiirma ve ark. (2006), yaptıkları bir çalışmada, Estonya'da 102 elma çeşidinde 2002, 2003 ve 2005 yıllarında elma kara lekesi hastalığına karşı doğal inokulasyon şartlarında reaksiyon seviyelerini araştırmışlardır. Çeşitlerin yaklaşık %30'unu dayanıklı olarak tespit etmişlerdir. *Vm* dayanıklılık kaynağı olarak Chistotel, Orlovim, Orlovskij Pioner, Pamjat Isajeva, Pervinka ve Slavyanin çeşitleri belirlenirken, *Vf*

dayanıklılık kaynağı olarak da Imrus, Liberty ve Freedom çeşitlerini tespit etmişlerdir. Borovinka Ananasnaya, Pirja, Maikki, Mantet ve Red Atlas çeşitleri de hassas olarak bulunmuştur.

Guerin ve ark. (2007), *Venturia inaequalis*'in yeni virülent strainlerinin kökeni ve kolonizasyonunu açıklamak için; 300 km'lik alan içinde kurulu karışık çeşitlerden oluşan toplamda 7 bahçeden 481 adet izolat toplamışlardır. Karışık bahçeler, *Vf-geni (Vfcv* populasyonu) ve *Vf geni* olmayan çeşitler *(nVfcv* populasyonu)'den oluşmuştur. 9 SSR markırı ile yaptıkları çalışmada, *Vfcv* populasyonu yüksek derecede farklı ise de *nVfcv* ile yakın ilişkili bulunmuştur. Çalışmalardaki testler, *Vfcv* populasyonu herhangibir *nVfcv* populasyonundan daha önce var olmadığını, ortak kökenden geldiklerini ortaya çıkarmıştır. *Vfcv* populasyonunun kendi içinde düşük bir farklılığa sahip olmasına rağmen, 2 populasyon arasındaki yalıtımdan dolayı kuvvetli bir şekilde *nVfcv* populasyonundan birkaç yılda farklılaştığını bulmuşlardır.

Schenato ve ark. (2008), Güney Brezilya'da *V. inaequalis* in ırklarını belirlemek amacıyla yaptıkları çalışmada, elma çeşitleri ve toplanmış yapraklar üzerinde 2.5 $x10^5$ spor/ml yoğunluğundaki spor süspansiyonunu püskürterek ya da damla yöntemi ile inoküle ederek çalışmayı yapmışlardır. Bu iş için 2005 yılında Rio Grande do Sul'dan 4 ve Santa Catarina'dan 5 izolat toplayarak toplamda 9 izolat kullanılmışlardır. İnokulasyondan sonra bitkiler karanlık ortamda 16-20 ºC'de, %90-100 nemde, 48 saat tutulduktan sonra sera ortamına almışlardır. Püskürtülen yaprakları ise su agarda karanlık ortamda 17ºC'de, 48 saat süreyle bekletmişlerdir. Sonra yaprakları ve tek damla yöntemi ile inoküle edilmiş yapraklarla birlikte 18 saat ışıklı ortamda 19ºC'de kurutmuşlardır. İnokulasyondan 20 gün sonra değerlendirdiklerinde, belirtilere göre 9 izolatın 1 nolu ırk olduğunu tespit etmişlerdir. Damla metodu ile yapılan uygulama haricinde, püskürtülerek yapılan işlemde yapraklarda da aynı belirtileri gözlemlemişlerdir. Bu çalışmanın Güney Amerika'da 1 nolu ırkın varlığını ortaya koyan ilk rapor olduğunu belirtmişlerdir.

Kaymak ve ark. (2008), 2005–2006 yıllarında Eğirdir Bahçe Kültürleri Araştırma Enstitüsü'nde MM 106 anacı üzerine aşılı 51 adet elma çeşidini doğal inokulasyon koşullarında elma kara lekesi hastalığına karşı dayanıklılık açısından test etmişler ve Cooper 4, Cooper 900, Mutsu ve Red Chief elma çeşitleri yüksek hassas, Astramel, Beacon, Cooper 39, Cooper 41, Cooper 42, Juliet (Cooper 43), Cooper 44, Enterprise, JerseyMac, Jonafree, Jonathan, Kaşel 41, Kaşel 37, Mantet, Priam, Prima,

Priscilla, Pilot ve Red Free elma çeşitlerini ise hastalığa dayanıklı olduklarını belirlemişlerdir.

Soriano ve ark. (2009), Hollanda'da elma ıslah programı sonucunda 1980-015-25 elma tipini seleksiyonla seçmişler ve *Vd3* dayanıklılık genini taşıdığını rapor etmişlerdir. Bu genle birlikte aynı zamanda *Vf* ve V25 genlerini de taşıdığını, *Vd3* genini 1. bağlı grup (linkage) üzerinde 1 cM mesafede haritalamayı başarmışlardır. Bu genin *Vf* ve *Vg* genlerine karşı yüksek oranda virülent olan EU-NL-24 strainine (7 nolu ırk) karşı dayanıklı olduğunu rapor etmişlerdir.

Kaymak ve ark. (2011), Eğirdir'de elma gen kaynaklarında bulunan kara lekeye dayanıklılık durumlarına göre 83 elma çeşit ve tipleri seçerek, elma kara lekesi hastalığına dayanıklılıkta rolü olduğu bilinen 10 farklı dayanıklılık geninin varlığı, bu genlerle bağlı olduğu bilinen moleküler markırlar kullanılarak taramışlardır. Bu markırlar arasında *Vbj* geni ile bağlı olan 1 RAPD, 1 SCAR ve 1 SSR markırı, *Vh4* geni ile bağlı olan 1 SSR ve 1 SCAR markırı, *Vh2/Vh8* geni ile bağlı olan 1 SCAR markırı, *Vf* geni ile bağlı olan 3 SCAR ve 1 SSR markırı, *Vm* geni ile bağlı olan 1 SSR ve 1 SCAR markırları, *Vb* geni ile bağlı olan 2 SSR ve 1 RAPD markırları ve *Vg* geni ile bağlı olan 1 SSR markırı yer almaktadır. Yapılan analizler sonucunda 76 çeşitte kara lekeye dayanıklılık genlerinden en az birinin olduğu, bazı çeşit ve tiplerde ise birden fazla dayanıklılık geninin bulunduğunu belirtmişlerdir. Yaptıkları çalışmalara göre; *Vh2/Vh8* geni ile 28, *Vh4* geni ile 24, *Vbj* geni ile 20, *Vb* geni ile 13, *Vf* geni ile ilgili 10, *Vm* geni ile 6, *Vr2* ve *Vg* genleri ile ilgili olarak 3 elma çeşit ve tipinde elma kara lekesi hastalığına dayanıklılıkla ilişkili olarak genlerin varlığını tespit etmişlerdir.

Le Van ve ark. (2012), *Venturia inaequalis* patojeninin *M. sieversii, M.x domestica* ve *M. sylvestris* elma çeşit/tipleri üzerindeki hayat döngüsünü anlamak için çapraz patojenisite testleri yapmışlardır. Avrupa ve Asya'daki tarımsal uygulama yapılan alanlardan ve yabani ekosistemden topladıkları 40 izolatın, *M. sieversii* (GMAL 3619.b, PI 633797.d ve PI 633799.e), *M.x domestica* (Gala ve Top Red) ve *M. sylvestris (*X 9650, X 9651, X9653 ve X 9654) çeşit/tipleri üzerinde patojenisitesini araştırmışlardır. Asya yabani elmalarından *(M. sieversii)* toplanan izolatlar *M.xdomestica* çeşitlerinde hastalık oluşturmazken, sadece kendi konukçusunda hastalık meydana getirmiştir. Asya tarımsal ekosisteminden gelen izolatların hem *M.x domestica* hem de *M. sieversii* ebeveynlerinde yüksek oranlarda hastalık meydana getirirken, Avrupa yaban elmalarından (*M. sylvestris*) gelen izolatların ise, kendi endemik populasyona göre diğer elma türleri üzerinde daha az virülent olduğunu tespit

etmişlerdir. Elde ettikleri bulgulara göre izolatların konukçusuna has virülentlik kazandığını ve tarımsal uygulamaların hastalığın patojenisitesini arttırdığını vurgulamışlardır.

Araştırıcıların yaptıkları çalışmalara göre şimdiye kadar tespit edilen, elma kara lekesi hastalığı *(Venturia inaequalis)'*na karşı dayanıklı bulunan çeşitler ve dayanıklılık kaynakları Çizelge 2.2' de özetlenmiştir.

Çizelge 2.2. *Venturia inaequalis'*e karşı dayanıklılık genleri ve dayanıklılık kaynakları (Gessler ve ark., 2006; Bus ve ark., 2009; Bowen ve ark., 2011).

No	Dayanıklılık geni	Yeni ismi	Dayanıklılık genini taşıyan çeşit
1.	Va	Rvi10	Antonovka PI172623
2.	Vb	Rvi12	Hansen's baccata #2
3.	Vc	-	Cathay
4.	Vbj	Rvi11	*Malus baccata jackii*
5.	Vd	Rvi13	Durello di Forlí
6.	Vdg	Rvi9	J34 (Gala x Dolgo)
7.	Vf	Rvi6	*M. floribunda* 821
8.	Vfh	Rvi7	*M. floribunda* 821
9.	Vg	Rvi1	Golden Delicious
10.	Vh8	Rvi8	*M. sieversii* W193B
11.	Vj	-	Jonsib
12.	Vm	Rvi5	*M. micromalus* 245-38
13.	Vh2	Rvi2	Russian apple R12740-7A
14.	Vh3.1	Rvi3	Q71 (Geneva x Braeburn)
15.	Vr2	Rvi15	Russian apple R12740-7A
16.	Vh4	Rvi4	Russian apple R12740-7A
17.	-	Rvi14f	Dülmener Rosenapfel

Kaymak ve ark. (2012), Eğirdir'de elma gen kaynaklarında bulunan kara lekeye dayanıklılık durumlarına göre 17 elma çeşit ve tipinde birden fazla dayanıklılık geninin bulunduğunu belirtmişlerdir. Bu çeşit ve tiplerin listesi ile sahip olduğu dayanıklılık genleri Çizelge 2.3'de belirtilmiştir.

Çizelge 2.3. Birden fazla dayanıklılık geni ile bağlantılı bulunan çeşit/tipler ve dayanıklılık genleri

No	Çeşit/Tip adı	*Vbj*	*Vh4*	*Vf*	*Vh2/Vh8*	*Vm*	*Vb*
1.	Kalkan Delen	+				+	+
2.	60	+			+		
3.	21		+	+			
4.	Sinap			+	+		
5.	Coll. 22		+		+	+	
6.	4	+	+				
7.	25			+			+
8.	Şeker	+	+				
9.	41		+		+		
10.	Piraziz	+			+		
11.	15					+	+
12.	Laz elması				+		+
13.	180887(5-4)	+					+
14.	Süs elması		+			+	
15.	Malus spp.		+			+	+
16.	180887(5-1)			+	+		
17.	65		+		+		

3. MATERYAL VE YÖNTEM

Çalışmanın materyalini; Çizelge 3.1.'de gösterilen Isparta ilinden 67, Çizelge 3.2.'deki diğer illerden 39 ve 5 farklı ülkeden temin edilen 11 adet *Venturia inaequalis*'in tek spor izolatları ile birlikte, Juliet, Galaxy Gala, Golden Delicious, Granny Smith, Jonagold, Prima, Starking Delicious elma çeşitleri (Çizelge 3.9.) oluşturmuştur.

Çizelge 3.1. Isparta ilinden toplanan örneklerin listesi

No	Örnek No	No	Örnek No	No	Örnek No	No	Örnek No
1.	32A10go	18.	32EgP09st	35.	32EnTst1209st	52.	32GeM09st
2.	32A10st	19.	32EgT09go	36.	32EnTsT1309st	53.	32GeYK09st
3.	32ABB10st	20.	32EgT09st	37.	32EnTsT1409st	54.	32HO09st
4.	32ABS10st	21.	32EgT09st1	38.	32EnTsT209st	55.	32KBK10st
5.	32EgA09go	22.	32EgY09st	39.	32EnTsT309st	56.	32KO09st
6.	32EgA09st	23.	32EK09st	40.	32EnTsT409st	57.	32KV09st
7.	32EgAKK09st	24.	32EKs09st	41.	32EnTsT509st	58.	32Pe09st
8.	32EgB09st	25.	32En10st	42.	32EnTsT609st	59.	32SB09st
9.	32EgB09st2	26.	32EnGK09a	43.	32EnTsT709st	60.	32SDU09st
10.	32EgC09go	27.	32EnGK09gr	44.	32EnTsT809st	61.	32SeG09st
11.	32EgC09gr	28.	32EnKA09st	45.	32EnTsT909st	62.	32SK10go
12.	32EgG09go	29.	32EnOr09go	46.	32EnTsTKo09st	63.	32SK10gr
13.	32EgG09st	30.	32EnOr09gr	47.	32ESp09st	64.	32SK10st
14.	32EgHR09st	31.	32EnOr09st	48.	32GD09st	65.	32UB10st
15.	32EgK09go	32.	32EnTsT1009st	49.	32GeBa09go	66.	32YaÇ09st
16.	32EgK09st2	33.	32EnTsT109st	50.	32GeBag09st	67.	32YB09st
17.	32EgKB09st	34.	32EnTsT1109st	51.	32GeK10st		

Çizelge 3.2. Avrupa ve Türkiye illerinden toplanan örneklerin listesi

No	Örnek No	No	Örnek No	No	Örnek No
1.	03D09st	18.	26MhlS10st	35.	59M09go
2.	05M09a1	19.	33M09st	36.	59M09st
3.	05M09a2	20.	33M10an	37.	60M09st
4.	07El09st	21.	33Mut09st	38.	70M09st
5.	07El10st	22.	38Y10st	39.	77AE10st
6.	17Bı09st	23.	38YS09st	40.	AlKln10kr (Almanya/Köln)
7.	17BI09st	24.	42BS09st	41.	BelAE10kr (Belçika/Araşt. Enst.)
8.	17L09ga	25.	42BS10st	42.	BelBrM10kr(Belçika/Brüksel)
9.	17Lap09st	26.	42E10st	43.	BelBrO10kr(Belçika/Oaslt)
10.	17MS09st	27.	43To09br	44.	BelGe10kr(Belçika/Gent)
11.	17Un09st	28.	43To09go	45.	BelLux10se(Belçika-Luxemburg)
12.	20COm09go	29.	43To09gr	46.	Bos210kr (Bosna/Universite)
13.	20Om09st	30.	43To09st	47.	Bos310kr(Bosna/Universite)
14.	20Om09st2	31.	48Ul09go	48.	Hol10kr (Hollanda)
15.	22Lb10pl	32.	50M09st	49.	HolRot10se (Hollanda/Roterdam)
16.	24CK10st	33.	53ID10kr	50.	LuxM10se(Luxemburg/Merkez)
17.	24M09a	34.	55M09a		

Örneklerin isimlendirilmesinde; İl plaka no/İlçe/Köy-Mahalle/Alınma tarihi/Konukçu çeşit sıralamasına dikkat edilerek kodlama yapılmıştır. Örneğin 32EgG09st nolu izolat; Isparta/Eğirdir/Gökdere/2009/Starking Delicious bilgilerini içermektedir.

3.1. Arazi Çalışmaları

Elma üretimi yapılan 22 il/ilçe ve köylerde yapılan sörveylerde, yeni kurulan genç bahçeler ile hastalıkla mücadelenin yapıldığı elma bahçelerinde hastalıklı yapraklardan örnekler toplanmıştır. Sörveyler, Nisan ve Haziran aylarında hastalığın aktif olarak görüldüğü zamanlarda yapılmıştır. Alınan yaprak örnekleri kilitli poşetlere konularak kuru buzun içerisinde en kısa sürede laboratuvara getirilmiştir.

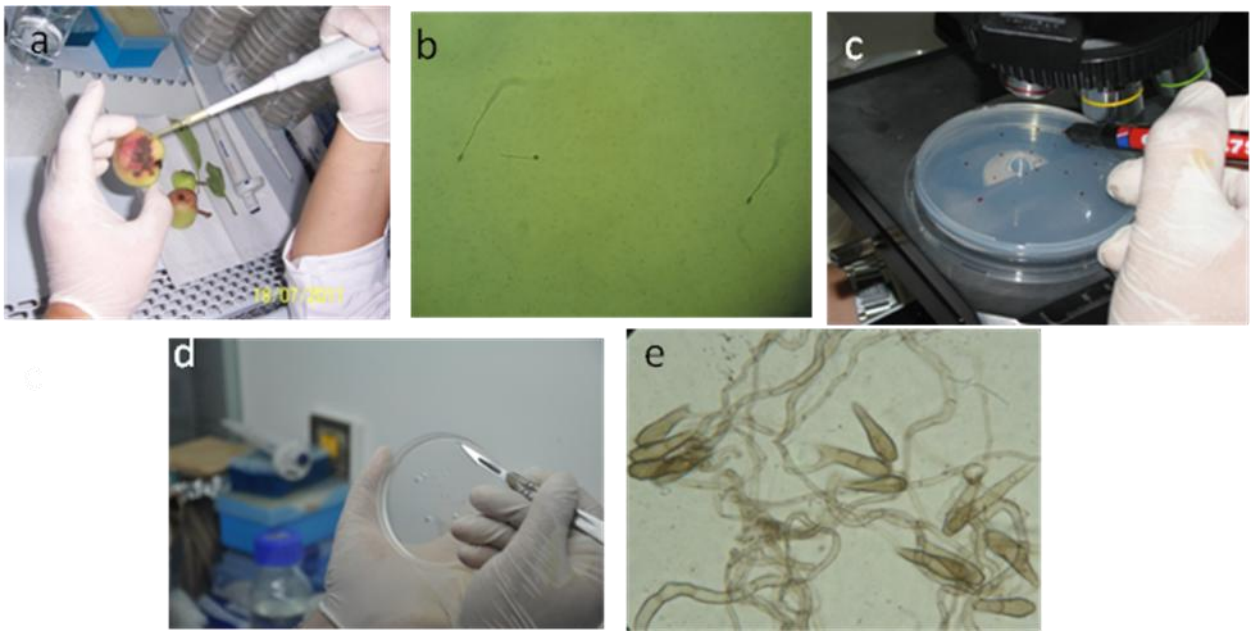
Venturia inaequalis izolatlarını elde etmek için elma yaprak örneklerinin toplandığı iller ve örnek sayıları Çizelge 3.3.'de verilmiştir.

Çizelge 3.3. İllere ve konukçusuna göre toplanan hastalıklı yaprak örnekleri ve sayıları

No	İl	Yer	Top.Ör.Sayısı	Top.Çeşit Sayısı
1	Afyon	Dinar	1	Starking Delicious
2	Amasya	Merkez	2	Amasya
3	Antalya	Elmalı	2	Starking Delicious, Golden Delicious
4	Burdur	Çavdır	1	Starking Delicious
5	Çanakkale	Merkez, Bayramiç, Lapseki, Biga	7	Starking Delicious, Gala
6	Denizli	Çivril, Ömerli, İnceköy	4	Starking Delicious, Golden Delicious
7	Edirne	Lüleburgaz	1	Fuji, Pink lady
8	Erzincan	Merkez	1	Amasya
9	Eskişehir	Mihalıççık	1	Starking Delicious
10	Isparta	Tüm İlçe ve Köy	67	Amasya, Starking Delicious, Golden Delicious, Granny Smith
11	Karaman	Merkez	2	Starking Delicious
12	Kayseri	Yenimahalle	2	Starking Delicious
13	Kütahya	Merkez, Aslanapa	4	Breaburn, Starking Delicious, Golden Delicious, Granny Smith
14	Konya	Beyşehir	1	Starking Delicious
15	Mersin	Mut, Gülnar	1	Starking Delicious, Golden Delicious
16	Muğla	Ula	1	Golden Delicious
17	Nevşehir	Merkez	2	Starking Delicious
18	Rize	İkizdere	1	Laz elması
19	Samsun	Merkez	1	Amasya
20	Tekirdağ	Merkez	2	Starking Delicious, Golden Delicious
21	Tokat	Merkez, Turhal	1	Starking Delicious, Golden Delicious
22	Yalova	Merkez	1	Melrose

3.2. Etmenin İzolasyonu

Elma kara lekesi etmeni *Venturia inaequalis* izolatları farklı yaş ve çeşitteki elma bahçelerinden tek spor olarak izole edilmiştir. Patojen izolasyonu için, yapraklar üzerindeki primer lezyonların bulunduğu alanlardan, steril distile su ile yıkanan sporlarla $15x10^3$ spor/ml yoğunluğundaki spor süspansiyonu hazırlanmıştır. Hazırlanan buspor süspansiyonundan 5µl alın sporlar %1.2 agar, %1.5 malt ekstrakt ve terramycin 25 µg/ml bulunan agar ortamı üzerinde kültüre alınmıştır. 20°C'de 24 saat inkübe edilen kültürlerde mikroskopla çimlendiği tespit edilen konidiler Patates Dekstroz Agar (PDA) ortamına aktarılmışlardır (Şekil 3.1) (Sierotzki ve ark., 1994).



Şekil 3.1. *Venturia inaequalis* izolatlarından tek spor izolasyonu işlemi; a) primer lezyonlardan steril distile su ile spor süspansiyonun hazırlanışı, b-c) çimlenen konidisporların mikroskopta tespiti ve işaretlenmesi d) PDA ortamına aktarılması e) gelişen misel ve konidisporlar

3.3. *Venturia inaequalis* İzolatlarından DNA İzolasyonları

DNA izolasyonu, genomik QIAGEN® DNA ekstraksiyon kiti (OIGEN, Roche) kullanılarak üretici firmanın önerileri doğrultusunda yapılmıştır. Yapılan genomik DNA izolasyonu aşağıda gibi yapılmıştır:



Şekil 3.2. *Venturia inaequalis* izolatlarından DNA izolasyonu; a) koloninin alınması, b) sıvı azot bulunan steril havana konulması, c) ezilerek toz haline getirilmesi, d) toz haline gelen örnekten 100 mg ependorf tüpüne aktarılması

- PDA ortamı üzerinde kültüre alınan, belli bir çapa ulaşmış koloniler dikkatli bir şekilde 2-3 cm çapında kesilerek/kazınarak steril havan içerisinde sıvı azot yardımıyla ezilmiştir.
- Toz haline gelen örneklerden 100 mg kadar alınıp 1,5 ml'lik santrifüj tüplere aktarılmıştır (Şekil 3.2). Sonra üzerine 400 µl Buffer AP1 ve 4 µl RNase solüsyonu eklenerek vorteks yardımıyla homejenizasyonu sağlanmıştır.
- Elde edilen bu karışım 50 dakika süreyle 65^{o}C'de inkübasyona tabii tutulmuştur. Bu işlem esnasında tüpler her 5 dakikada bir çalkalanmıştır.
- Daha sonra üzerine 130 µl Buffer AP2 eklenerek karıştırılmıştır. Bu işlemin ardından örnekler 5 dakika süreyle buz üzerinde bekletilmiştir. Buz üzerinden alınan örnekler oda sıcaklığında 14000 rpm'de 10 dakika santrifüj edilmiştir.
- Santrifüj sonrasında homejenat Qiashared spin kolonuna aktarılarak kolon 2 ml'lik toplama tüpüne yerleştirilmiştir. Tüpte 2 dakika 14000 rpm'de santrifüj edilmiştir. Yaklaşık olarak elde edilen 450 µl'lik sıvı kısım oluşan pellete karıştırılmadan yeni bir ependorf tüpüne aktarıldıktan sonra üzerine 1,5 hacim (675 µl) Buffer AP3 eklenip pipetle iyice karıştırılmıştır.

- Elde edilen karışımdan 650 µl'lik kısım 2 ml'lik toplama tüpüne yerleştirilen DNAeasy mini spin kolonuna aktarılıp, 1 dakika 8000 rpm'de santrifüj edildikten sonra sıvı kısım atılmıştır. Kolona karışımdan kalan kısım eklenip, 1 dakika daha 8000 rpm'de santrifüj edildikten sonra sıvı kısım ile toplama tüpü atılmıştır.
- Kolon yeni bir toplama tüpüne konulup 500 µl AW Buffer eklenerek 1 dakika 8000 rpm'de santrifüj edilmiştir. Santrifüjden sonra elde edilen sıvı kısım uzaklaştırılarak kolona tekrar 500 µl AW Buffer eklenerek 2 dakika 14000 rpm'de santrifüj edilmiştir.
- Kolonlar bir kerede boş olarak 14000 rpm hızda 1 dakika süreyle santrifüjde çevrilerek kolon kurulanmıştır. Kolon toplama tüpünden yavaşça çıkarılıp sıvı kısım atılmıştır.
- Kolon 1,5 ml'lik santrifüj tüpüne yerleştirilerek, üzerine önceden ısıtılmış (65^{o}C) 50 µl Buffer AE direk olarak membran üzerine eklenmiştir, 5 dakika oda sıcaklığında bekletilip, 1 dakika 8000 rpm'de santrifüj edilmiştir. 50 µl Buffer AE eklenip ve oda sıcaklığında 5 dakika bekletilmiştir. Kolon tekrar 1 dakika 8000 rpm'de santrifüj edilmesiyle DNA izalosyonu gerçekleşmiştir.

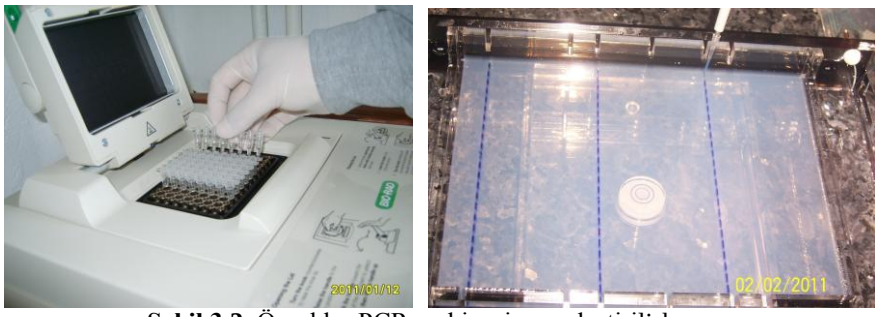
Elde edilen ürünlerin DNA miktarları spektrofotometre ve agaroz jel elektroforeziye tabi tutularak kalite ve miktar kontrolleri yapılmış, ayrıca izole edilen DNA'ların kalitesi ve konsantrasyonunu belirlemek için 10µl'lik DNA örnekleri % 0,8'lik agaroz jelde 100 V'da 45 dk yürütülmüştür. Kontrol olarak, konsantrasyonları bilinen λ DNA'sı (25 ng, 50 ng, 100 ng, 200 ng) kullanılmıştır.

DNA örnekleri analizler yapılıncaya kadar –20 ^{0}C'de muhafaza edilmiştir. Örneklerin RAPD, ISSR, SSR ve SRAP markırları kullanılarak analizlerine devam edilmiştir.

3.4. PCR Analizleri

RAPD, ISSR ve SRAP markırlarının çoğaltılması için 1X PCR tampon solüsyonu (50 mM KCl, 10mM Tris HCl 25 °C pH 9.0, 1%Triton X-100), 2.5 mM MgCl2, 0.2 mM dNTP, 0.8 µM primer/primerleri ve 1.25 U Taq DNA polimeraz (Takara Ex Taq) enzimine 17.25 µl steril saf su eklenerek her bir örnek için 24 µl'lik

PCR karışımı hazırlanmıştır. Hazırlanan bu karışıma her bir örnek için 30-50 ng (1 µl) DNA eklenerek PCR karışımı 25 µl'ye tamamlanmıştır. Hedeflenen DNA'ların çoğaltımı için hazırlanan PCR karışımı PCR cihazına (BioRad, C1000 Thermal Cycler USA) konularak genlerinin çoğaltılması yapılmıştır (Şekil 3.3.). Farklı PCR reaksiyonlarından elde edilen ürünler farklı konsantrasyonlarda ve farklı agarozlar kullanılarak hazırlanan agaroz jellerinde ve Tris borik asit EDTA (TBE) tampon solüsyonu içerisinde elektroforez yöntemiyle ayrıştırılmıştır. Daha sonra etidyum bromid ile boyanıp (0.5 mg/ml), ultraviyole ışık altında jel görüntüleme sisteminde (Gel Logic 200 Imaging System) görüntülenerek (Şekil 3.4.), polimorfik bantlar olup olmadığına bakılmıştır. Her jelde mutlaka DNA büyüklüğünü belirlemek amacıyla 100 bp Plus DNA Ladder (Fermentas), 0.3-2.0kb'lık bandlar dikkate alınmıştır.



Şekil 3.3. Örnekler PCR makinesine yerleştirilirken ve %2 agaroz jel elektroforezde yürütülürken



Şekil 3.4. Jel görüntüleme sistemi

3.4.1. PCR çalışmalarında kullanılan RAPD primerleri ve PCR döngüsü

Bu şekilde toplam 11 adet RAPD primeri (Çizelge 3.4)'de kullanılmış, bu primerlerle diğer tüm izolatlar taranmıştır (Meleunova ve ark., 2004; Tenzer ve Gessler, 1997).

Çizelge 3.4. Çalışmada kullanılan RAPD primerleri ve baz dizileri

Sıra no	Primer no	Baz dizini
1	OPG03	5'GAG CCC TCC A 3'
2	OPG05	5'CTG AGA CGG A 3'
3	OPG17	5'ACG ACC GAC A 3'
4	OPH04	5'GGA AGT CGC C3'
5	OPN11	5'TCG CCG CAA A 3'
6	M2	5'GCC ACA CAC A3'
7	RAPD1	5'ACG CAG GCA C3'
8	P49	5'GTA CCA GTG A3'
9	F04	5'GGT GAT CAG G3'
10	OPB08	5'GTC CAC ACG G3'
11	OPK14	5'CCC GCT ACA C3'

PCR döngü koşulları ise şu şekilde ayarlanmıştır;

94^{o}C, 3 dk, ön denaturasyon

94^{o}C, 20 sn, denaturasyon
36^{o}C, 45 sn, bağlanma } 35 döngü
72^{o}C, 1 dk, uzama

72^{o}C, 6 dk, son uzama

şeklinde yürütülmüştür.

PCR ürünleri %2'lik Agar (Sigma, Agorose) kullanılarak elekroforez yapılmış, jel görüntüleme işleminden sonra bantlar değerlendirilerek moleküler karakterizasyonları yapılmıştır.

3.4.2. PCR çalışmalarında kullanılan ISSR primerleri ve PCR döngüsü

ISSR analizleri için (Baysal ve ark., 2009) tarafından *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* ırklarının ayrımında kullanılan ve başarılı sonuçlar alınan 6 adet ISSR primerleri kullanılmıştır (Çizelge 3.5). PCR döngüleri yine aynı araştırmacıların bildirdiği ve aşağıda açıklandığı şekilde yapılmıştır.

Çizelge 3.5. Çalışmada kullanılan ISSR primerler ve baz dizilimleri

Sıra no	Primer no	Baz dizini
1	UBC880	5'GGA GAG GAG AGG AGA3'
2	UBC 885	5'BHB GAG AGA GAG AGA GA3'
3	UBC 886	5'VDV CTC TCT CTC TCT CT3'
4	UBC 887	5'DVD TCT CTC TCT CTC TC3'
5	UBC 888	5'BDB CAC ACA CAC ACA CA3'
6	UBC 890	5'VHV GTG TGT GTG TGT GT3'

PCR döngü koşulları ise şu şekilde ayarlanmıştır;

94°C, 4 dk, ön denaturasyon

94°C, 30 sn, denaturasyon
50°C, 45 sn, bağlanma } 36 döngü

72°C, 2 dk, uzama

72°C, 7 dk, son uzama

şeklinde yürütülmüştür.

PCR ürünleri % 1.5'lik Agar (Sigma Agorose) kullanılarak elekroforez yapılmış, jel görüntüleme işleminden sonra bantlar değerlendirilerek moleküler karakterizasyonları yapılmıştır.

3.4.3. PCR çalışmalarında kullanılan SSR primerleri ve PCR döngüsü

SSR analizlerinde, Tenzer ve ark. (1999), tarafından *V. inaequalis'i*n genetik çeşitliliğini belirlemek için kullandıkları ve başarılı sonuçlar aldıkları 7 SSR primer çifti kullanılmıştır. PCR döngüleri yine aynı araştırmacıların bildirdiği ve aşağıda açıklandığı şekilde yapılmıştır (Çizelge 3.6.).

Çizelge 3.6. Çalışmada kullanılan SSR Primer çiftleri ve baz dizilimleri

Sıra no	Primer no	İleri baz dizini
1	1tc1a F	5'TCGAGATCCTCAAACTTCCTT3'
	1tc1a R	5'TTTTAACTGTGCGGCCTG3'
2	1tc1b F	5'CGATTGGGGATATGAAGACTT3'
	1tc1b R	5'TTAGTAATCAAATCGCACCCA3'
3	1tc1g F	5'TCACTCAACAATACAGTTTCTTACG3'
	1tc1g R	5'TTTCACGGTAGCGATAGGAG3'
4	1aac3b F	5'AGCGCTAGGTCGTGAAATC3'
	1aac3 R	5'TTTCTGAAGTGTGTGGGACAT3'
5	1aac4b F	5'GGTGAGGAGGGAGACGAG3'
	1aac4b R	5'CATCACGCCCCTATCAAAC3'
6	1aac4f F	5'CTTGACAGACCACAGCGAC3'
	1aac4f R	5'CTGACTGAGAGTGGCATCG3'
7	1aac4h F	5'TCGTTCATCGTTCGTTTTTTCG3'
	1aac4h R	5'AATAGTGCGTACCCATATATCCA3'

F:Forward (ileri), R: Reverse (geri)

Toplam hacim 20 µl olacak şekilde, AccuPower HotStart PCR PreMix (Bioneer) hazır karışım kullanılmıştır. Buna göre; 20 ng Template DNA, 1U Hotstart DNA polimeraz enzimi, 250 µM dNTP, 0.2 µM primer, 1X PCR buffer ve H_2O su kullanılarak PCR bileşenleri hazırlanmıştır. PCR döngüsü ise,

94^oC, 3 dk, ön denaturasyon
94^oC, 40 sn, denaturasyon
58^oC, 40 sn, bağlanma } 33 döngü
72^oC, 1 dk, uzama
72^oC, 10 dk, son uzama
şeklinde yürütülmüştür.

PCR ürünleri %2'lik yüksek çözünürlü agar (High Resolution LONZA Metaphor Agorose) kullanılarak elekroforez yapılmış, jel görüntüleme işleminden sonra bantlar değerlendirilerek moleküler karakterizasyonları yapılmıştır.

3.4.4. PCR çalışmalarında kullanılan SRAP primerleri ve PCR döngüsü

SRAP analizleri için Uzun ve ark. (2009)'nın turunçgillerde kullanmış olduğu ve aşağıda listesi verilen (Çizelge 3.7 ve Çizelge 3.8) 13 adet ileri ve 16 adet geri olmak üzere toplam 29 primerden oluşan 208 primer kombinasyonu test edilmiş ve belirlenen 14 adet primer kombinasyonu bu çalışmadaki materyaller için kullanılmıştır.

Çizelge 3.7. Çalışmada test edilen ileri (forward) SRAP primerleri ve baz dizileri

Sıra no	Primer	Baz dizini
1	Me1	5'TGA GTC CAA ACC GGA TA3'
2	Me2	5'TGA GTC CAA ACC GGA GC3'
3	Me3	5'TGA GTC CAA ACC GGA AT3'
4	Me4	5'TGA GTC CAA ACC GGA CC3'
5	Me5	5'TGA GTC CAA ACC GGA AG3'
6	Me6	5'TGA GTC CAA ACC GGA CA3'
7	Me7	5'TGA GTC CAA ACC GGA CG3'
8	Me8	5'TGA GTC CAA ACC GGA CT3'
9	Me9	5'TGA GTC CAA ACC GGA GG3'
10	Me10	5'TGA GTC CAA ACC GGA AA3'
11	Me11	5'TGA GTC CAA ACC GGA AC3'
12	Me12	5'TGA GTC CAA ACC GGA GA3'
13	Me13	5'TGA GTC CAA ACC GGA AG3'

Çizelge 3.8. Çalışmada test edilen geri (reverse) SRAP primerleri ve baz dizileri

Sıra no	Primer	Baz dizini
1	Em1	5'GAC TGC GTA CGA ATT AAT3'
2	Em2	5'GAC TGC GTA CGA ATT TGC3'
3	Em3	5'GAC TGC GTA CGA ATT GAC3'
4	Em4	5'GAC TGC GTA CGA ATT TGA3'
5	Em5	5'GAC TGC GTA CGA ATT AAC3'
6	Em6	5'GAC TGC GTA CGA ATT GCA3'
7	Em7	5'GAC TGC GTA CGA ATT CAA3'
8	Em8	5'GAC TGC GTA CGA ATT CAC3'
9	Em9	5'GAC TGC GTA CGA ATT CAG3'
10	Em10	5'GAC TGC GTA CGA ATT CAT3'
11	Em11	5'GAC TGC GTA CGA ATT CTA3'
12	Em12	5'GAC TGC GTA CGA ATT CTC3'
13	Em13	5'GAC TGC GTA CGA ATT CTG3'
14	Em14	5'GAC TGC GTA CGA ATT CTT3'
15	Em15	5'GAC TGC GTA CGA ATT GAT3'
16	Em16	5'GAC TGC GTA CGA ATT GTC3'

PCR solüsyonu ve PCR döngüsü Uzun ve ark. (2009), kullandıkları aşağıdaki PCR döngüsüne göre yapılmıştır.

94^{o}C, 2 dk, ön denaturasyon

94^{o}C, 1 dk, denaturasyon
35^{o}C, 1 dk, bağlanma } 5 döngü
72^{o}C, 1 dk, uzama

94^{o}C, 1 dk, denaturasyon
50^{o}C, 1 dk, bağlanma } 35 döngü
72^{o}C, 1 dk, uzama

şeklinde yürütülmüştür.

PCR ürünleri %2'lik Agar (Sigma Agorose) kullanılarak elekroforez yapılmış, jel görüntüleme işleminden sonra bantlar değerlendirilerek moleküler karakterizasyonları yapılmıştır.

3.4.5. Veri analizleri, benzerlik indekslerinin ve dendrogramların oluşturulması,

V. inaequalis'in izolatları, Isparta grubu (67 izolat) ve Türkiye grubu (50 izolat) olmak üzere iki ayrı gruba ayrılarak PCR ve elektroforez işlemleri yapılmıstır.

Elde edilen jel görüntülerinde bantlar var (1) ve yok (0) seklinde skor edilerek bunların dosyaları oluşturulmuştur. Her primer kombinasyonu için toplam bant sayısı (TBS), polimorfik bant sayısı (PBS) ve polimorfizm oranları belirlenmiştir. Ayrıca bu

primerlerle ilgili olarak, polimorfizm bilgi içeriği (PBİ) aşağıdaki formüle göre hesaplanmıştır (Smith ve ark, 1997). Formüle göre fi = i bandının frekansıdır.

$PBİ = 1 - \Sigma fi^2$

Polimorfizm oranı aşağıdaki formül yardımıyla bulunmuştur.

Polimorfizm Oranı (%) = (Polimorfik Bant Sayısı / Toplam Bant Sayısı) X 100

Filogenetik İlişkilerin Belirlenmesi;

Elde edilen bu veriler NTSYS (Numerical Taxonomy Multivariate Analysis System, NTSYS-pc version 2.11, Exeter Software, Setauket, N.Y., USA, Rohlf, 2000) bilgisayar paket programında analiz edilmiştir. Benzerlik indeksleri Dice (1945) yöntemine göre hesaplanarak ve dendrogram UPGMA (Unweighted Pair-Group Method With Arithmetic Average) metoduna göre oluşturulmuştur. Tüm bu analizlerle çalışmada kullanılan kara leke izolatları arasındaki varyasyon ve benzerlik düzeyleri belirlenerek genetik yapının özellikleri ortaya konulmuştur.

3.5. *Venturia inaequalis* İzolatlarının Patojenisite Çalışmaları

Türkiye elma üretiminin yarısından fazlasının yapıldığı; Isparta (Eğirdir, Gelendost), Denizli (Çivril), Karaman (Merkez) ve Kayseri (Yahyalı) elma üretim alanlarından toplanan elma kara lekesi hastalığı ile bulaşık yapraklardan hazırlanan süspansiyonlarla izolatların patojenisitelerini belirlemek için M9 üzerine aşılı elma çeşitlerine inokülasyonlar yapılmıştır (Çizelge 3.9 ve Şekil 3.5.).

Çizelge 3.9. Bulaşık yapraklardan elde edilen *Venturia inaequalis*'in konidiosporları ile inoküle edilen elma çeşitleri

No	Çeşit ismi	Karakterizasyonu	Dayanıklılık geni
1	Galaxy Gala	Kara lekeye hassas	yok
2	Golden Delicios	Kara lekeye hassas	*Vg*
3	Granny Smith	Kara lekeye hassas	yok
4	Juliet	Kara lekeye dayanıklı	*Vf*
5	Prima	Kara lekeye dayanıklı	*Vf +Vg*
6	Starking Delicious	Kara lekeye hassas	yok
7	Jonagold	Kara lekeye hassas	yok



Şekil 3.5. Patojenisitede kullanılan M9 anacına aşılı elma çeşitleri ve tel sera

3.5.1. *Venturia inaequalis*'in inokülasyonu

Her bir bölgeyi temsil edecek şekilde konidiyal süspansiyonlar hazırlanmıştır. Hazırlanan konidiyal süspansiyonlardan 2.5×10^5 spor/ml yoğunluğunda inokülümler M9 anaçı üzerine aşılı kültürlere verilmiştir. İnkübasyon şartları 19 ºC'de, %100 nemde 24 saat olacak (10/14 saat ışık/karanlık) şekilde ayarlanarak, bitki yaprakları üzerinde %100 nemin sabit olarak oluşması için fidanlar iki gün boyunca naylon poşet ile örtülmüşlerdir (Şekil 3.6). Makroskopik semptomlar 17 gün sonra 0-4 skalasına göre değerlendirilmiştir (Benaouf ve Parisi, 2000).

Buna göre;

0: enfeksiyon ve semptom belirtisi yok,

1: küçük, klorotik noktalar,

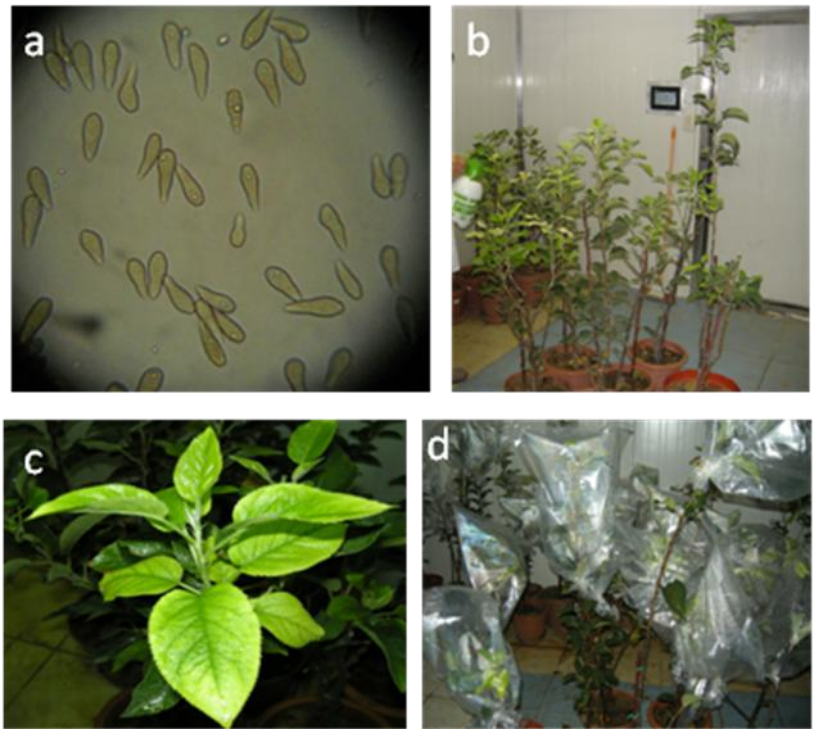
2: küçük, klorotik veya nokta şeklinde zayıf sporulasyon,

3: iyi sporulasyon fakat zayıf klorotik lezyon,

4: Açıkça ve kuvvetli sporulasyon olan lezyon,

şeklinde değerlendirme yapılmıştır.

Bütün istatistik analizler 5.0.1 JMP (SAS Institute Inc.) istatistik programında yapılmıştır.



Şekil 3.6. *Venturia inaequalis* izolatlarının patojenisite denemeleri; a) hastalıklı bitki örneklerinden elde edilen konidiospor süspansiyonu, b-c) *Venturia inaequalis* izolatlarıyla inoküle edilmiş bitkiler, d) inokülasyondan sonra naylon poşet ile örtülmesi

4. ARAŞTIRMA SONUÇLARI VE TARTIŞMA

4.1. Arazi Çalışmaları

Elma üretimi yapılan 22 il/ilçe ve köylerde yapılan sörveylerde (çizelge 3.1), taze örneklerden yapılan tek spor patojen izolasyonu geç dönemde alınan örneklere göre daha başarılı bulunmuştur. Geç dönem alınan yapraklarda enfeksiyon bölgesinde maya ve saprofit kontaminasyonu daha çok oluşmakta, tek spor izolasyonu güçleşmektedir.

Toplamda 143 adet örnek toplanmış, taşınma ve toplanma esnasındaki kontaminasyonlardan dolayı sadece 117 örnekten başarılı bir şekilde tek spor izolasyonu yapılabilmiştir.

4.2. *Venturia inaequalis* izolatlarının DNA İzolasyonları

Venturia inaequalis izolatlarının DNA izolasyonları Doyle ve Doyle (1990)'nin yönteminden modifiye edilmiş CTAB protokolüne göre yapılmış fakat kaliteli DNA elde edilememiştir. Elde edilen ürünlerin DNA miktarları, spektrofotometre ile 260/280 nm absorbans değerlerinde ölçülmüş; absorbans değeri (A.D.) < 1.8 den küçük olarak belirlenerek protein kontaminasyonu oluştuğu tespit edilmiştir. İzolatla birlikte besi ortamınında ezilmesi, bu kirliliğin nedeni olarak düşünülmektedir. Bu nedenle yapılan PCR ve optimizasyon çalışmalarında sağlıklı sonuçlar elde edilememiştir.

Bu nedenle daha temiz DNA elde edilmesine olanak veren QIAGEN® DNA ekstraksiyon kiti (OIGEN, Roche) kullanılarak DNA izolasyonları üretici firmanın önerileri doğrultusunda yeniden gerçekleştirilmiştir. Spektrofotometre ile yapılan ölçümler neticesinde örnek temizliğini gösteren A.D. 1.8- 2.0 aralığındaki ideal oranlar elde edilmiştir.

4.2.1. *Venturia inaequalis* izolatlarının RAPD markırı ile yapılan analizler ve sonuçları

Çalışmalarda 11 adet RAPD primeri kullanılmıştır. PCR ürünleri %2'lik Agaroz jel (Sigma A5093 Agorose) kullanılarak elekroforez yapılmış, jel görüntüleme işleminden sonra bantlar değerlendirilerek moleküler karakterizasyonları yapılmıştır.

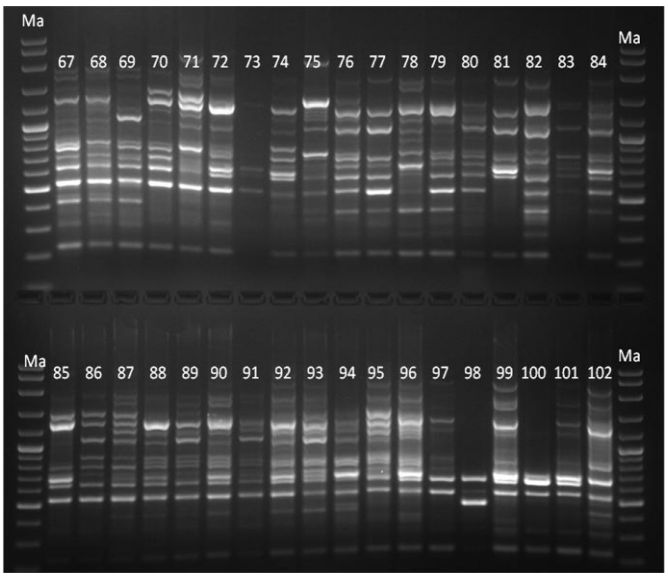
Venturia inaequalis izolatlarının RAPD analizlerinden elde edilen, Bant Uzunluk Aralıkları (bp), Toplam Bant Sayısı (TBS), Polimorfik Bant Sayısı (PBS),

Polimorfizm Oranı (PO) ve Polimorfizm Bilgi İçeriği (PBİ) değerleri Çizelge 4.1'de verilmiştir.

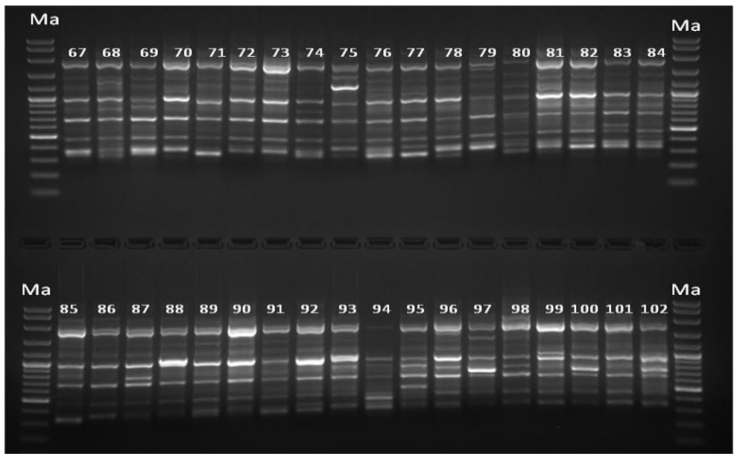
Çizelge 4.1. Çalışmada kullanılan *Venturia inaequalis* izolatlarına ait RAPD primerleri için Bant Uzunluk Aralıkları (bp), Toplam Bant Sayısı (TBS), Polimorfik Bant Sayısı (PBS), Polimorfizm Oranı (PO) ve Polimorfizm Bilgi İçeriği (PBİ) değerleri

RAPD Primer	Bant Uzunluk Aralıkları (bp)	TBS	PBS	PO(%)	PBİ
OPK14	550-1250	5	2	40	0.39
OPBO8	300-800	5	4	80	0.38
OPG03	200-1250	7	4	57	0.41
OPG05	330-1250	8	6	75	0.51
OPG17	400-1100	7	5	71	0.41
OPH04	500-1050	4	2	50	0.21
OPN11	600-1200	6	5	83	0.45
M2	300-1100	8	7	88	0.51
RAPD1	400-1100	5	2	40	0.33
P49	250-800	6	4	67	0.45
F04	500-1100	4	2	50	0.45
TOPLAM		65	43	66	27.48
ORTALAMA		5.9	3.9	66	0.42

Primer başına ortalama bant sayısı 5.9, ortalama polimorfik bant sayısı ise 3.9 olarak belirlenmiştir. En fazla bant OPG05 ve M2 RAPD primerlerinde (8 adet) bulunmuştur. Polimorfik bant sayısı da en çok M2 primerinde (7 adet) elde edilmiş olup, polimorfizm oranı (% 88) olarak tespit edilmiştir. Polimorfizm Bilgi İçeriği değerleri ise en yüksek yine OPG05 ve M2 RAPD primerlerinde (0.51) bulunmuş, genel ortalama olarak da 0.42 olarak tespit edilmiştir. RAPD markırı ile yapılan analizlerde izolatlara ait elde edilen jel görüntüleri Şekil 4. 1 ve Şekil 4. 2'de verilmiştir.



Şekil 4.1. *Venturia inaequalis* izolatlarının M2 RAPD primerinden elde edilen jel görüntüsü, Ma:100bp DNA ladder



Şekil 4.2. *Venturia inaequalis* izolatlarının OPG05 RAPD primerinden elde edilen jel görüntüsü Ma:100bp DNA ladder

RAPD tekniğinde 6-10 nükleotid uzunluğundaki başlatıcı DNA'lar kullanılarak genom üzerinde rastgele bölgelerin DNA amplifikasyonu gerçekleştirilir. Reaksiyon şartlarının spesifik olmaması rastgele çoğaltıma izin verir. Yaygın olarak diğer PCR uygulamalarının aksine iki değil bir başlatıcı kullanılır (Yıldırım ve Kandemir, 2001).

4.2.2. *Venturia inaequalis* izolatlarının ISSR markırı ile yapılan analizleri ile elde edilen bulgular

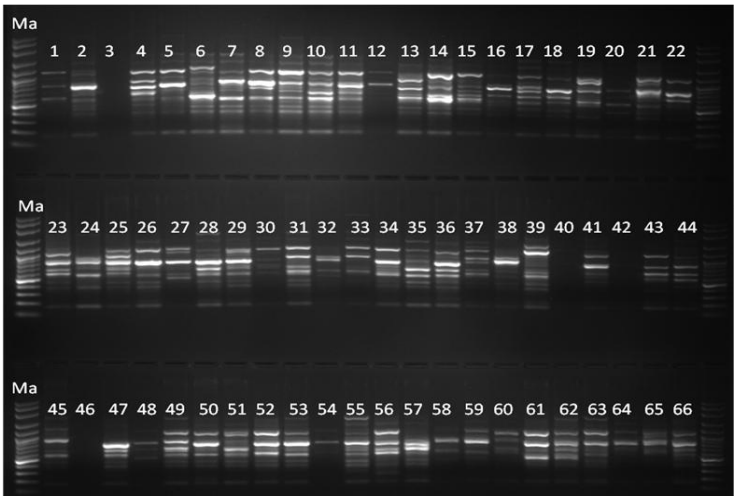
Çalışmalarda 6 adet ISSR primeri kullanılmıştır. PCR ürünleri %1.5'luk Agaroz jel kullanılarak elekroforez yapılmış, jel görüntüleme işleminden sonra bantlar değerlendirilerek benzerlik ilişkileri incelenmiştir.

Venturia inaequalis izolatlarının ISSR analizlerinden elde edilen, Bant Uzunluk Aralıkları (bp), Toplam Bant Sayısı (TBS), Polimorfik Bant Sayısı (PBS), Polimorfizm Oranı (PO) ve Polimorfizm Bilgi İçeriği (PBİ) değerleri Çizelge 4.2'de verilmiştir.

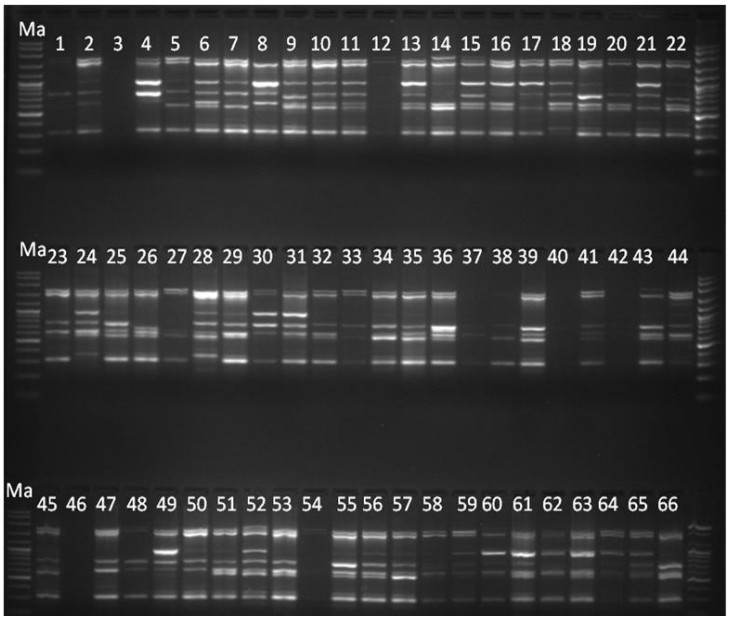
Çizelge 4.2. Çalışmada kullanılan *Venturia inaequalis* izolatlarına ait ISSR primerleri için Bant Uzunluk Aralıkları (bp), Toplam Bant Sayısı (TBS), Polimorfik Bant Sayısı (PBS), Polimorfizm Oranı (PO) ve Polimorfizm Bilgi İçeriği (PBİ) değerleri

ISSR Primer	Bant Uzunluk Aralıkları (bp)	TBS	PBS	PO(%)	PBİ
UBC 880	200-950	7	3	43	0.26
UBC 885	350-1000	8	7	88	0.44
UBC 886	300-1250	5	4	80	0.45
UBC 887	250-1100	6	5	83	0.47
UBC 888	300-1250	7	4	57	0.18
UBC 890	500-1000	4	2	50	0.41
TOPLAM		37	25	68	12.91
ORTALAMA		6.2	4.2	68	0.36

Primer başına ortalama bant sayısı 6.2, ortalama polimorfik bant sayısı ise 4.2 olarak belirlenmiştir. En fazla bant UBC 885 ISSR primerinde (8 adet) bulunmuş, polimorfik bant sayısı da en çok aynı primerde (7 adet) elde edilmiş olup, polimorfizm oranı (% 88) olarak tespit edilmiştir. Polimorfizm Bilgi İçeriği değerleri ise en yüksek UBC 887 ISSR primerinde (0.47) bulunmuş, genel ortalama olarak da 0.36 olarak tespit edilmiştir. En düşük Polimorfizm Bilgi İçeriği genel ortalaması ISSR markırı ile yapılan analizlerde elde edilmiş olup, izolatlara ait elde edilen jel görüntüleri Şekil 4.3 ve Şekil 4.4'de verilmiştir.



Şekil 4.3. *Venturia inaequalis* izolatlarının UBC 880 ISSR primerinden elde edilen jel görüntüsü Ma:100bp DNA ladder



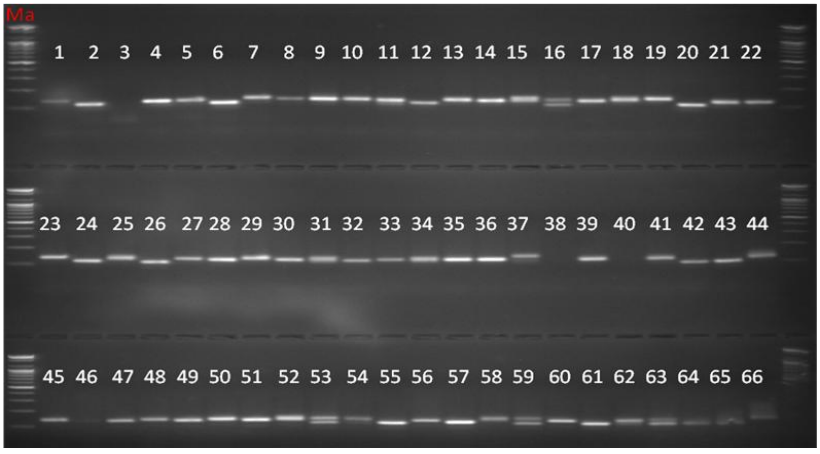
Şekil 4.4. *Venturia inaequalis* izolatlarının UBC 888 ISSR primerinden elde edilen jel görüntüsü Ma:100bp DNA ladder

4.2.3. *Venturia inaequalis* izolatlarının SSR markırı ile yapılan analizleri ile elde edilen bulgular

Çalışmalarda 6 adet SSR primer çifti kullanılmıştır. PCR ürünleri %2'lik yüksek çözünürlü Agar (LONZA Metaphor Agorase) kullanılarak elekroforez yapılmış, jel görüntüleme işleminden sonra bantlar değerlendirilerek moleküler karakterizasyonları yapılmıştır. *Venturia inaequalis* izolatlarının SSR analizlerinden elde edilen, Bant Uzunluk Aralıkları (bp), Toplam Bant Sayısı (TBS), Polimorfik Bant Sayısı (PBS), Polimorfizm Oranı (PO) ve Polimorfizm Bilgi İçeriği (PBİ) değerleri Çizelge 4.3'de verilmiştir.

Çizelge 4.3. Çalışmada kullanılan *Venturia inaequalis* izolatlarına ait SSR primer çifti için Bant Uzunluk Aralıkları (bp), Toplam Bant Sayısı (TBS), Polimorfik Bant Sayısı (PBS), Polimorfizm Oranı (PO) ve Polimorfizm Bilgi İçeriği (PBİ) değerleri

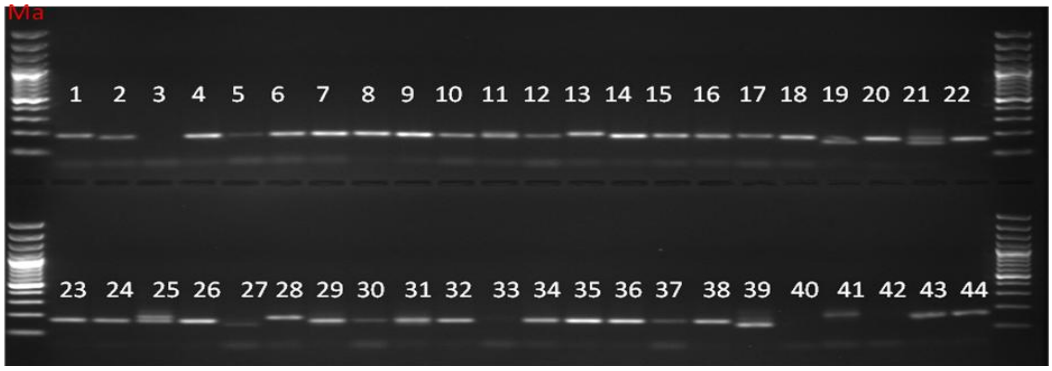
SSR Primer Çifti	Bant Uzunluk Aralıkları (bp)	TBS	PBS	PO(%)	PBİ
1tc1a	109-187	2	2	100	0.71
1tc1b	149-210	2	2	100	0.71
1tc1g	111-185	2	2	100	0.69
1aac3b	118-174	2	2	100	0.50
1aac4b	166-177	2	2	100	0.50
1aac4f	96-116	2	2	100	0.50
1aac4h	198-201	1	-	0	0
TOPLAM		13	12	600	7.24
ORTALAMA		1.9	1.7	86	0.56



Şekil 4.5. *Venturia inaequalis* izolatlarının 1tc1a SSR primer çiftinden elde edilen jel görüntüsü, Ma:100bp DNA ladder

SSR Primer çiftleri başına ortalama bant sayısı 1.9, ortalama polimorfik bant sayısı ise 1.7 olarak belirlenmiş, sadece 1aac4h primer çiftinde tek bant elde edilerek polimorfizm oranı (% 0) saptanmıştır. Polimorfizm Bilgi İçeriği değerleri ise en yüksek

1tc1a ve 1tc1b SSR primer çifttinde (0.71) bulunmuş, genel ortalama olarak da 0.56 olarak tespit edilmiştir. En yüksek Polimorfizm Bilgi İçeriği genel ortalaması SSR markırı ile yapılan analizlerde elde edilmiş olup, izolatlara ait elde edilen jel görüntüleri Şekil 4.5 ve Şekil 4.6'da verilmiştir.



Şekil 4.6. *Venturia inaequalis* izolatlarının 1tc1b SSR primer çiftinden elde edilen jel görüntüsü, Ma:100bp DNA ladder

SSR (Simple Sequence Repeat) veya mikrosatelitler ökaryotik genomlar boyunca dağılmış bulunan ve ardışık olarak tekrarlanan 2-6 nükleotid uzunluğunda dizilerden oluşmaktadır. Mikrosatelitleri çevreleyen DNA dizileri genellikle aynı türün bireyleri arasında korunmuş olduklarından dolayı farklı genotipte olan bireylerin seçimleri SSR analizleri ile mümkün olmaktadır. Genomda yer alan bu tekrarların varlığının ve dizilerinin belirlenmesi çok yakın tür ve çeşitler arasında bile polimorfizmin belirlenmesine imkân vermektedir (Yıldırım ve Kandemir, 2001).

4.2.4. *Venturia inaequalis* izolatlarının SRAP markırı ile yapılan analizleri ile elde edilen bulgular

Çalışmalarda 13 adet ileri ve 16 adet geri olmak üzere 29 adet SRAP primeri kullanılmıştır. PCR çalışmalarında bir ileri ve bir geri primer çifti birlikte kullanıldığından öncelikle toplam 208 adet primer kombinasyonu test edilmiştir. Bunun için rasgele seçilen 5 izolatın DNA'sı eşit oranlarda ependorf tüp içinde karıştırılmış, elde edilen bu DNA karışımı, optimizasyon çalışmalarında kullanılmıştır. Bu çalışmalarda iyi sonuç veren 14 adet primer kombinasyonu bütün örneklerin PCR çalışmalarında kullanılmıştır.

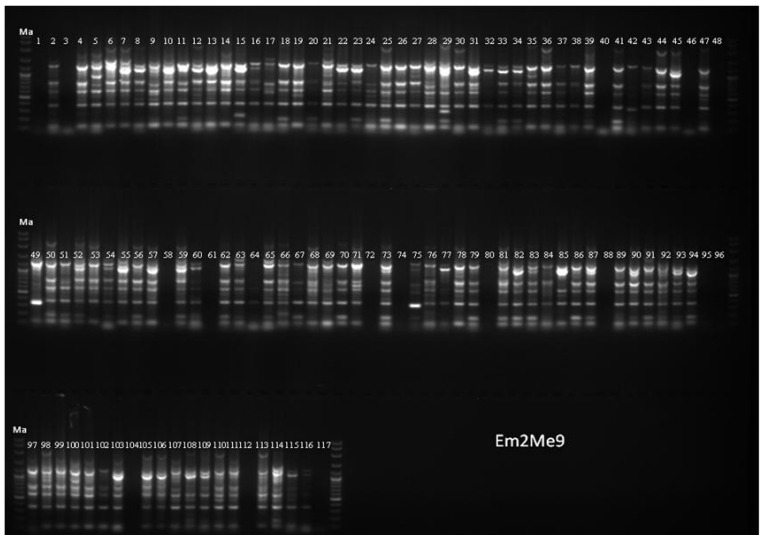
Çalışmada kullanılan kara leke izolatlarına ait, SRAP kombinasyonlarına ait primer çifti için Bant Uzunluk Aralıkları (bp), Toplam Bant Sayısı (TBS), Polimorfik

Bant Sayısı (PBS), Polimorfizm Oranı (PO) ve Polimorfizm Bilgi İçeriği (PBİ) değerleri Çizelge 4.4.'de verilmiştir.

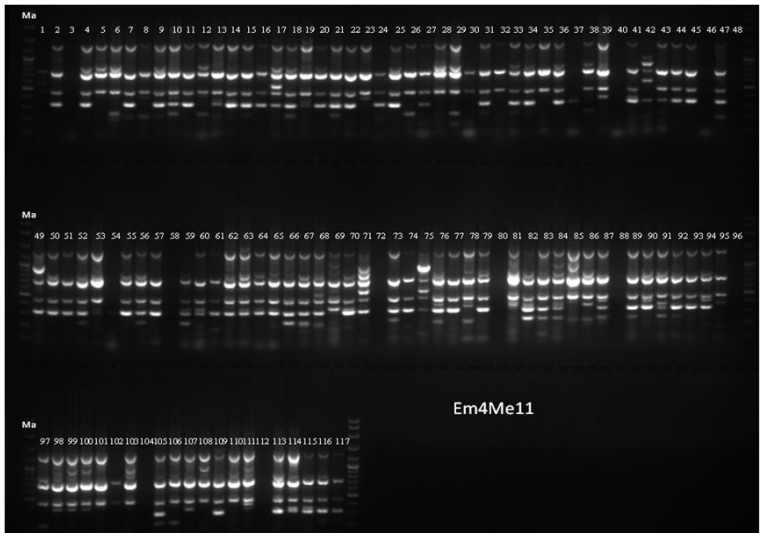
Çizelge 4.4. Çalışmada kullanılan *Venturia inaequalis* izolatlarına ait SRAP primerleri için Bant Uzunluk Aralıkları (bp), Toplam Bant Sayısı (TBS), Polimorfik Bant Sayısı (PBS), Polimorfizm Oranı (PO) ve Polimorfizm Bilgi İçeriği (PBİ) değerleri

SRAP Primer Çifti	Bant Uzunluk Aralıkları (bp)	TBS	PBS	PO(%)	PBİ
Em1Me4	400-1250	8	6	75	0.65
Em2Me5	250-1100	8	5	63	0.62
Em2Me9	230-1150	7	5	71	0.69
Em3Me13	200-1000	6	4	67	0.58
Em4Me9	400-1200	5	3	60	0.38
Em4Me11	300-1000	6	5	83	0.71
Em5Me10	300-1150	5	4	80	0.76
Em6Me2	300-900	5	5	100	0.59
Em6Me3	200-700	6	4	67	0.48
Em7Me3	250-1000	6	5	83	0.56
Em7Me8	200-1200	7	6	86	0.53
Em8Me11	200-700	6	3	50	0.18
Em9Me12	150-1100	8	5	63	0.30
Em10Me12	200-900	8	7	88	0.49
TOPLAM		91	67	74	49.4
ORTALAMA		6.5	4.8	74	0.54

Primer başına ortalama bant sayısı 6.5, ortalama polimorfik bant sayısı ise 4.8 olarak belirlenmiştir. En fazla bant Em1Me4, Em2Me5, Em9Me12 ve Em10Me12 kombinasyonlarında (8 adet) bulunmuş, polimorfik bant sayısı da en çok Em10Me12 kombinasyonunda (7 adet) elde edilmiştir. Polimorfizm oranı en yüksek olan primer kombinasyonu Em6Me2 (% 100) olarak tespit edilmiştir. Polimorfizm Bilgi İçeriği değerleri ise en yüksek Em5Me10 primer kombinasyonunda (0.76) bulunmuş, genel ortalama olarak da 0.54 olarak tespit edilmiştir. SRAP markırı ile yapılan analizlerde izolatlara ait elde edilen jel görüntüleri Şekil 4.7 ve Şekil 4.8'de verilmiştir.



Şekil 4.7. *Venturia inaequalis* izolatlarının SRAP primer kombinasyonundan elde edilen jel görüntüsü, Ma:100bp DNA ladder



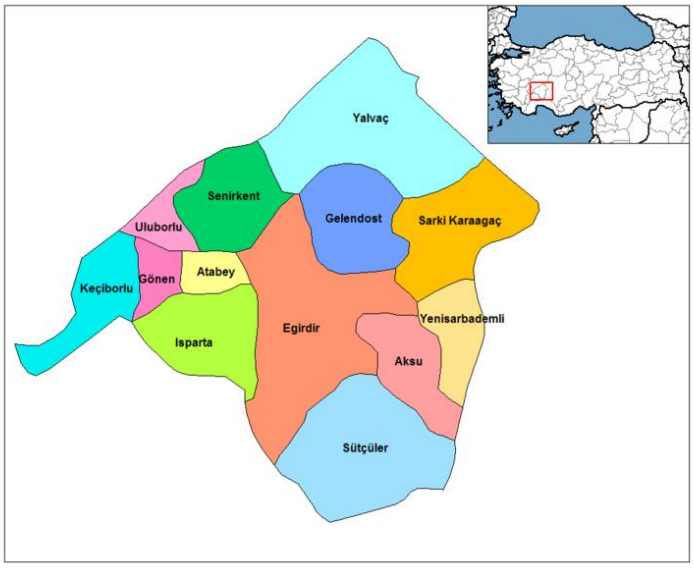
Şekil4.8. *Venturia inaequalis* izolatlarının SRAP primer kombinasyonundan elde edilen jel görüntüsü, Ma:100bp DNA ladder

SRAP (Sequence Related Amplified Polymorphism) markırları kolay uygulanabilmesi, tekrarlanabilmesi gibi özelliklerinden dolayı ucuz ve etkili bir sistem olarak değerlendirilmiş, son dönemlerde Li ve Quiros (2001), tarafından geliştirilmiş yeni bir moleküler markır sistemidir. PCR temelli bir sistem olan SRAP, iki primerden oluşan bir kombinasyonla çalışmaktadır. Primerler 17-18 nükleotitten meydana gelmekte ve bunlardan biri forward, diğeri ise reverse primer olarak adlandırılmaktadır. Bu primerlerde 13-14 nükleotitten oluşan bir çekirdek sekans kısmı vardır. Bu kısımdan sonra 3 seçici nükleotitten oluşan bölüm bulunmaktadır.

SRAP markır sistemi, genetik çeşitliliğin, genetik ilişkilerin araştırılması ve parmakizi çalışmalarında kullanılabilecek etkili ve ucuz bir sistem olarak kabul edilmiştir. Aynı şekilde, Gülşen ve ark. (2007), bu markır sisteminin genetik ilişkilerin açıklanması, gen kaynağı koleksiyonlarının oluşturulması, genetik haritalama çalışmaları ve çekirdek koleksiyonların oluşturulması çalışmalarında kullanılabileceğini belirtmişlerdir.

4.3. Isparta İlinde Yapılan Moleküler Karakterizasyon Çalışmaları

Bu çalışmada, Isparta ilindeki ilçe ve köylerde yapılan sörveylerde, hasta yapraklardan tek spor izolasyonları yapılarak 67 izolat toplanmıştır. Bu materyallerden elde edilen DNA örnekleri RAPD(11), ISSR(6), SSR(6) ve SRAP(14) markırları kullanılarak PCR ve elekroforez yapılmış, jel görüntüleme işleminden sonra bantlar değerlendirilerek moleküler karakterizasyonları yapılmıştır. Isparta ili ve ilçeleri haritada gösterilmiştir (Şekil 4.9).



Şekil 4.9. Isparta ili ve ilçelerini gösteren harita (Anonim, 2011b).

Örnekler toplanırken; bölgesel farklılıklar, patojene karşı yapılan mücadele yöntemleri (organik ya da klasik mücadele yöntemi) (Ek. 1.), bahçelerin karışık ya da tek çeşit ile kurulmuş olması ve konukçu çeşit dikkat edilerek toplanmıştır. Bu kriterlerin genetik çeşitliliğin oluşmasındaki rolüne bakılmış, patojen konukçu ilişkileri

genetik analizlerle benzerlik durumları tespit edilmiştir. Bölgeyi temsil etmesi için olabildiğince çok örnek toplanmış, örneklerin her özelliği kaydedilmiştir.

4.3.1. Filogenetik Analiz

Isparta'nın farklı elma üretim alanlarından elde edilen elma kara lekesi izolatlarının birbirleriyle genetik ilişkisini belirlemek amacıyla 67 farklı izolatın RAPD, ISSR, SSR ve SRAP markırları kullanılarak filogenetik analizleri yapılmıştır.

4.3.1.1. Isparta grubu RAPD markırı ile yapılan moleküler karakterizasyon çalışmaları

RAPD markırına göre oluşturulan filogenetik soy ağacı Şekil 4.10'da gösterilmiştir. Bu analizlere göre birbirine yakın ilişki gösteren 2 ana grup belirlenmiştir (0.81). Bu grupların birincisinde 32EgBo09st, 32EgKB09st, 32EnOr09go ve 32GeYK09st izolatlarından oluşurken, geri kalan örnekler ikinci grup içinde yer almıştır. Birinci grubun ilk 3 örneği Eğirdir'den ve sonuncusu da Gelendost'dan alınan örneklerdir. Örnekler arasındaki mesafe düşünüldüğünde en uzak mesafe sadece 30 km dir. Bu durum örneklerin ortak bir kökenden dağıldığı fikrini vermektedir. Diğer örneklerin toplandığı büyük grubu incelediğimizde, grup kendi içinde alt gruplara ayrılmış, örnekler arasında konukçu spesifikliği ve coğrafi yönden bir farklılık oluşmamıştır. Akrabalık yönünden 32EnTsT709st ile 32EnTsT1409st, 32Esn09st ile 32EgT09st1 ve 32GeK10st ile 32SK10go örnekleri birbirine en yakın olarak (0.95) tespit edilmiştir.

Melounova ve ark. (2004), Çek Cumhuriyeti'nde *Venturia inaequalis*'in tek spor izolatlarının genetik olarak karakterizasyonu ile ilgili ilk çalışmalarını yapmışlardır. Farklı bölgelerdeki elma çeşitlerinden elde ettikleri 10 tek spor izolatını 8 RAPD primeri ile karşılaştırmışlardır. Dayanıklı genotipten sağlanan *(Vf* geni) tek spor izolatı ile hassas bir çeşitten (Top Red) sağlanan izolat arasında genetik benzerliği % 79 olarak bulmuşlardır. Diğer izolatlar arasında konukçu ve coğrafik olarak bir ilişki saptayamamışlardır. İzolatlar arasındaki genetik benzerlikleri 0.16-0.79 olarak belirlemişlerdir. Bizim çalışmamızda ise aynı RAPD primerlerinin kullanılmasıyla yapılan analiz sonucunda benzerlikler 0.83-0.97 aralığında daha yüksek olarak tespit edilmiştir (Şekil 4.10). Kullanılan izolatların genetik özellikleri; çoğrafik özellik ve

konukçu spesifikliği yönünden farklılık bulunmamıştır. İzolatların hepsinin yapılan moleküler karakterizasyonu neticesinde aynı kökenden oluştuğu düşünülmüş, izolatlar arasındaki elde edilen farklılıkların sadece ırk içi varyasyondan kaynaklandığı düşünülmüştür.

Tenzer ve Gessler (1997), İsviçre'de yeni dayanıklı çeşitlerin (*Vf*) üstesinden gelen yeni patojen tipin taşınma ve yayılma hızı hakkında bilgi elde etmek için *Venturia inaequalis'*in 4 populasyonunun analizini yapmışlardır. Populasyon çeşitliliği içinde, populasyonların tümünü oldukça benzer (0.95) bulmuşlardır. Bu sonuçlarla, doğal meydana gelen gen akışında insan aktivitesi ile arttırılmış olacağı ve bu yüzden İsviçre'de *Vf* dayanıklılığının sürekliliğini tahmin etmenin çok zor olduğunu vurgulamışlardır. Bu çalışmayıda destekler nitelikte benzer sonuçlar elde edilmiştir.

Tenzer ve Gessler (1999) 5 Avrupa ülkesinde *Venturia inaequalis*'in 11 populasyonunun genetik çeşitliliğine ITS- rDNA ile 18 RAPD markırlar kullanılarak karşılaştırmışlardır. Elde ettikleri sonuçlarla Avrupa'da yaygın olarak kısa mesafede gen akışının oluştuğunu vurgulamışlardır. Araştırıcılar düşen yapraklardan, yağmur ve rüzgâr nedeniyle Kuzey ve Güney Alplerde daha fazla bir genetik farklılık beklerken, *V. inaequalis*'in dağılmasında Alpler'in bariyer etkisinden dolayı genetik farklılığın az olduğunu vurgulamışlardır. Daha çok gen akışında, sporların ve enfekteli yaprakların taşınmasında insanların önemli rol oynadığını rapor etmişlerdir. Bizim çalışmamızda da genetik farklılık az olarak tespit edilmiştir. Orijin olarak örneklerin tek bir noktadan yayıldığı fikri oluşmuştur.

Bu araştırmada elde edilen bulgular da araştırıcıların bulgularını destekler niteliktedir. Örnekler arasında düşük düzeyde varyasyon olduğu saptanmış, dendrogramda bütün genotiplerin benzerlik düzeyleri 0.73 ile 0.95 arasında değiştiği tespit edilmiştir. Moleküler Markırlarla yapılan bu analizlerde, en düşük polimorfizm oranı (% 66) RAPD markırda bulunmuştur. Örneklerin genel olarak mutasyon orijinli olmaları dolayısıyla genetik olarak birbirine çok yakın olmaları ve buna bağlı olarak genellikle aynı bantları vermeleri, polimorfizm oranının düşük çıkmasının nedenleri arasındadır.

4.3.1.2. Isparta grubu ISSR markırı ile yapılan moleküler karakterizasyon çalışmaları

ISSR markırına göre oluşturulan filogenetik soy ağacı Şekil 4.11'de gösterilmiştir. Bu analizlere göre birbirine yakın ilişki gösteren (0.82) 2 ana grup belirlenmiştir. Bu grupların birincisi sadece 1 izolat (32EgK09st) içerirken diğerlerinin tamamı diğer grup içerisinde yer almıştır. İkinci grupta 0.84 benzerlik oranıyla 2 alt gruba ayrılmış, birinci alt grubun üyeleri 32EgA09st, 32EnTsT1109st, 32EnTsT1209st, 32EgG09go, 32EgA09go ve 32EgB09st2 örneklerinden oluştuğu bulunmuştur.

Lu ve ark. (2011), ISSR markırını kullanarak 30 muz çeşidinde genetik çeşitliliğe bakmışlardır. Çalışmada 45 primer kullanılmış, ortalama her çeşitte 5-9 arasında bant oluşmuş ve polimorfizm oranını %85.1 olarak bulmuşlardır. Analiz sonucunda 4 farklı grup oluştuğunu tespit etmişlerdir. Bizim çalışmamızdaki bulgular araştırıcının bulgularıyla aynı doğrultuda çıkmıştır.

Polimorfiz oranı RAPD markırdan sonra en düşük olarak (%74) bu markır analizlerinde çıkmıştır. Bu markırda da RAPD markırında olduğu gibi örneklerin çoğunun toplandığı ikinci alt grubu incelediğimizde, grup kendi içinde de alt gruplara ayrılmış, örnekler arasında konukçuya özelleşme ve coğrafi yönden bir farklılık meydana gelmemiştir. Dendrogramda bütün genotiplerin benzerlik düzeyleri 0.67 ile 1.00 arasında değiştiği tespit edilmiştir. Yapılan analiz sonucunda 32GeYK09st ve 32EnTsT609st izolatlarının genetik olarak aynı oldukları belirlenmiştir. Isparta'da Gelendost ve Eğirdir elmacılığın en yoğun yapıldığı yerler arasında olup, hastalıkla mücadele amacıyla yoğun fungisit kullanılmaktadır. Burada yapılan tarımsal uygulamaların, patojeni seleksiyona uğratarak genetik benzerliliği bu yüzden arttırdığı düşünülmektedir. Le Van ve ark. (2012) elde ettikleri bulgulara göre izolatların konukçusuna has virülentlik kazandığını ve tarımsal uygulamaların hastalığın patojenisitesini arttırdığını vurgulamışlardır.

4.3.1.3. Isparta grubu SSR markırı ile yapılan moleküler karakterizasyon çalışmaları

SSR markırına göre oluşturulan filogenetik soy ağacı incelendiğinde grupların, diğer markırlarde elde edilen gruplara göre daha net bir şekilde oluştuğu görülmüştür. Bu analizlere göre 0.74 oranında akraba 2 ana grup oluşmuş, her bir ana grup kendi

içinde yaklaşık olarak 0.80'de dallara ayrılarak birbirine genetik olarak yakın 7 alt grup meydana getirmiştir (Şekil 4.12). Alt gruplar arasında genetik benzerlikler incelendiğinde konukçu spesifikliği, coğrafi alan ve uygulama farklılıkları arasında ilişki kurulamamıştır. Boehm ve ark. (2003) İsrail'de elma bahçelerinde *Venturia inaequalis* populasyonu arasındaki çevreyle ilgili genotipik farklılıkları belirlemek için çalışma yapmışlardır. Bu amaçla Golan Tepeleri'ndeki 2 bahçeden 38 ile Hula Vadisi ve sahil kıyısındaki 3 bahçeden 40 izolat toplamışlar ve populasyon yapısını analiz için SSR markırı kullanmışlardır. Sahil kıyısından alınan örneklerin hepsi genetik olarak kendi içinde tek tip olarak %100 bulunurken, Golan Tepeleri'nden Top Red ve Starking Delicious çeşitlerinden toplanan örnekleri, genetik yönden en düşük %74 oranında benzer olarak tespit etmişlerdir. Bizim çalışmamızda da benzer bulgular elde edilmiştir.

Dendrogramda bütün genotiplerin benzerlik düzeyleri 0.53 ile 1.00 arasında değiştiği tespit edilmiştir. Polimorfiz oranı en yüksek bu markır analizlerinde (%86) olarak belirlenmiştir. Bu yönüyle çalışmalarda oldukça ümitvar bulunmuştur.

4.3.1.4. Isparta grubu SRAP markırı ile yapılan moleküler karakterizasyon çalışmaları

SRAP markırlarına göre oluşturulan filogenetik soy ağacı Şekil 4.13'de gösterilmiştir. Bu analizlere göre birbirine yakın ilişki gösteren (0.74) 2 ana grup belirlenmiştir. Dendrogramda, bütün genotiplerin benzerlik düzeyleri 0.67 ile 0.94 arasında değiştiği görülmüştür. Bu grupların birincisi sadece 1 izolat (32EnTsT1309st) içerirken diğerlerinin tamamı diğer grup içerisinde yer almıştır. Bu izolata bakıldığında MARİM bahçesinde kurulu olan Starking Delicious elma çeşidinde ilaç denemelerinin yapıldığı parsellerdeki sadece Dodine etkili ilacın kullanıldığı sıradan elde edilen izolat olduğu belirlenmiştir. Bu denemede en etkili doz Dodine olarak bulunmuş, bu genetik farklılığın da kullanılan fungisidin seleksiyon etkisinden kaynaklandığı düşünülmektedir. Diğer grup ise 0.82'lik genetik benzerlikle 2 alt ana gruba ayrılmış, izolatlar arasında çeşit, coğrafi ve kimyasal uygulama yönünden farklılığın fazla olmadığı görülmüştür. Genetik olarak 32GeBa09go ve 32A10st izolatları ile 32EgK09go ve 32EnTsT1009st izolatları kendi içinde birbirlerine en yakın izolatlar olduğu belirlenmiştir.

Köller (1994), yaptığı çalışmada, *V.inaequalis*'in dodine, benzimidazole, demethylation gibi fungisitlere dayanıklılık oluşturduğunu belirtmiştir. Dayanıklılığın

daha çok mutasyonlarla meydana geldiği ve bu durumun genetik yapıyı fazla değiştirmediği vurgulanmıştır. Meszka ve ark. (2008), Dodine iyi bir koruyucu özelliği, tedavi edici ve eradikant etkisinden dolayı Polonya'daki çiftçilerin bir sezonda 1-2 uygulama yaptıklarını vurgulamışlardır. 232 elma bahçesinde dodine dayanıklılığını araştırmışlar, bahçelerin %26'sı düşük, %23'ü orta ve yüksek ve %28'inde ise Dodine karşı çok yüksek dayanıklılık oluştuğunu tespit etmişlerdir.

Tenzer ve Gessler (1997)'de, İsviçre'de 4 ayrı bölgeden topladıkları izolatlar üzerinde benomyl fungisitine karşı dayanıklılık ile ilişkili olan Beta tubulin lokusuna bakmışlardır. Bu iş için her bir izolatı 6 farklı benomyl konsantrasyonunda (% 0.005, %0.05, % 0.125, %0.5 ve %1 w/v) PDA besi ortamında 3 hafta kültüre almışlar, gelişme durumlarına göre hassas (<%0.005), az dayanıklı (<% 0.05), orta dayanıklı (< %0.125) ve yüksek dayanıklı (% 1) olarak sınıflandırmışlardır. Bu sınıfları, ITS ve beta tubulin lokuslarına spesifik primerlerle analiz yapmışlardır. Beta tubulin lokusu 4 alelde bulunmuş, benomyle karşı hassas izolatlar hariç, diğer örneklerde dayanıklılıkla ilişki tespit edememişlerdir. Gland ve Guttingen'den gelen örneklerde tüm dayanıklılık sınıfları ile hassas izolatlar yer alırken, Oberwil'den gelen örneklerden sadece hassas olanlar tespit etmişler, Etoy'dan gelen populasyonda ise sadece yüksek dayanıklı izolatlarda Beta Tubulin lokusunu bulmuşlardır. Sonuç olarak populasyon arasındaki farklılığı diğer ITS lokuslar arasında düşük bulurken 0.04, beta tubulin lokuslarının seleksiyonunda gen akışının yüksek olduğunu (0.26) rapor etmişlerdir.

Kaymak ve ark. (2011)'de, elma kara lekesine karşı ruhsatlı 14 adet fungisitin farklı dozlarının *in vitro* ve *in vivo*'da etkilerini araştırmışlardır. Laboratuvar koşullarında test edilen fungisit etkili maddeler içerisinde Mancozeb 10 ppm, Dodine ve Captan 50 ppm, Pyraclostrobin+Dithianon ve Pyrimethanil 100 ppm konsantrasyonlarında etmenin misel gelişimini tamamen engellediğini tespit etmişlerdir. Arazi çalışmalarından elde ettikleri verilere göre de, en etkili fungisit uygulamalarını sırasıyla; Dodine (% 84.63), Pyraclostrobin+Dithianon (% 66.07), Captan (% 64.62) ve Mancozeb (% 60.85) olarak belirlemişlerdir.

Elma üreticileri hastalıktan korunmak için yoğun bir şekilde kimyasal mücadele yapmakta, bir sezon içinde ilaçlama sayıları 20-25 leri bulmaktadır (Boyraz ve ark. 2005). Buna rağmen hastalık yine oluşmakta ve ekonomik yönden kayıplar meydana gelmektedir. Kullanılan ilaç dozları üreticiler tarafından arttırılmakta, fakat sonuç değişmemektedir. Bir şekilde fungus gün geçtikçe daha virülent olmaktadır.

Patojenisite çalışmasında elde edilen bulgular bizi destekler nitelikte bulunmuş, en virülent izolat Eğirdir izolatı olmuştur. Şimdilik fungusun karşılaştığı engel kimyasal uygulamalar şeklindedir ve bu engeli kullanılan ilaçlara dayanıklılık oluşturarak kırmaktadır. Bu çalışmada, Dodine atılan parselden elde edilen izolatın farklı çıkması bu düşünceyi kuvvetlendirmiştir.

Zamanla, yoğun ilaçlamanın olumsuz etkilerinden biri olarak hastalığın direnç gösteren yeni ırklarının ortaya çıkması kaçınılmaz bir durumdur. Aynı şekilde, genetik kaynakların etkili bir şekilde değerlendirilmesi ile hastalığa karşı direnç sağlayan yeni dayanıklılık genlerinin de bulunması söz konusudur.

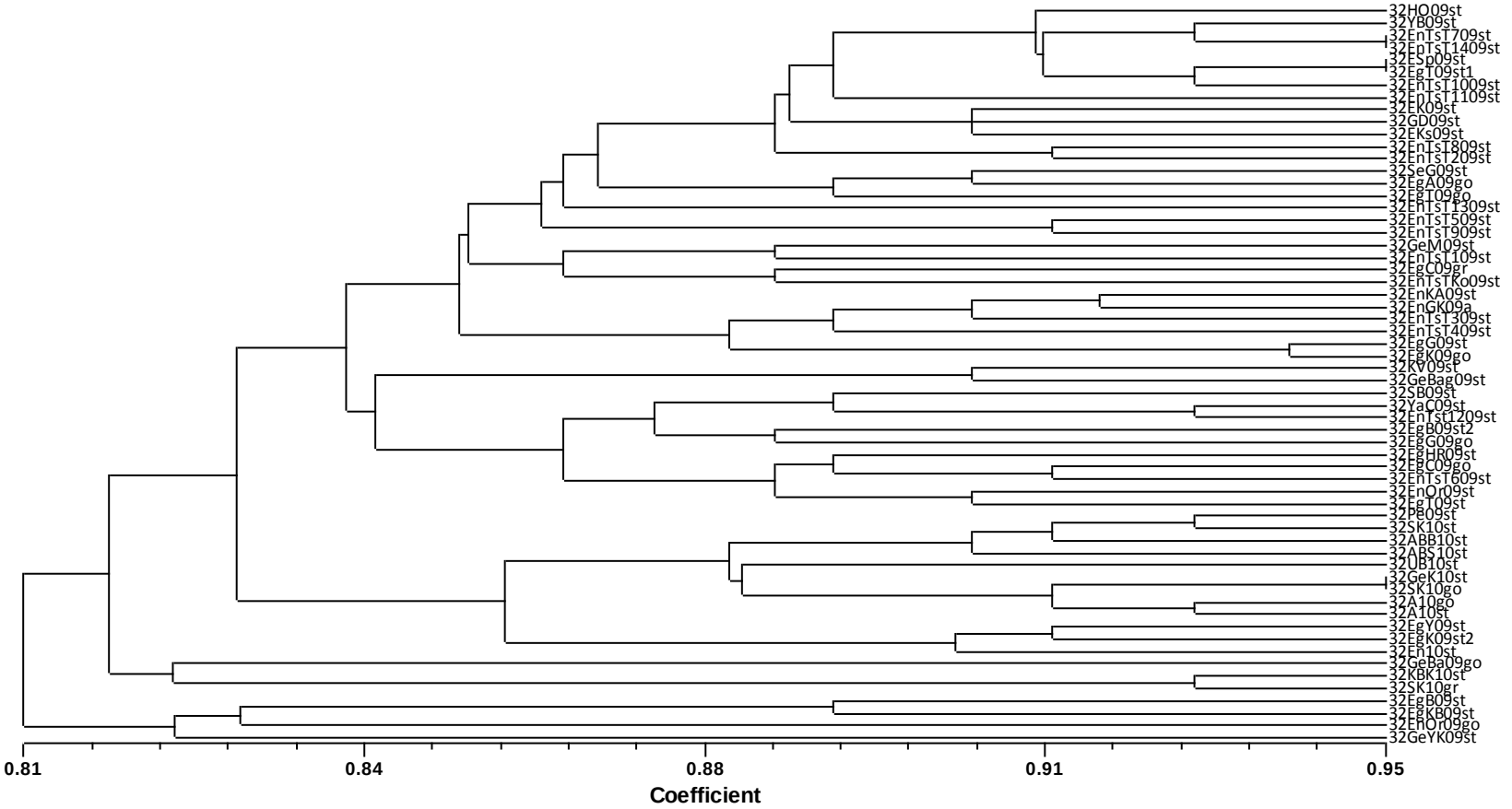
Araştırıcıların bu bilgileri ışığında fungisit uygulamalarının seleksiyon baskısı yaparak, genetik çeşitliliği arttırdığı söylenebilir. Bu çalışmadaki bulgular ile araştırıcıların bulguları parelellik göstermektedir. SRAP analizleri sonucunda izolatlar arasında genetik olarak yüksek düzeyde benzerliğin olduğu ve düşük düzeyde varyasyon oluştuğu saptanmıştır. Çeşitler arasındaki patojenisite farklılıklarının daha çok mutasyonlarla meydana geldiği ve bu durumun genetik yapıyı fazla değiştirmediği tespit edilmiştir.

4.3.1.5. Isparta grubu markırların hepsi kullanılarak yapılan moleküler karakterizasyon çalışmaları

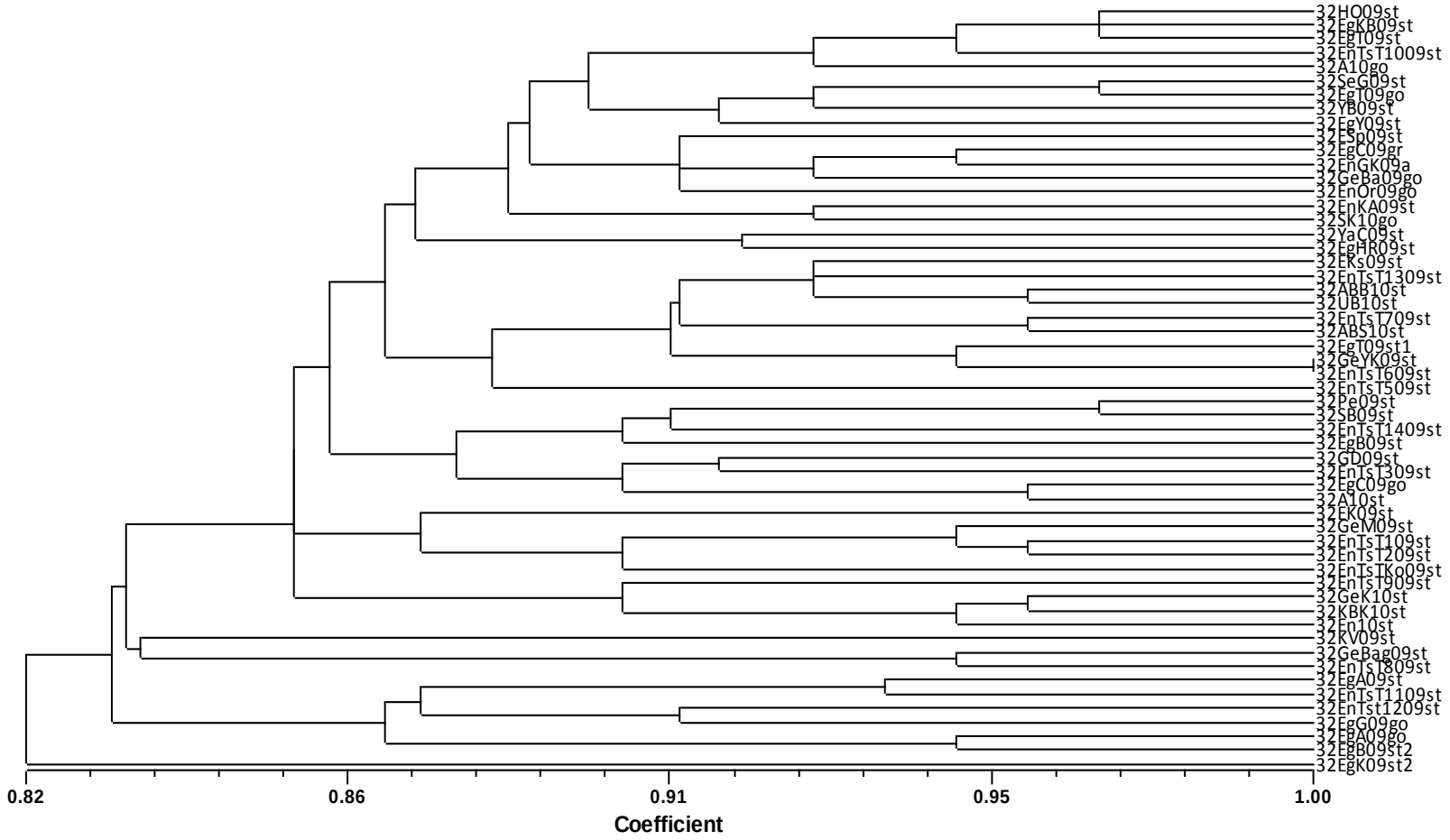
Markırların (RAPD, ISSR, SSR ve SRAP) hepsi kullanılarak oluşturulan filogenetik soy ağacı Şekil 4.13'de gösterilmiştir. Bu analizlere göre SRAP Markırında olduğu gibi birbirine yakın ilişki gösteren(0.80) 2 ana grup belirlenmiştir. Bu grupların birincisi de aynı şekilde 32EnTsT1309st nolu izolatı içerirken diğerlerinin tamamı diğer grup içerisinde yer almıştır. Diğer grup ise 0.81 lik genetik benzerlikle 2 alt ana gruba ayrılmış, izolatlar arasında çeşit, coğrafi ve kimyasal uygulama yönünden farklılığın fazla olmadığı görülmüştür. Genetik benzerlik olarak 32EgK09go ve 32EnTsT1009st izolatları ile 32EnTsT709st ve 32EnTsT1409st izolatları kendi içinde birbirlerine en yakın izolatlar olarak çıkmıştır. Genetik olarak birbirine en yakın çıkan izolatların hepsi Eğirdir'deki bahçelerden toplanmıştır, bu nedenle izolatların genetik olarak aynı kaynaktan geldiği fikri oluşmuştur.

Xu ve ark. (2008)'de yaptıkları çalışmada, Çin izolatları ile İngiltere izolatlarını genetik olarak karşılaştırmışlardır. Çin izolatlarının İngiltere izolatlarından özellikle genetik olarak ayrıldığını rapor etmişlerdir. Çin izolatlarının kendi içinde daha homojen

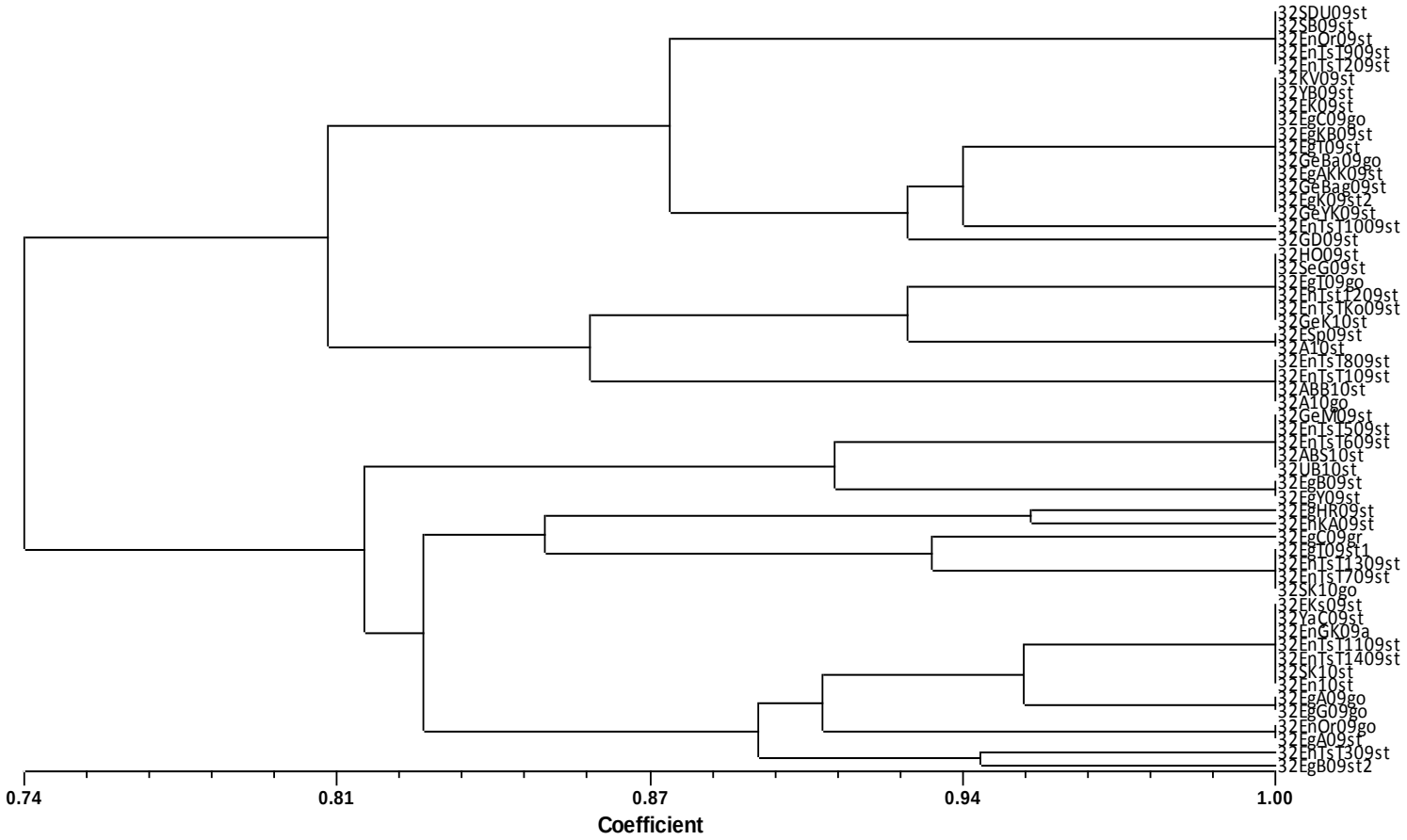
çıktığını ve genetik yönden çok benzer olduğunu, bu yüzden coğrafik ve konukçu spesifikliği yönünden ayrılmadığını vurgulamışlardır. İngiltere izolatlarının ise kendi içinde genetik yönden farklı olduğunu 6 nolu ve 7 nolu ırkların birbirlerine genetik yönden çok yakın çıktığını, bu ırklarında Cox ve Bramley'den gelen izolatlarla daha yakın olarak belirlendiğini belirtmişlerdir. Bizim çalışmamızda da aynı sonuçlar çıkmış, orijin ve konukçu yönünden izolatlar arasında farklılık tespit edilememiştir.



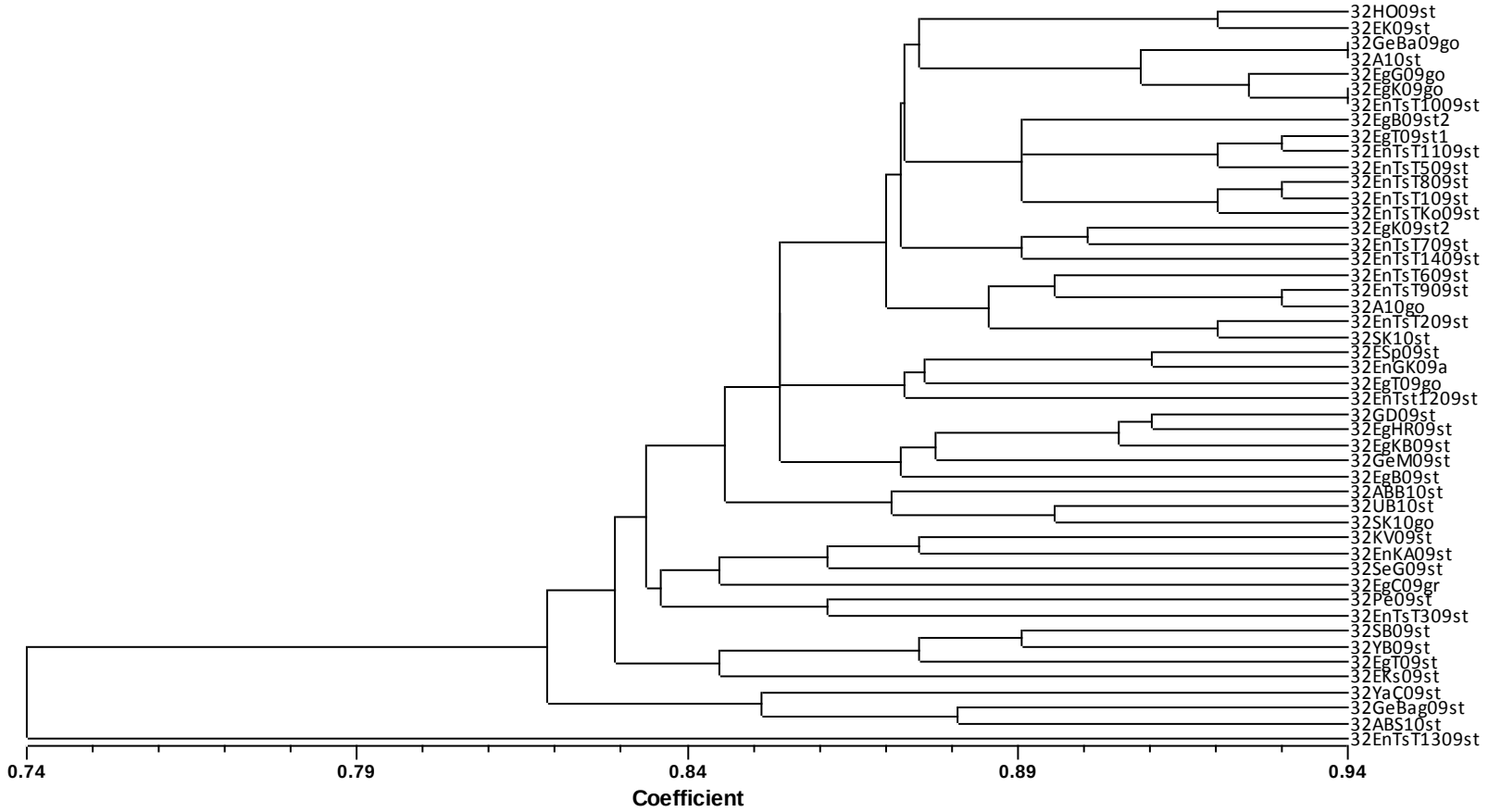
Şekil 4.10. Isparta ili *Venturia inaequalis* izolatlarının RAPD markırlarının analizi ile oluşturulan filogenetik soy ağacı.



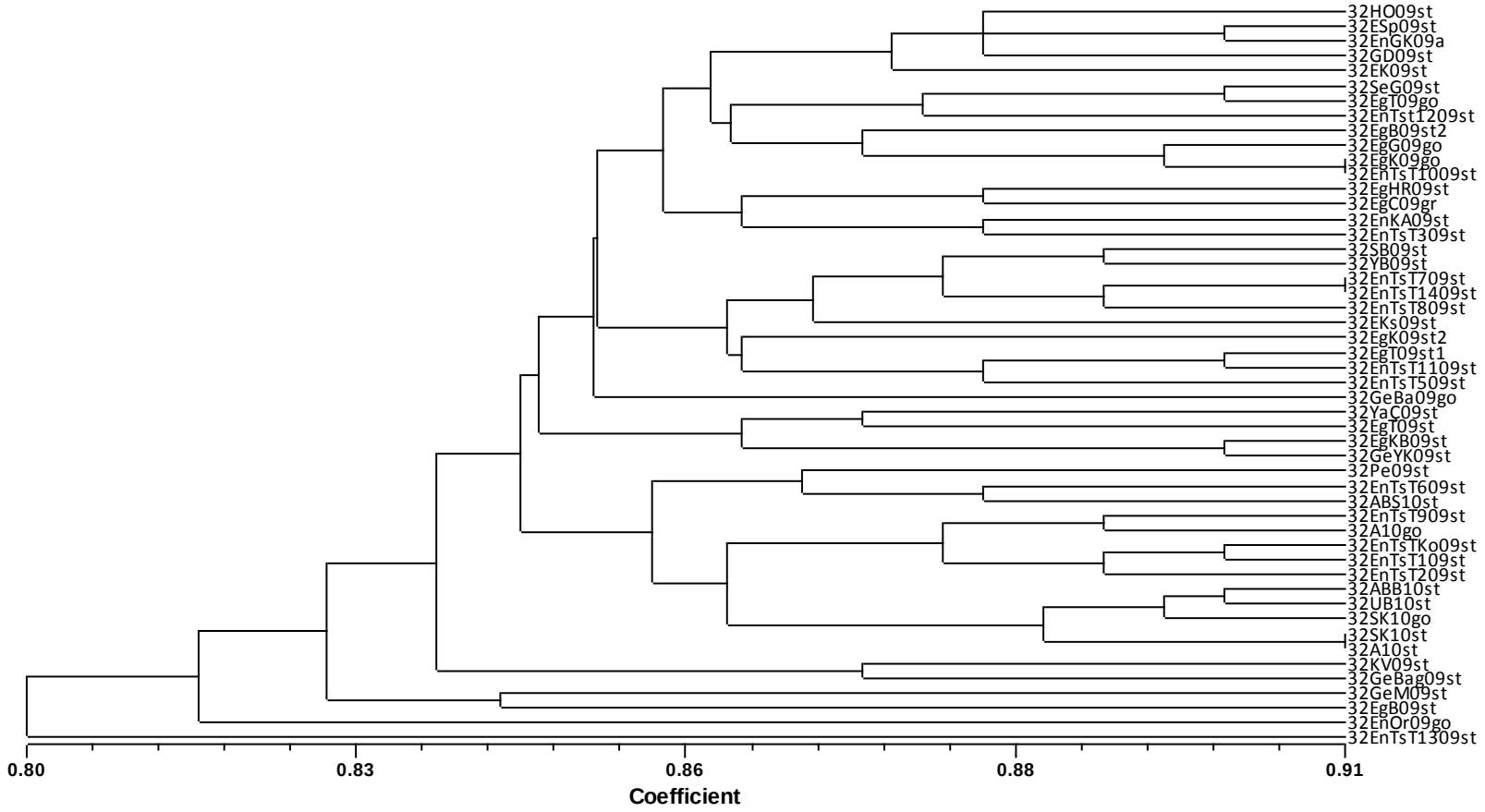
Şekil 4.11. Isparta ili *Venturia inaequalis* izolatlarının ISSR markırlarının analizi ile oluşturulan filogenetik soy ağacı.



Şekil 4.12. Isparta ili *Venturia inaequalis* izolatlarının SSR markırlarının analizi ile oluşturulan filogenetik soy ağacı.



Şekil 4.13. Isparta ili *Venturia inaequalis* izolatlarının SRAP markırlarının analizi ile oluşturulan filogenetik soy ağacı.



Şekil 4.14. Isparta ili *Venturia inaequalis* izolatlarının RAPD, ISSR, SSR ve SRAP markırlarının tümü kullanılarak oluşturulan filogenetik soy ağacı.

4.4. Türkiye'den Toplanan *Venturia inaequalis* İzolatlarında Yapılan Moleküler Karakterizasyon Çalışmaları

Bu çalışmada, 5 Avrupa ülkesinden toplanan izolatlarla birlikte (11 adet) Türkiye'de elma üretimi gerçekleşen 22 il/ilçe ve köylerde yapılan incelemelerde, Isparta'dan alınan örnekler hariç 50 izolat daha toplanmıştır (Çizelge 3.2). Bu materyallerden elde edilen DNA örnekleri RAPD, ISSR, SSR ve SRAP markırları kullanılarak PCR ve elekroforez yapılmış, jel görüntüleme işleminden sonra bantlar değerlendirilerek moleküler karakterizasyonları yapılmıştır. Örneklerin toplandığı iller Şekil 4.15'de gösterilmiştir.



Şekil 4.15. *V. inaequalis* izolatlarının toplandığı iller

Örneklerin toplanmasında; bölgesel farklılıklar, tarımsal uygulamalar ve çeşit farklılıkları dikkate alınmıştır. Avrupa ülkelerinden getirilen izolatlarla ülkemiz izolatlarının genetik olarak benzerlikleri karşılaştırılmıştır.

4.4.1. Filogenetik analiz

Farklı elma üretim alanlarından elde edilen elma kara lekesi tek spor izolatlarının birbirleriyle genetik ilişkisini belirlemek amacıyla çizelgede belirtilen 50 farklı izolata ek olarak Isparta bölgesinden toplanan 4 izolat daha eklenerek toplamda

54 izolatın RAPD, ISSR, SSR ve SRAP markırları kullanılarak filogenetik analizleri yapılmıştır.

Isparta izolatlarını seçerken bölgeyi genetik olarak temsil edecek şekilde ve elmacılığın yoğun olarak yapıldığı yerlerden olmasına dikkat edilmiştir. Dendrogramların incelenmesi neticesinde bu şartları taşıyan 32EgHR09st, 32GeBag09st, 32EnTst1209st ve 32EnTst709s nolu örnekler bu populasyona eklenmiştir.

4.4.1.1. Türkiye grubu *Venturia inaequalis* izolatlarında RAPD markırı ile yapılan moleküler karakterizasyon çalışmaları

Primer başına ortalama bant sayısı 5.9, ortalama polimorfik bant sayısı ise 3.9 olarak belirlenmiştir. En fazla bant OPG05 ve M2 RAPD primerlerinde (8 adet) bulunmuştur. Polimorfik bant sayısı da en çok M2 primerinde (7 adet) elde edilmiş olup, polimorfizm oranı (% 88) olarak tespit edilmiştir. Polimorfizm Bilgi İçeriği değerleri ise en yüksek yine OPG05 ve M2 RAPD primerlerinde (0.51) bulunmuş, genel ortalama olarak da 0.42 olarak tespit edilmiştir. Dendrogramda bütün genotiplerin benzerlik düzeylerinin 0.53 ile 1.00 arasında değiştiği tespit edilmiştir. Oysa Isparta gurubu izolatlarda genotiplerin benzerlik düzeyleri 0.73 ile 0.95 arasında değiştiği tespit edilmiştir. Tarımsal uygulamalardan kaynaklanan farklılıklardan dolayı Türkiye grubu izolatlarında genetik varyasyonun bu yüzden daha yüksek belirlendiği düşünülmüştür. Le Van ve ark. (2012)'nın yaptıkları çalışmada da aynı sonuç çıkmış tarımsal uygulamaların genetik çeşitliliği arttırdığını vurgulamışlardır.

Melounova ve ark. (2004), Çek Cumhuriyeti'nde *Venturia inaequalis*'in tek spor izolatlarının genetik olarak karakterizasyonu ile ilgili ilk çalışmalarını yapmışlardır. Farklı bölgelerdeki elma çeşitlerinden elde ettikleri 10 tek spor izolatını 8 RAPD primeri ile karşılaştırmışlardır. Dayanıklı genotipten sağlanan *(Vf* geni) tek spor izolatı ile hassas bir çeşitten (Top Red) sağlanan izolat arasında genetik benzerliği % 79 olarak bulmuşlardır. Ayrı yer ve konukçulardan elde edilen diğer izolatların genetik farklılığını saptayamamışlardır. Bu araştırıcılarda en fazla M2 primerinde 18 polimorfik bant elde ettiklerini, OPG5 primerinde ise 14 polimorfik bant oluştuğunu bildirmişlerdir.

RAPD markırına göre yapılan analizlere göre oluşturulan dendrogram incelendiğinde kara leke izolatları; 0.83'lük oranla ilk grup ayrılmış ve bunları birçok alt grup takip etmiştir. Örnekler arasında konukçu spesifikliği ve coğrafi yönden

belirgin bir farklılık oluşmamıştır (Şekil 4.16). Akrabalık yönünden 50M09st ile 42BS09st örnekleri birbirine en yakın olarak (0.97) tespit edilmiştir.

Padder ve ark. (2011)'de *V. inaequalis*'in Jammu ve Kashmir de bulunan ticari elma bahçelerindeki popülasyon yapısını ortaya çıkarmak için yaptıkları çalışmada, 27 izolat toplamışlar ve RAPD moleküler markırı ile filogenetik analizlerini yapmışlardır. Araştırma sonucunda 10, 10 ve 7 izolatın ayrıldığı 3 grup elde etmişler, gruplar arasında coğrafi ve konukçu sipesifikliği yönünden belirgin bir ilişki tespit edememişlerdir. Bizim bulgularımız ile bu araştırıcıların bulguları parelellik göstermiştir.

Sierotzki ve Gessler (1998)'de yaptıkları çalışmada, virülent/virülent olmayan iki tek spor izolatını melezleyerek 116 F1 izolatda virülentliğin kalıtımını araştırmışlardır. Bu çalışmada *Venturia inaequalis*'in ilk genetik olarak haritalaması yapılmış ve 30 RAPD primer kullanılmıştır. Çalışma sonucunda araştırıcılar 270 cM uzunluğunda 6 bağlantı grup (linkage) elde etmişlerdir. Boskoop elma çeşidinden elde edilen virülent/avirülent izolatda 19.5 cM mesafede bağlantılı (linkage) olarak haritayı elde ederlerken, Golden Delicious elma çeşidinden izole edilen virülent izolatta, herhangi bir ilişki tespit edememişlerdir.

4.4.1.2. Türkiye grubu *Venturia inaequalis* izolatlarında ISSR markırı ile yapılan moleküler karakterizasyon çalışmaları

Primer başına ortalama bant sayısı 6.2, ortalama polimorfik bant sayısı ise 4.2 olarak belirlenmiştir. En fazla bant UBC 885 ISSR primerinde (8 adet) bulunmuş, polimorfik bant sayısı da en çok aynı primerde (7 adet) elde edilmiş olup, polimorfizm oranı % 88 olarak tespit edilmiştir. Polimorfizm Bilgi İçeriği değerleri ise en yüksek UBC 887 ISSR primerinde (0.47) bulunmuş, genel ortalama olarak da 0.36 olarak tespit edilmiştir. ISSR markırına göre oluşturulan filogenetik soy ağacı incelendiğinde (Şekil 4.17), 0.80 oranla 2 ana gruba ayrılmış, bu grupların birincisi sadece Konya Beyşehirden alınan izolatla (42BS10st) oluşurken diğerlerinin tamamı ikinci grup içerisinde yer almıştır. İkinci grupta 0.83 benzerlik oranıyla alt gruplara ayrılmış, 50M0st ile 42Bs09st, 24CK10st ile Almanya izolatı olan AlKln10kr nolu izolat, genetik olarak 0.98 oranında yakın akraba oldukları tespit edilmiştir.

Baysal ve ark. (2009)'da *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* etmeninin 6 ISSR primer markırı kullanarak genetik yönden ırklarının ayrımını yapmışlardır. Toplamda 190 bp ile 900 bp uzunluğunda 23 bant elde ederek (ortalama 3.83 bant),

ayırma kapesitesi olarak $\sum\partial$:1.08 ± 0.59 değerini bulmuşlardır. ISSR primerlerinden UBC 880 (1.56), UBC 886 (1.54) ve UBC 887 (1.52) nolu primerleri ayırmada en etkili primerler olarak tespit etmişlerdir.

Yalım (2005)'de yaptığı çalışmada, polimorfizim oranına göre 10 ISSR primerini seçmiş, toplam 75 adet band üretmiş olup bunun 51 adedinin polimorfik olduğunu tespit etmiştir. Polimorfizm seviyesinin göstergesi olan PIC değerini çalışmada en yüksek 0.844, en düşük 0.354 olmak üzere ortalama 0.611 olarak tespit etmiştir.

Lu ve ark. (2011), yaptıkları bir çalışmada, ISSR markırını kullanarak 30 muz çeşidinde genetik çeşitliliğe bakmışlardır. Çalışmada 45 primer kullanılmış, ortalama her çeşitte 5-9 arasında bant oluşmuş ve polimorfizm oranını %85.1 olarak bulmuşlardır. Analiz sonucunda 4 farklı grup oluştuğunu tespit etmişlerdir.

Bu çalışmada, en düşük Polimorfizm Bilgi İçeriği genel ortalaması ISSR markırı ile yapılan analizlerde elde edilmiştir (0.36). Elde edilen bulgular araştırıcıların bulduğu değerler ile paralellik göstermektedir. Bu markır sisteminde de genotiplar arasındaki varyasyonun orijin olarak tek kaynaktan geldiği, çoğrafi ve konukçuya göre farklılığın oluşmadığı görülmüştür.

4.4.1.3. Türkiye grubu *Venturia inaequalis* izolatlarında SSR markırı ile yapılan moleküler karakterizasyon çalışmaları

SSR Primer çiftleri başına ortalama bant sayısı 1.9, ortalama polimorfik bant sayısı ise 1.7 olarak saptanmıştır. Polimorfizm Bilgi İçeriği değerleri ise en yüksek 1tc1a ve 1tc1b SSR primer çifttinde (0.71) bulunmuş, genel ortalama olarak da 0.56 olarak tespit edilmiştir. Dendrogramda bütün genotiplerin benzerlik düzeyleri 0.57 ile 1.00 arasında değiştiği tespit edilmiştir.

Le Van ve ark. (2012), *Venturia inaequalis* patojeninin *M. sieversii, M.x domestica* ve *M. sylvestris* elma çeşit/tipleri üzerindeki hayat döngüsünü belirlemek için çapraz patojenisite testleri yapmışlardır. Avrupa ve Asya'daki tarımsal uygulama yapılan alanlardan ve yabani ekosistemden topladıkları 40 izolatı, *M. sieversii* (GMAL 3619.b, PI 633797.d ve PI 633799.e), *M.x domestica* (Gala ve Top Red) ve *M. sylvestris (*X 9650, X 9651, X9653 ve X 9654) çeşit/tipleri üzerinde patojenisitesini araştırmışlardır. Asya yabani elmalarından *(M. sieversii)* toplanan izolatlar *M.xdomestica* çeşitlerinde hastalık oluşturmazken, sadece kendi konukçusunda hastalık

meydana getirmiştir. Asya tarımsal ekosisteminden gelen izolatların hem *M.x domestica* hem de *M. sieversii* ebeveynlerinde yüksek oranlarda hastalık meydana getirirken, Avrupa yaban elmalarından (*M. sylvestris*) gelen izolatların ise, kendi endemik populasyona göre diğer elma türleri üzerinde daha az virülent olduğunu tespit etmişlerdir. Elde ettikleri bulgulara göre izolatların konukçusuna has virülentlik kazandığını ve tarımsal uygulamaların hastalığın patojenisitesini arttırdığını vurgulamışlardır. Bizim çalışmamızda da benzer sonuçlar elde edilmiştir. SSR markırına göre oluşturulan filogenetik soy ağacı incelendiğinde (Şekil 4.18.), aynı Isparta bölgesi izolatlarının analizine benzer bir sonuç oluşmuş, 0.74 oranında akraba 2 ana grup oluşmuştur. İki ana grup kendi içinde yaklaşık olarak 0.81 akrabalık oranıyla dallara ayrılarak birbirine genetik olarak yakın 7 alt grup meydana getirmiştir. Alt gruplar arasında genetik benzerlikler incelendiğinde, Avrupa'dan getirilen izolatlar bile alt gruplarda dağınık olarak yer alırken izolatlar arasında genetik olarak belirgin farklılıklar tespit edilememiştir. SSR markırı ile yapılan analizlerde populasyonlar daha iyi ayrılmış ve gruplar daha net oluşmuştur.

Tenzer ve ark. (1999)'da yaptıkları çalışmada, 11 Avrupa ülkesinden topladıkları 350 *V. inaequalis* izolatını 7 SSR markırı ile taramışlardır. Genetik çeşitliliği 0.52-0.96 arasında bulmuşlardır. Populasyon çeşitliliğini ise 0.28-0.49 arasında değiştiğini tespit etmişlerdir. Yüksek polimorfizm, tekrarlanabilirlik, yüksek spesifiklik ve kesin sonuç vermesinden dolayı RAPD markıra göre büyük avantajları olduğunu vurgulamışlardır. Bizim çalışmamızda araştırıcıların bulguları ile paralellik göstermiştir.

Guérin ve ark. (2004)'de *Venturia inaequalis* izolatından 21 microsatellite (SSR) markır elde ederek, Avrupa ülkelerinden topladıkları 44 izolat üzerinde, konukçu-patojen ve coğrafik farklılıkları daha kesin tanılarla belirlemek için araştırmışlardır. Her primer çifti polimorfik bulunmuş, lokuslarda ortalama 9.1 allel (2-24) elde etmişlerdir. Bu SSR primerlerinin aynı zamanda *Spilocaea pyracanthae* ve *S. eriobotryae* türlerinin moleküler çalışmalarında da kullanılabileceğini rapor etmişlerdir.

Bizim çalışmamızda elde edilen bulgulara göre izolatlar arasında genetik olarak belirgin farklılıklar tespit edilememiştir. İzolatlar arasında oluşan farklılığın ırk içi varyasyondan kaynaklanmış olabileceği sanılmaktadır.

4.4.1.4. Türkiye grubu *Venturia inaequalis* izolatlarında SRAP markırı ile yapılan moleküler karakterizasyon çalışmaları

SRAP (Sequence Related Amplified Polymorphism) markırları kolay uygulanabilmesi, tekrarlanabilmesi gibi özelliklerinden dolayı ucuz ve etkili bir sistem olarak değerlendirilmiş, son dönemlerde Li ve Quiros (2001), tarafından geliştirilmiş yeni bir moleküler markır sistemidir. PCR temelli bir sistem olan SRAP, iki primerden oluşan bir kombinasyonla çalışmaktadır. Primerler 17-18 nükleotitten meydana gelmekte ve bunlardan biri ileri, diğeri ise geri primer olarak adlandırılmaktadır. Bu primerlerde 13-14 nükleotitten oluşan bir çekirdek sekans kısmı vardır. Bu kısımdan sonra 3 seçici nükleotitten oluşan bölüm bulunmaktadır.

SRAP markırlarına göre oluşturulan filogenetik soy ağacı Şekil 4.19'da gösterilmiştir. Bu analizlere göre de SSR markırı ile yapılan analiz gibi daha net sonuçlar çıkmış, birbirine 0.66 oranında akrabalık gösteren 2 ana grup oluşmuştur. Bu grupların birincisi sadece 1 izolat (17Bı09st) içerirken diğerlerinin tamamı diğer grup içerisinde yer almıştır. İkinci grup 0.77'lik akrabalık derecesiyle 2 alt gruba ayrılmış, birinci alt grubun üyeleri 33M09st ve 38Y10st örneklerinden oluşmuştur. İkinci alt grup içinde yer alan örnekler incelendiğinde, 0.94 akrabalık derecesiyle Bosna'dan getirilen örnekler yer almış, 17MS09st ile 24M09a ve Hollanda (Hol10kr) ile Belçika (BelAE10kr) örnekleri 0.96'lık akrabalık derecesiyle birbirine en yakın örnekler olarak tespit edilmiştir. Örnekler arasında düşük düzeyde varyasyon olduğu saptanmış, dendrogramda bütün genotiplerin benzerlik düzeyleri 0.54 ile 0.96 arasında değiştiği tespit edilmiştir.

Baysal ve ark. (2009)'da *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* etmeninin 4 SRAP primer markırı kullanarak genetik yönden ırklarının ayrımını yapmışlardır. Toplamda 150bp ile 900 bp uzunluğunda 18 bant elde ederek (ortalama 4.5 bant), ayırma kapesitesi olarak ISSR primerlerinden daha yüksek değer elde ($\sum\partial$:1.28 ± 0.97) ettiklerini rapor etmişlerdir.

Bu çalışmada, Primer başına ortalama bant sayısı 6.5, ortalama polimorfik bant sayısı ise 4.8 olarak belirlenmiştir. Polimorfizm Bilgi İçeriği değerleri ise en yüksek Em5Me10 primer kombinasyonunda (0.76) bulunmuş, genel ortalama olarak da 0.54 olarak tespit edilmiştir. Elde edilen sonuçlar araştırıcıların çalışmalarıyla parelellik göstermekte, SRAP markırlarının RAPD ve ISSR markırlarına göre ayırmada daha etkili olduğu değerlendirilmiştir.

Polimorfizm oranının düşük olmasının nedeni, örneklerin genel olarak mutasyon orijinli olmaları dolayısıyla genetik olarak birbirine çok yakın olmaları ve buna bağlı olarak genellikle aynı bantları vermeleri şeklinde açıklanabilir.

Bu sonuçlara göre SRAP markırı ile yapılan analiz sonucunda bölgesel olarak bir ilişkiden bahsetmek mümkün görülmektedir. Ayrıca dünyada ilk kez, SRAP markırları ile *V. inaequalis*'in izolatlarının moleküler analizi için bu çalışmada denenmiş, bu yönüyle de SRAP markırları oldukça ümitvar bulunmuştur.

4.4.1.5. Türkiye grubu *Venturia inaequalis* izolatlarında markırların hepsi kullanılarak yapılan moleküler karakterizasyon çalışmaları

Markırların hepsi kullanılarak oluşturulan filogenetik soy ağacı Şekil 4.20'de gösterilmiştir. Bu analizlere göre birbirine yakın ilişki gösteren 2 ana grup oluşurken (0.77), birinci grubu sadece 17Bı09st nolu izolat temsil etmiş, ikinci grup ise 43To09st nolu örnekle 0.79'luk benzerlik derecesiyle diğerlerinden 2 alt gruba ayrılmıştır. SRAP markırında olduğu gibi 0.94'lük benzerlik derecesiyle Bosna örnekleri genetik olarak en yakın örnekler olarak tespit edilmiştir.

Xu ve ark (2008)'de yaptıkları çalışmada, Çin izolatları ile İngiltere izolatlarını genetik olarak karşılaştırmışlardır. Çin izolatlarının İngiltere izolatlarından özellikle genetik olarak ayrıldığını rapor etmişlerdir. Çin izolatlarının kendi içinde daha homojen çıktığını ve genetik yönden çok benzer olduğunu, bu yüzden coğrafik ve konukçu spesifikliği yönünden ayrılmadığını vurgulamışlardır. İngiltere izolatlarının ise kendi içinde genetik yönden farklı olduğunu 6 nolu ve 7 nolu ırkların birbirlerine genetik yönden çok yakın çıktığını, bu ırklarında Cox ve Bramley'den gelen izolatlarla daha yakın olarak belirlemişlerdir.

Boehm ve ark. (2003), İsrail'de elma bahçelerinde *Venturia inaequalis* populasyonu arasındaki çevreyle ilgili genotipik farklılıkları belirlemek için çalışma yapmışlardır. Bu amaçla Golan Tepeleri'ndeki 2 bahçeden 38 ile Hula Vadisi ve sahil kıyısındaki 3 bahçeden 40 izolat toplamışlar ve populasyon yapısını analiz için SSR markırı kullanmışlardır. Sahil kıyısından alınan örneklerin hepsi genetik olarak kendi içinde tek tip olarak %100 bulunurken, Golan Tepeleri'nden Top Red ve Starking Delicious çeşitlerinden toplanan örnekleri, genetik yönden en düşük %74 oranında benzer olarak tespit etmişlerdir. Bu çalışmada da aynı benzerlik oranları bulunmuş, genetik olarak izolatların aynı ırk olduğu belirlenmiştir. Ek 11. ve 12.'de gösterilen

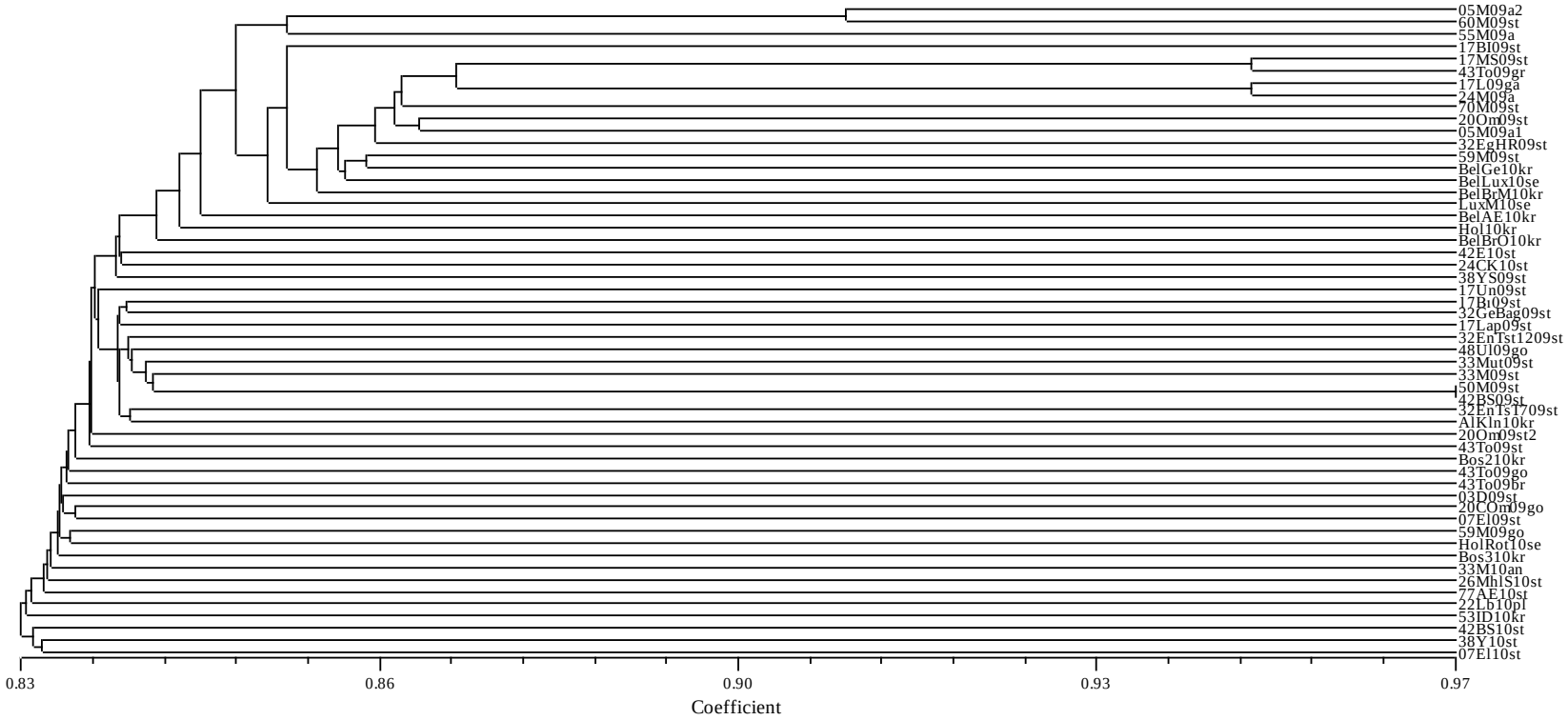
şekillerin incelenmesinde, toplanan tüm izolatların SSR ve SRAP markırları ile yapılan filogenetik analizlerinde izolatlar genetik olarak birbirine çok yakın çıkmış, benzerlik oranları en düşük SRAP markırında 0.72 olarak belirlenirken, SSR markırında 0.74 olarak tespit edilmiştir. Eğer analizi yapılan genotipler farklı ırklardan oluşmuş olsaydı, genotipik farklılıkların daha düşük oranlarda olması beklenirdi. Oysa elde edilen sonuçlar genetik olarak izolatların ortak bir kaynaktan oluştuğunu göstermektedir. İzolatların arasındaki farklılıkların sadece ırk içi varyasyondan kaynaklandığını ortaya çıkarmıştır.

Monte-Corvo ve ark. (2002), 24 armut çeşidinde RAPD, ISSR ve AFLP markırlarını kullanarak genetik benzerliklerin belirlenmesindeki etkilerini karşılaştırmışlardır. Çalışma sonucunda ISSR ve AFLP markırları ile yapılan analiz sonucunda çeşitler aynı dendrogramlarda yer almış, araştırıcılar ISSR markırının kullanılmasını uygulama yönünden daha pratik, hızlı ve ucuz bulmuşlardır.

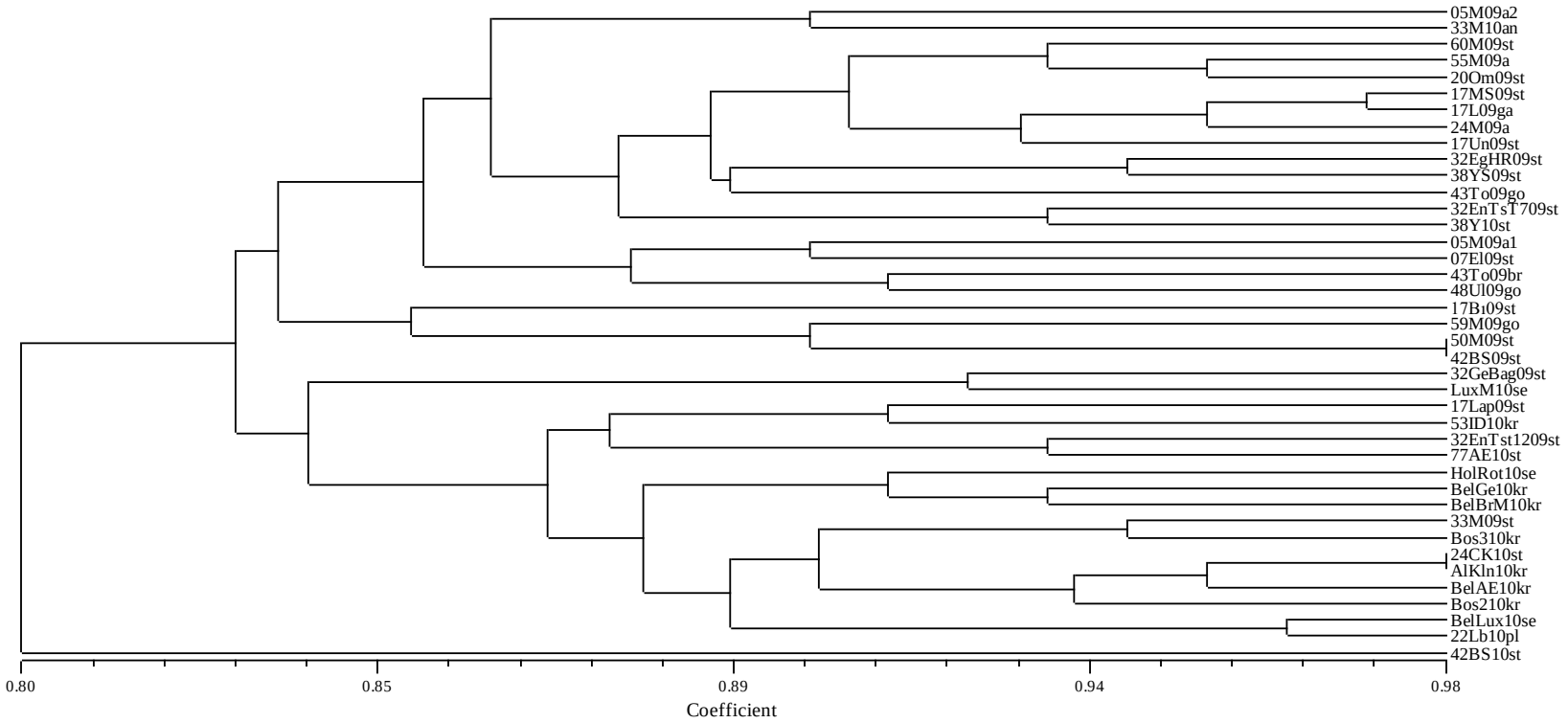
Staub ve ark. (1996), tarafından, maliyet bakımından RAPD ve ISSR teknikleri, tekrarlanabilirlik bakımından RFLP, SSR, ISSR ve AFLP DNA tekniklerinin avantajlı oldukları belirtilmiştir.

Genetik haritaları moleküler markırlarla hızlı bir şekilde doldurabilmek için RAPD, ISSR, SRAP ve AFLP gibi markırlar kullanılırken, daha spesifik markırlar elde edebilmek için SCAR, SSR ve RFLP gibi markırlar kullanılmaktadır (Gülşen ve Mutlu, 2005).

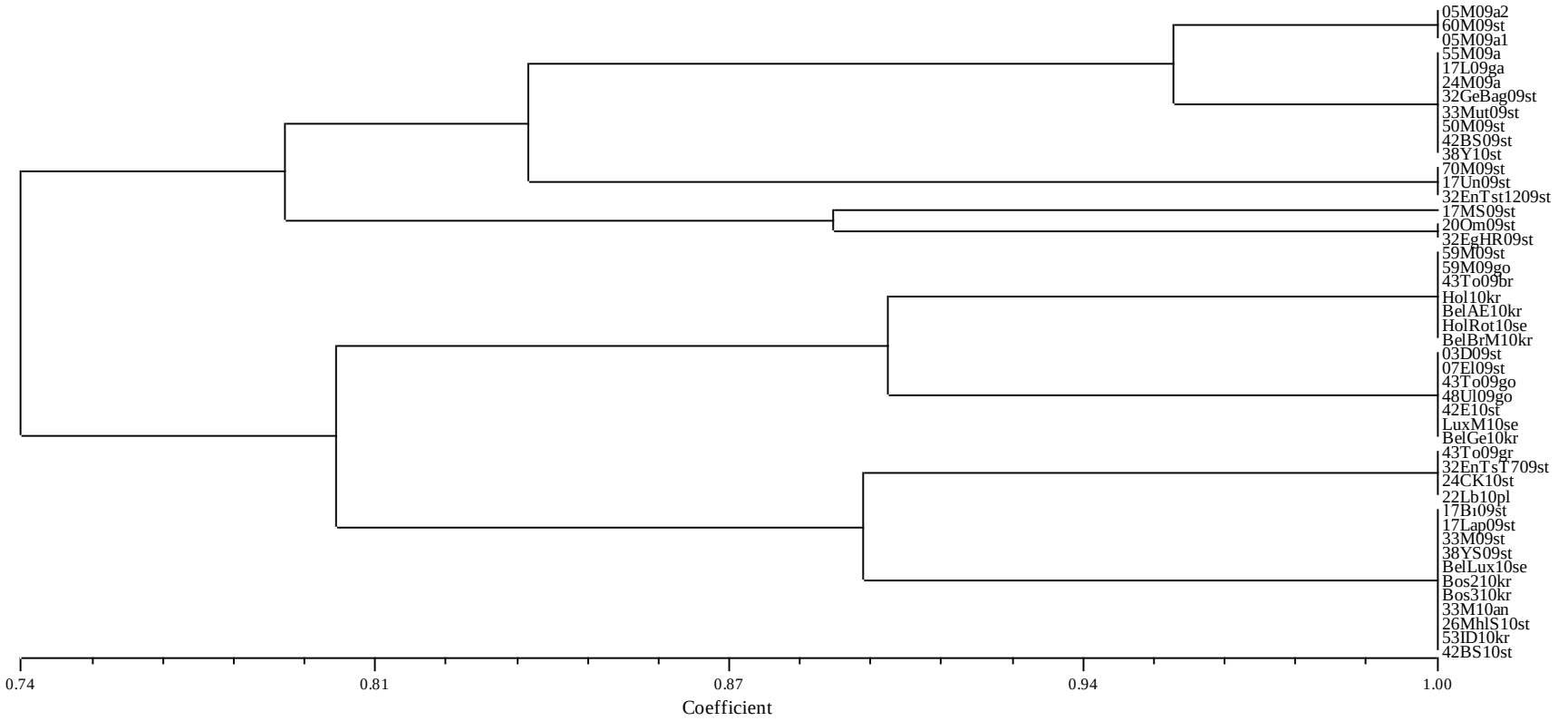
Genel olarak sonuçlar değerlendirildiğinde, Isparta grubunda olduğu gibi Türkiye grubunda da analiz neticesinde genetik benzerlikler birbirine yakın bulunmuş, gruplar arasında konukçu seçimi ve çoğrafi konum yönünden farklılıklar oluşmamıştır. SSR ve SRAP markırlarında gruplar daha toplu oluşmuş, uygulamanın kolaylığı, tekrarlanabilirlik ve spesifiklik gibi konular değerlendirildiğinde daha kullanışlı bulunmuştur.



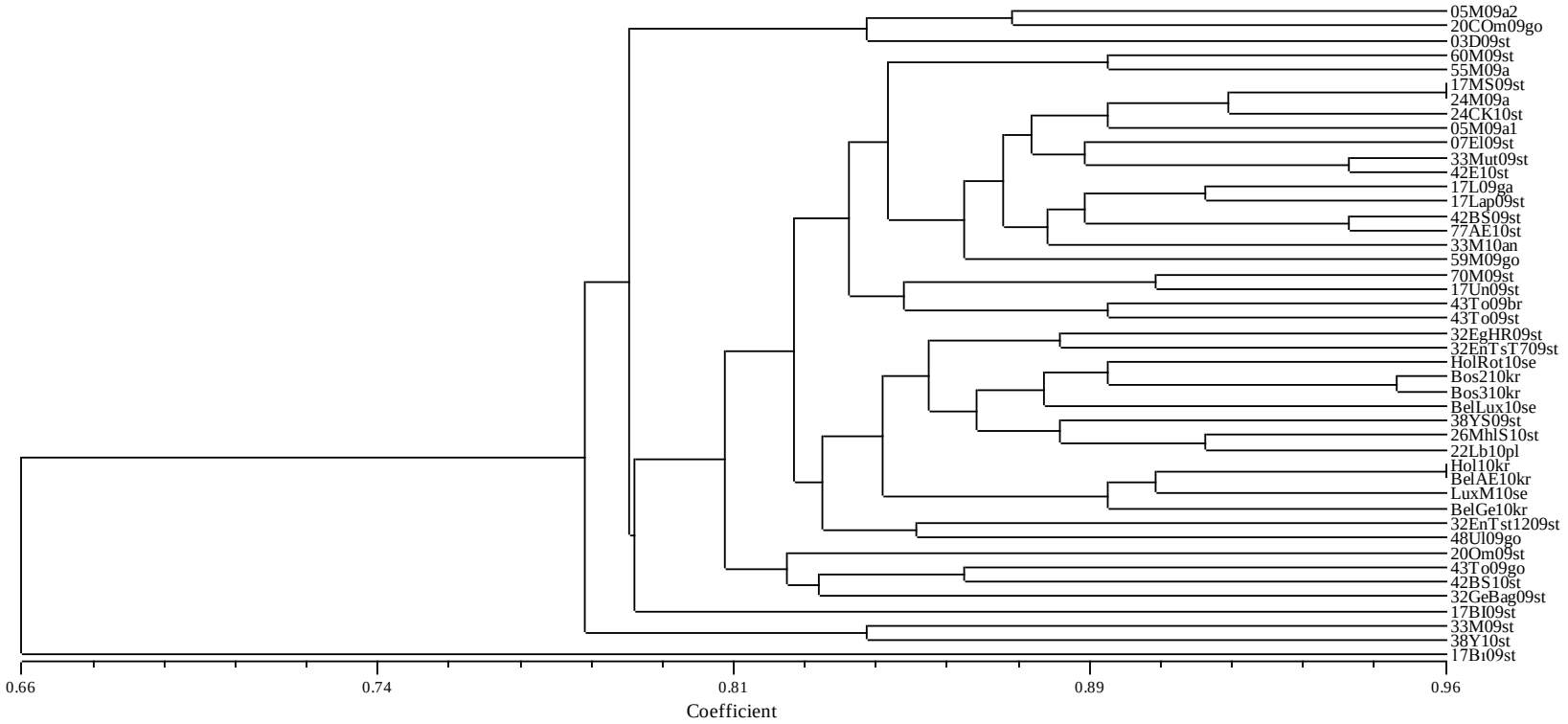
Şekil 4.16. Türkiye grubu *Venturia inaequalis* izolatlarının RAPD markırlarının analizi ile oluşturulan filogenetik soy ağacı.



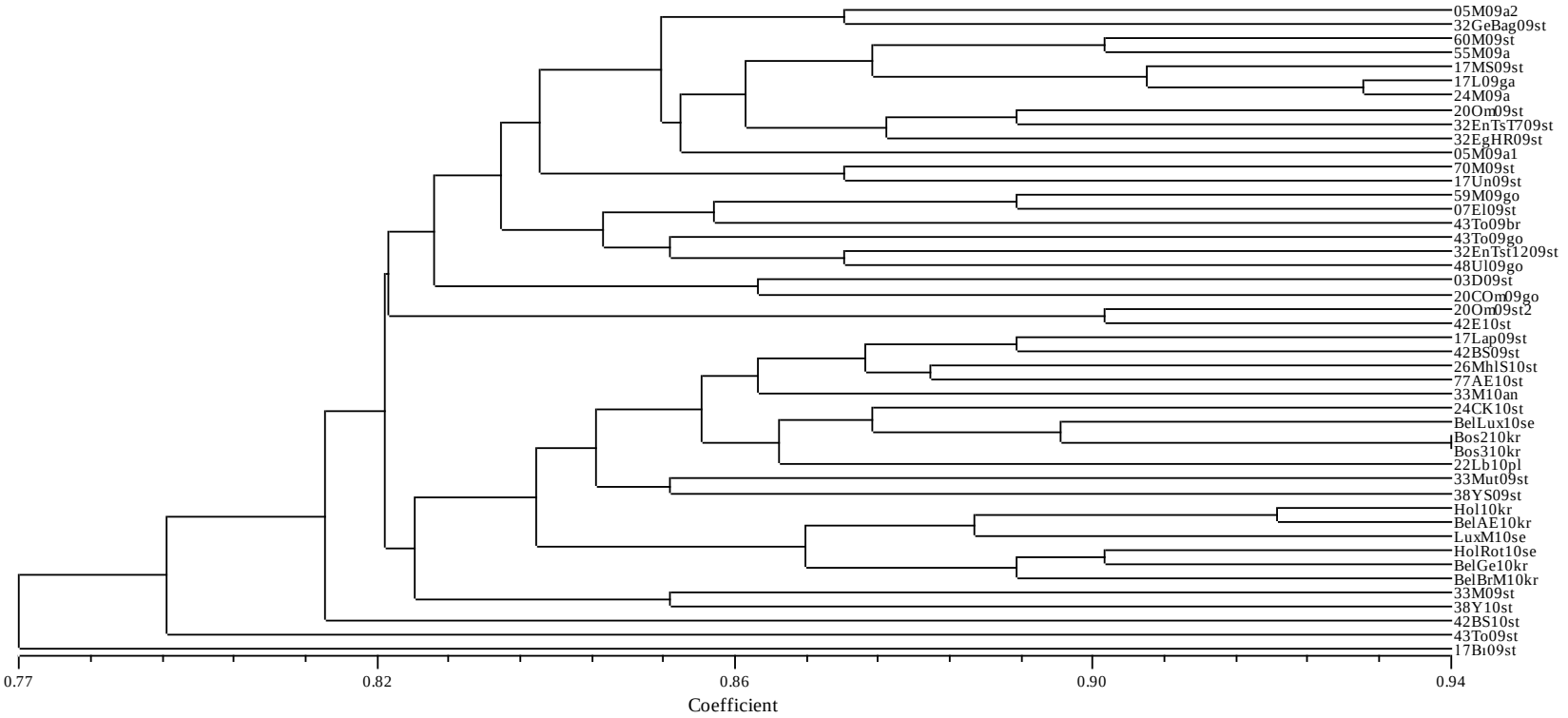
Şekil 4.17. Türkiye grubu *Venturia inaequalis* izolatlarının ISSR markırlarının analizi ile oluşturulan filogenetik soy ağacı.



Şekil 4.18. Türkiye grubu *Venturia inaequalis* izolatlarının SSR markırlarının analizi ile oluşturulan filogenetik soy ağacı.



Şekil 4.19. Türkiye grubu *Venturia inaequalis* izolatlarının SRAP markırlarının analizi ile oluşturulan filogenetik soy ağacı.

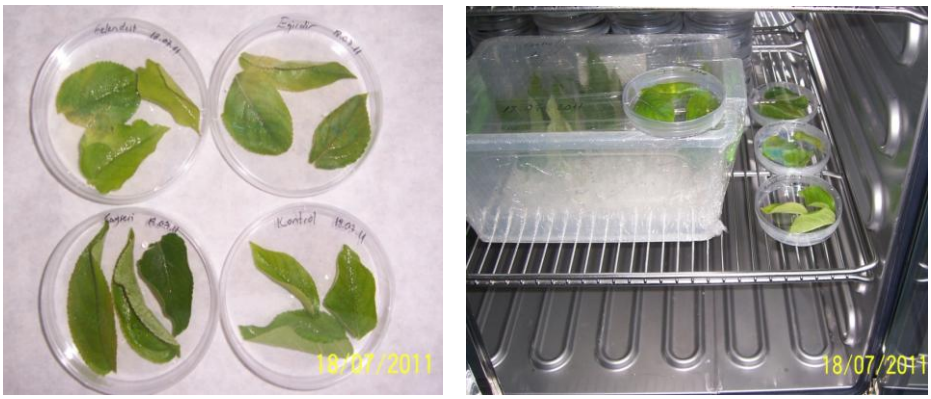


Şekil 4.20. Türkiye grubu *Venturia inaequalis* izolatlarının RAPD, ISSR, SSR ve SRAP markırlarının tümü kullanılarak oluşturulan filogenetik soy ağacı.

4.5. *Venturia inaequalis* İzolatlarının Patojenisite Çalışmaları

4.5.1. Yaprak disklerine inokülasyon

M9 anacına aşılı elma çeşitlerinin yeni gelişen filizlerinden en hassas yapraklar (3. en genç açmış yaprak) toplanmış, sodyum hipoklorit (NaClO) çözeltisinde (%1) 1 dak. 30 sn dezenfekte edilmiştir. Daha sonra 3 kez deiyonize suda durulanarak, 1 cm çapında olacak şekilde kesilmiştir. Yaprak diskleri %1'lik sulu agarda hazırlanan petri kabına yerleştirilerek, steril konidiyal süspansiyon ile inoküle edilmiştir. Konidiyal süspansiyon 2.5 × 10^5 spor/ml olarak ayarlanmış, konidiyal süspansiyondan iki 5µl damla ile yaprakların yüzeyine inoküle edilmiştir. 17 ^{0}C de 21 gün sonra belirtilerin değerlendirilmesi planlanmasına rağmen, enfeksiyon oluşmamış, yaprakların yandığı görülmüştür. Aynı işlemler yapraklar üzerinde ve misel diskleri kullanılarak uygulanmış, bu şekilde de değerlendirme yapılamamıştır (Şekil 4.21).



Şekil 4.21. Konidiyal süspansiyon ile yaprakların inoküle edilmesi ve inkübatördeki durumu

Saksı denemelerinde, izolatlara ait misel diskleri konularak inokulasyon yapılmış, bulaştırmanın yapıldığı alanlarda enfeksiyon oluşmayarak küf ve yaprak yanıklıkları meydana gelmiştir. Bu nedenlerden dolayı tek spor izolatlarının virülentliği ve patojenisiteleri tespit edilememiştir.

4.5.2. *Venturia inaequalis*'in inokülasyonu

Türkiye elma üretiminin yarısından fazlasının yapıldığı; Isparta (Eğirdir, Gelendost), Denizli (Çivril), Karaman (Merkez) ve Kayseri (Yahyalı) elma üretim

alanlarından elma kara lekesi hastalığı ile bulaşık yapraklar toplanmıştır (Şekil 4.22). Bu yapraklardan hazırlanan spor süspansiyonu ile patojenisiteleri ve virülentliğini belirlemek için elma çeşitlerine inoküle edilmiştir.



Şekil 4.22. Kayseri (Yahyalı) dan toplanan bitki örnekleri

Konidiyal süspansiyon 2.5 × 10^5 spor/ml hazırlanarak M9 anacı üzerine aşılı kültürlere inoküle edilmiştir. İnkübasyon şartları 19 ºC'de %100 nemde 24 saat olacak (10/14 saat ışık/karanlık) şekilde ayarlanarak, bitki yaprakları üzerinde %100 nemin sabit olarak oluşması için fidanlar iki gün boyunca naylon poşet ile örtülmüşlerdir (Şekil 4.23). Makroskopik semptomlar 17 gün sonra 0-4 skalasına göre değerlendirilmiştir.



Şekil 4.23. Poşet içinde ölçülen iklim değerleri

4.5.3. *Venturia inaequalis*'in patojenisite sonuçları

Farklı izolatların aynı çeşitlerde meydana getirdiği hastalık şiddeti değerleri karşılaştırıldığında fark, istatistiksel olarak önemsiz bulunmuş ancak, hastalık seviyelerinin çeşitlere göre değerlendirildiğinde ise fark istatistiksel olarak önemli bulunmuştur. Buna göre en fazla hastalık şiddeti %35.2 ile Starking Delicious çeşidinde gözlenirken (Şekil 4.25 ve Şekil 4.26), bu çeşidi Golden Delicious (Şekil 4.24) ve Galaxy Gala çeşitleri sırasıyla %27.1 ve %22 hastalık şiddeti oranlarıyla takip etmiştir. Jonagold ve Granny Smith elma çeşitlerinde hastalık şiddeti yönünden fark istatistiki olarak aynı çıkarken (%16.4 ve %12.6), tüm izolatların Juliet ve Prima elma çeşidi ile yapılan suni inokulasyonunda hiçbir enfeksiyon tespit edilememiştir (Çizelge 4.7).

Çizelge 4.7. Çeşitlere göre tespit edilen % hastalık şiddeti oranları

No	Çeşit adı	Hastalık şiddeti %
1	Starking Delicious	35,20600a
2	Golden Delicious	27,05556b
3	Galaxy Gala	22,04050c
4	Jonagold	16,35000d
5	Granny Smith	12,55000d
6	Juliet	0f
7	Prima	0f

*Aynı harfleri taşıyan gruplar arasında istatistiki fark yoktur (P<0.01).

İzolatların toplanış yerlerine göre yapılan değerlendirmede, en fazla hastalık şiddetinin Eğirdir'den (%20.4) alınan izolatta olduğu görülmüş, bu izolatı Karaman (%18.8), Gelendost (18.6) ve Kayseri (17.1) izolatları izlemiş, istatistiki olarak aynı grup içinde yer almışlardır. En düşük enfeksiyon şiddeti de Denizli izolatında %16.9 olarak tespit edilmiştir. İzolatlar arasındaki fark istatistiki olarak önemli bulunmuştur (Çizelge 4.8).

Çizelge 4.8. İzolatların alınış yerlerine göre tespit edilen % hastalık şiddeti oranları

No	İzolatın Alındığı yer	Ortalama Hastalık şiddeti %
1	Eğirdir	20,386071a
2	Karaman	18,799643ab
3	Gelendost	18,568214bc
4	Kayseri	17,058214bc
5	Denizli	16,923690c

*Aynı harfleri taşıyan gruplar arasında istatistiki fark yoktur (P<0.01).



Şekil 4.24. Golden Delicious elma çeşidinde 17 gün sonra oluşan makroskopik semptomlar

Hastalık şiddetinin en fazla Eğirdir'den (%20.4) alınan izolatda oluşmasının en önemli nedenlerinden biri, bu bölgede hastalıkla yoğun bir şekilde kimyasal mücadele yapılması olarak gösterilebilir. Göller bölgesi ilkbahar aylarında yoğun yağış alan bir bölgedir. Eğirdirli elma üreticileri için bu durum bir dezavantajdır. Çünkü konukçuların hassas olduğu ilkbahar aylarında sürekli yağış görülmektedir. Hastalığın oluşmasında Patojen-konukçu uyumuyla birlikte, uygun iklim koşulları da önemli bir etmendir. Bu nedenle hastalık; Eğirdir çevresinde sürekli epidemi göstermekte, hastalıkla mücadele amacıyla yoğun bir fungisit kullanımına ihtiyaç duyulmaktadır (Ek.10). Boyraz ve ark. (2005) Eğirdir'de elma üreticisinin hastalık ve zararlılara karşı bir sezonda 20–25 defa ilaçlama yaptığını, ilkbahar aylarının yağışlı geçtiği dönemlerde, özellikle elma kara lekesi enfeksiyonuna karşı üreticilerin bundan korunmak için ağaçları sürekli ilaçlı bulundurma eğilimi içerisinde olduklarını rapor etmişlerdir.

Le Van ve ark. (2012), *Venturia inaequalis* patojeninin *M. sieversii*, *M.x domestica* ve *M. sylvestris* elma çeşit/tipleri üzerindeki hayat döngüsünü anlamak için çapraz patojenisite testleri yapmışlardır. Elde ettikleri bulgulara göre izolatların konukçusuna has virülentlik kazandığını ve tarımsal uygulamaların hastalığın patojenisitesini arttırdığını vurgulamışlardır. Bu araştırmada yapılan patojenisite çalışmaları da araştırıcıların bulgularını desteklemiş, elde edilen bulgulara göre Isparta'da, elma yetiştiriciliği yapılan diğer bölgelere göre hastalık daha şiddetli seyretmiştir. Bunun en önemli nedenleri arasında konukçunun hassas olduğu dönem boyunca hastalık gelişimi için uygun iklim şartlarının oluşmasıdır. Yoğun fungisit

kullanımı, patojenin oluşan yeni şartlara adaptasyonunu zorunlu hale getirmekte ve daha saldırgan hale dönüşmesine neden olmaktadır.

Didelot ve ark. (2007), tarafından yapılan bir çalışmada, tek çeşit ve karışık çeşitlerden oluşan bahçelerde *V. inaequalis*'in hastalık oluşturma şiddeti araştırılmıştır. Çalışma sonucunda, karışık bahçelerdeki enfeksiyon şiddetinin monokültür yetiştiricilik yapılan bahçelere göre daha az oluştuğunu tespit etmişlerdir.



Şekil 4.25. Starking Delicious elma çeşidindeki sporulasyon olan lezyon

Mücadeleyi zorlaştıran en büyük nedenlerden birisi de, ticari açıdan yetiştiriciliği yapılan çeşitlerin çok hassas çeşitler olmasından kaynaklanmaktadır. Son yıllarda; elmacılığın yapıldığı alanlarda çok yoğun enfeksiyonlar oluşmuş, üreticiler yaptıkları mücadelede oldukça yetersiz kalmıştır. Bu durum ekonomik yönden kayıplara neden olmuş, bilinçsiz ilaç kullanımını tetiklemiştir. Ticari yönden; hassas çeşitlerin daha çok talep edilmesi, yetiştiricilik açısından ilginin bu çeşitlere doğru kaymasına neden olmuştur. Monokültür yetiştiricilik yapılan bahçelerde, fungusun adaptasyonunu kolaylaştırdığından hastalık daha şiddetli görülmektedir.

Ülkemizde elma üretiminin ticari olarak yapıldığı iller; Isparta (%22), Karaman (%12), Niğde (%12), Denizli (%8) ve Antalya (%8)'dır. Isparta ili, üretimin yanı sıra depolama, işleme ve Ar-ge altyapısı bakımından öne çıkmaktadır. Karaman ve Niğde illerinde, yoğun yetiştiricilik metotlarına uygun olarak tesis edilen yeni plantasyonlar, büyük işletme arazileri ve gün geçtikçe artan endüstri altyapısı nedeniyle dikkat çekici gelişmeler yaşanmaktadır (Öztürk ve ark., 2011).

Yetiştiricilik yapılan bölgeler değerlendirildiğinde, bu bölgeleri birbirinden izole edecek coğrafi engellerin bulunmadığı ve genellikle birbirine çok yakın ya da sınır olduğu görülmüştür. Aynı şekilde Karaman'dan alınan izolatta da hastalık şiddeti yönünden ikinci sırada bulunmuş olması bu düşünceleri kuvvetlendirmektedir. Aslında iki izolat arasındaki fark, istatistiksel olarak aynı bulunmuştur. Karaman elma yetiştiriciliğinde Isparta'dan sonra ikinci sıradadır.



Şekil 4.26. Starking Delicious elma çeşidinde 17 gün sonra oluşan makroskopik semptomlar

Tenzer ve Gessler (1997), İsviçre'de *Vf* genine sahip dayanıklı çeşitlerde dayanıklılığı kıran yeni patotipin taşınma ve yayılma hızını araştırmak için *Venturia inaequalis*'in 4 populasyonunun analizini yapmışlardır. Elde ettikleri sonuçlara göre, meydana gelen gen akışının daha çok insan aktivitesi ile arttırıldığını ve bu yüzden İsviçre'de *Vf* dayanıklılığının ne kadar süre devam edeceğinin tahmin etmenin çok zor olduğunu vurgulamışlardır.

Elma yetiştiriciliğinin yaygınlaşmasındaki en büyük rolü, firma, kooperatif, resmi ve özel fidanlıklar üstlenmektedir. Bu üretim merkezlerinin çoğu Isparta'da (21 adet) bulunmaktadır. Yurdumuzda yılda yaklaşık 7,000,000 adet meyve fidanı üretilmekte, bu rakamın %85'ini elma fidanı oluşturmaktadır (Anonim, 2011c). Son zamanlarda devlet tarafından verilen teşviklerin artmasından dolayı fidancılık diğer bölgelerde de artmıştır. Ancak üretim materyallerinin tüm yurda dağılımı bu fidanlıklardan yapılmasından dolayı tek kaynaktan ve mekanik olarak hastalığın

yayılmasını arttırmaktadır. Bu çalışmada izolatların çoğu aynı çeşitlerde ve aynı reaksiyon seviyelerinde etki göstermiş, inokulum kaynağının tek noktadan dağıldığı fikrini güçlendirmiştir.

V. inaequalis yüksek oranda genetik değişkenliğe sahiptir. Fungus genetik olarak her yıl rekombinasyona uğramakta, bu nedenle de konukçu dayanıklılığını zayıflatma yeteneğini gün geçtikçe arttırmaktadır. Hastalıklara dayanıklılık ıslahı çalışmalarında, birkaç dayanıklılık kaynağının kombine edilerek poligenik dayanıklılığın geliştirilmesi amaçlanmaktadır (Sandskar, 2003).

Yeni ırkların oluşumu ve virülentliği arttıran etkenlerin başında, çevre şartları, konukçu duyarlılığı, kimyasal mücadeleyle oluşan seleksiyon baskısı gibi nedenler bulunmaktadır. 1900'lü yıllarda kara leke hastalığına karşı Golden Delicious elma çeşidi oldukça dayanıklı olduğu düşünülürken, bugün patojenin virülentliğini arttırmasıyla en hassas çeşitlerden birisi haline gelmiştir.

Farklı dayanıklılık kaynaklarına ait elma çeşitlerinin çoğu Eğirdir'de Meyvecilik Araştırma İstasyonu gen kaynakları parselinde bulunmaktadır. Çünkü bu çeşitlerin ticari özellikleri hassas çeşitlere göre daha düşüktür ve üreticiler tarafından tercih edilmemektedir. Bu çeşitler sadece Araştırma istasyonunun gen kaynağı parsellerinde ve çok az olarak da (%1) organik yetiştiricilik yapılan alanlarda tercih edilmektedir. Bu nedenle ilaçlamanın çok olduğu ve dayanıklı çeşitlerin muhafaza edildiği parsellerde oluşan mutasyonlar neticesinde, fungusun yeni bir ırk oluşturma ihtimali daha fazladır. Çünkü buralarda, diğer bölgelere göre seleksiyon baskısı daha yoğun olmaktadır (Brown, 1994).

Kaymak ve ark. (2008), 2005–2006 yıllarında Eğirdir Bahçe Kültürleri Araştırma Enstitüsü'nde MM 106 anacı üzerine aşılı 51 adet elma çeşidini doğal inokulasyon koşullarında elma kara lekesi hastalığına karşı dayanıklılık açısından test etmişler ve *Vf* dayanıklılık genini taşıyan Beacon, Juliet, Cooper 44, Enterprise, Prima, Priscilla ve Red Free elma çeşitlerini hastalığa karşı dayanıklı olduklarını rapor etmişlerdir.

Ayırıcı hatlara göre ırkları özetlersek; 1 nolu ırk yaygın olarak ABD ve diğer ülkelerde bulunmuş, 2 nolu ırk ise Dolgo, Rus çeşidi R12740-7A ve Geneva elma çeşitlerinde yaptığı enfeksiyona göre tanımlanmıştır. 3 nolu ırk, Geneva çeşidinde yaptığı enfeksiyona göre belirlenmiş ve orijin olarak 2 nolu ırk ile aynı olduğu düşünülmüştür. 4 nolu ırk, *M. pumila* R12740-7A'da ABD'de tanımlanmıştır. Yine aynı yerde *M.micromalus* ve *M. atrosanguinea* çeşitlerinde nokta tip reaksiyon vermesiyle 5

nolu ırk tanımlanmıştır. Aynı çalışmalar İngiltere'de yapılmış, *M. micromalus*'un bazı tiplerinde sporulasyon oluşmuştur. Almanya'nın Ahrensburg şehrinde *Vf* dayanıklılık genini taşıyan Prima elma çeşidinde görülen enfeksiyona göre de 6 nolu ırk tanımlanmıştır. Fakat aynı izolat ile yapılan çalışmalarda *M. floribunda* 821 klonunda enfeksiyon oluşmamıştır. Aynı şekilde Granny Smith ve *Vbj, Vr* ve *Va* genlerini taşıyan elma çeşitlerinde hastalık meydana getiremediği rapor edilmiştir. 7 nolu ırk ya da İngiliz ırkı, *M. floribunda* 821 klonunda ve *Vf* geni taşıyan bazı elma çeşitlerinde hastalık meydana getirmiş ve ikinci bir dominant genin varlığı (*Vfh*) düşünülmüştür. 7 nolu ırk Golden Delicious elma çeşidinde hastalık oluşturamamış ve bunun sonucunda bu elma çeşidinde *Vg* dayanıklılık geni tespit edilmiştir. 8 nolu ırk, *M. sieversii* W193B (*Vh8*) çeşidinde yaptığı enfeksiyona göre (stellate yıldız şeklinde nekrotik) tanımlanmıştır (Parisi ve Lespinasse, 1996; Benaouf ve Parisi 1997, 2000; Bus ve ark., 2005).

Kaymak ve ark. (2011), Eğirdir'de elma gen kaynaklarında bulunan, kara lekeye dayanıklılık durumlarına göre 83 elma çeşit ve tipleri seçerek, elma kara lekesi hastalığına dayanıklılıkta rolü olduğu bilinen 10 farklı dayanıklılık geninin varlığı, bu genlere bağlı olduğu bilinen moleküler markırlar kullanılarak taramışlardır. Yapılan analizler sonucunda; 76 çeşitte kara lekeye dayanıklılık genlerinden en az birinin olduğu, bazı çeşit ve tiplerde ise birden fazla dayanıklılık geninin bulunduğunu belirtmişlerdir. Yaptıkları çalışmalara göre; *Vh2/Vh8* geni ile 28, *Vh4* geni ile 24, *Vbj* geni ile 20, *Vb* geni ile 13, *Vf* geni ile ilgili 10, *Vm* geni ile 6, *Vr2* ve *Vg* genleri ile ilgili olarak 3 elma çeşit ve tipinde elma kara lekesi hastalığına dayanıklılıkla ilişkili olarak genlerin varlığını tespit etmişlerdir.

Eş zamanlı olarak yapılan çalışmalardan elde edilen bulgular neticesinde, dayanıklı çeşitlerde virülent ırklar olan 4, 5, 6 ve 7 nolu ırkların henüz ülkemize yayılmadığı anlaşılmıştır. Araştırıcıların Isparta'da daha önce yaptıkları çalışmalarda, farklı dayanıklılık kaynaklarının da çalıştığını tespit etmeleri (*Vf, Vb, Vbj, Vh8, Vh4, Vr2* ve *Vm*) Türkiye'de bulunan yaygın izolatın tüm dünyadaki yaygın tip olan 1 nolu ırk olduğunu göstermiştir. Bunun en önemli göstergesi ise bu çalışmada kullanılan (Prima, Juliet) dayanıklılık kaynaklarının hiçbirinde fungus hastalık oluşturamamış, sadece Gala, Starking Delicious, Golden Delicious gibi hassas olarak bilinen çeşitlerde hastalık oluşturabilmiştir.

5. SONUÇLAR VE ÖNERİLER

5.1 Sonuçlar

Elma üretimi yapılan beş Avrupa ülkesi (11 adet) ile 22 il'de yapılan incelemelerde (106 adet), elma bahçelerinden toplam 117 adet *V. inaequalis*'in tek spor izolatları toplanmıştır. Bu materyallerden elde edilen DNA örnekleri RAPD(11), ISSR(6), SSR(6) ve SRAP(14) markırları kullanılarak PCR ve elekroforez yapılmış, jel görüntüleme işleminden sonra bantlar değerlendirilerek moleküler karakterizasyonları yapılmıştır.

Örnekler Isparta grubu ve Türkiye grubu olmak üzere iki grup altında toplanarak moleküler analizleri yapılmıştır. Elde edilen bulgulara göre;

- RAPD analizlerinde; polimorfizm oranı % 88 olarak tespit edilmiştir. Polimorfizm Bilgi İçeriği değerleri ise genel ortalama olarak da 0.42 olarak tespit edilmiştir. Isparta grubu RAPD analizlerinde; 67 örnek çalışılmış, bu analizlere göre birbirine yakın ilişki gösteren (0.81) 2 ana grup belirlenmiştir. Türkiye grubu RAPD analizlerinde; RAPD markırına göre yapılan analizlerdeki dendrogramların incelenmesinde; 0.83'lük oranla ilk grup ayrılmış ve bunları birçok alt grup takip etmiştir. Dendrogramda bütün genotiplerin benzerlik düzeyleri 0.53 ile 1.00 arasında değiştiği tespit edilmiştir.
- ISSR analizlerinde; Primer başına ortalama bant sayısı 6.2, ortalama polimorfik bant sayısı ise 4.2 olarak belirlenmiştir. Isparta grubu ISSR analizlerinde; Bu analizlere göre birbirine yakın ilişki gösteren (0.82) 2 ana grup belirlenmiştir. Türkiye grubu ISSR analizlerinde; Bu grupların birincisi sadece 1 izolat (32EgK09st) içerirken diğerlerinin tamamı diğer grup içerisinde yer almıştır.
- SSR analizlerinde; çalışmalarda 6 adet SSR primer çifti kullanılmıştır. Elde edilen sonuçlara göre, primer başına ortalama bant sayısı 1.9, ortalama polimorfik bant sayısı ise 1.7 olarak belirlenmiş, sadece 1aac4h primer çiftinde tek bant elde edilerek polimorfizm oranı (% 0) saptanmıştır. Isparta grubu SSR analizlerinde; diğer markırlarde elde edilen gruplara göre daha net bir şekilde oluştuğu görülmüştür. Bu analizlere göre 0.74 oranında akraba 2 ana grup oluşmuş, her bir ana grup kendi içinde yaklaşık olarak

0.80'de dallara ayrılarak birbirine genetik olarak yakın 7 alt grup meydana getirmiştir. Dendrogramda bütün genotiplerin benzerlik düzeyleri 0.53 ile 1.00 arasında değiştiği tespit edilmiştir. Türkiye grubu SSR Primer çiftleri başına ortalama bant sayısı 1.9, ortalama polimorfik bant sayısı ise 1.7 olarak saptanmıştır. Dendrogramda bütün genotiplerin benzerlik düzeyleri 0.57 ile 1.00 arasında değiştiği tespit edilmiştir.

- ❖ SRAP analizlerinde; iyi sonuç veren 14 adet primer kombinasyonu bütün örneklerin PCR çalışmalarında kullanılmıştır. Primer başına ortalama bant sayısı 6.5, ortalama polimorfik bant sayısı ise 4.8 olarak belirlenmiştir. Isparta grubu SRAP analizlerinne göre birbirine yakın ilişki gösteren 2 ana grup belirlenmiştir (0.74). Dendrogramda, bütün genotiplerin benzerlik düzeyleri 0.67 ile 0.94 arasında değiştiği görülmüştür. Türkiye grubu SRAP markırlarına göre de SSR markırı ile yapılan analiz gibi daha net sonuçlar çıkmış, birbirine 0.66 oranında akrabalık gösteren 2 ana grup oluşmuştur. Örnekler arasında düşük düzeyde varyasyon olduğu saptanmış, dendrogramda bütün genotiplerin benzerlik düzeyleri 0.54 ile 0.96 arasında değiştiği tespit edilmiştir.
- ❖ Markırların hepsi kullanılarak yapılan analizlere göre birbirine yakın ilişki gösteren 2 ana grup oluşurken (0.77), SRAP markırında olduğu gibi 0.94'lük benzerlik derecesiyle Bosna örnekleri genetik olarak en yakın örnekler olarak tespit edilmiştir.

Türkiye elma üretiminin yarısından fazlasının yapıldığı; Isparta (Eğirdir, Gelendost), Denizli (Çivril), Karaman (Merkez) ve Kayseri (Yahyalı) elma üretim alanlarından toplanan elma kara lekesi hastalığı ile bulaşık yapraklardan hazırlanan spor inokülümleri değişik elma çeşitlerine yapraktan inoküle edilerek izolatların patojenisiteleri belirlenmiştir.

- ❖ Farklı izolatların aynı çeşitlerde meydana getirdiği hastalık şiddeti değerleri karşılaştırıldığında fark istatistiksel olarak önemsiz bulunmuş, hastalık seviyelerinin çeşitlere göre değerlendirildiğinde ise fark istatistiksel olarak önemli bulunmuştur. Buna göre en fazla hastalık şiddeti %35.2 ile Starking Delicious çeşidinde gözlenirken, bu çeşidi Golden Delicious ve Galaxy Gala çeşitleri sırasıyla %27.1 ve %22 hastalık şiddeti oranlarıyla takip etmiştir. Jonagold ve Granny Smith elma çeşitlerinde hastalık şiddeti yönünden fark istatistiki olarak aynı çıkarken (%16.4 ve %12.6), tüm

izolatların Juliet ve Prima elma çeşidi ile yapılan yapay inokulasyonunda hiçbir enfeksiyon tespit edilememiştir.

- ❖ İzolatların alınış yerlerine göre yapılan değerlendirmede, en fazla hastalık şiddetinin Eğirdir'den (%20.4) alınan izolatda olduğu görülmüş, bu izolatı Karaman (%18.8), Gelendost (18.6) ve Kayseri (17.1) izolatları izlemiş, istatistiki olarak aynı grup içinde yer almışlardır. En düşük enfeksiyon şiddeti de Denizli izolatında %16.9 olarak tespit edilmiştir. İzolatlar arasındaki fark istatistiki olarak önemli bulunmuştur.

5.2 Öneriler

ISSR ve SRAP markırları, ilk defa bu çalışmada *V. inaequalis* izolatlarının moleküler karakterizasyonu için kullanılmıştır. Genel olarak sonuçlar değerlendirildiğinde, Isparta grubunda olduğu gibi Türkiye grubunda da analiz neticesinde genetik benzerlikler birbirine yakın bulunmuş, gruplar arasında konukçu seçimi ve çoğrafi konum yönünden farklılıklar oluşmamıştır. SSR ve SRAP markırlarında gruplar daha toplu oluşmuş, uygulamanın kolaylığı, tekrarlanabilirliği ve spesifikliği gibi konular değerlendirildiğinde daha bilgi verici bulunmuştur.

SSR analizlerinde; PCR ürünleri, kapiller elektroforezide ya da poliakrilamid jel'de yapılamamıştır. Kullanılan %2'lik yüksek çözünürlü agar da yalnızca 4-6 nükleotide kadar ayrıştırma mümkün olabilmekte, bunun sonucu olarakta birbirine yakın bantların aynı olarak değerlendirilmesine yol açmaktadır. Bu çalışmada kullanılan SSR Primer çiftleri sadece RAPD markırında olduğu gibi sadece skorlamada kullanılabilmiştir. Yinede co-dominant markır olması sebebiyle elde edilen sonuçlar bu markır sisteminde daha doğru ve tekrarlanabilir bulunmuştur. Bundan sonra yapılacak SSR çalışmalarında, DNA dizi analizlerine göre çalışmalar hedeflenmelidir.

Patojenin yayılma kabiliyeti ve adaptasyonu göz önünde tutulduğunda, hastalığa karşı dayanıklılığın uzun sürmesi beklenmemelidir. Dünyada yapılan çalışmalarda ırkların bir şekilde tek bir kaynaktan yayıldığı ve patojenin kendini oluşan şartlara adapte etmesiyle ırkların meydana geldiği belirtilmektedir. *Vf* dayanıklılık geni taşıyan çeşitler yoğun olarak kullanılmaya başlandığında, patojen de oluşan bu dayanıklılık bariyerine takılacak ve zaman içinde değişen bu şartlara uyum sağlayacaktır. Bu yüzden poligenik dayanıklılıkla güçlendirilmiş, yeni milli ıslah programlarının bir an önce faaliyete geçirilmesi gerekmektedir.

Elma yetiştiriciliğinin yoğun yapıldığı bölgelerden düzenli aralıklarla tek spor izolasyonları yapılmalı ve ayırıcı hatların kullanıldığı patojenisite çalışmalarında kullanılarak populasyondaki varyasyonlar gözlem altında tutulmalıdır. Dayanıklı olarak tespit edilen yerli çeşitler de bu gibi çalışmalarda kullanılarak dayanıklılık potansiyelleri belirlenmelidir.

Bundan sonra yapılacak çalışmalarda üniversal ırkların getirilerek, ırklara spesifik primerlerin geliştirilmesine yönelik çalışmalar planlanmalı, ıslah çalışmalarında kullanılmasının önü açılmalıdır.

Yine de zamanla, yoğun ilaçlamanın olumsuz etkilerinden biri olarak hastalığın direnç gösteren yeni ırklarının ortaya çıkması kaçınılmaz bir durumdur. Aynı şekilde, genetik kaynakların etkili bir şekilde değerlendirilmesi ile hastalığa karşı dayanım sağlayan yeni dayanıklılık genlerinin de bulunması söz konusudur.

Bu çalışma ile ülkemizin farklı bölgelerinden toplanan karaleke izolatları arasındaki genetik çeşitlilik düzeyleri farklı moleküler markırlar kullanılarak ortaya konulmuştur. Markır sistemlerinden elde edilen sonuçlar toplu olarak değerlendirildiğinde, izolatların tamamı birbirinden ayrılmış ve bunlar arasında bir varyasyon olduğu görülmüştür. Elde edilen bulgular ışığında, *Venturia inaequalis* izolatları arasında tespit edilen varyasyonun şuan için ırk oluşturabilecek düzeyde olmadığı kanaati oluşmuştur. Bu çalışma bu alandaki ilk çalışma olup, gelecekte bu konuda yapılacak daha geniş ve detaylı çalışmalar, karaleke ırklarının çeşitliliği ve dağılımları ile ilgili önemli bilgileri ortaya koyacaktır.

KAYNAKLAR

Afuniana, M.R., Goodwina, P.H., Hunterb, D.M., 2004, Linkage of *Vfa4* in *Malus* × *domestica* and *Malus floribunda* with *Vf* resistance to the apple scab pathogen *Venturia inaequalis, Plant Pathology* 53, 461–467.

Agrios, G.N., 1997, Plant pathology (IV Edition), 12-044564-6, California, USA, s:619.

Ağar, A., 2007, *Aurantioidae* alt familyasındaki cinslerde yer alan bazı türlerin SSR markırlarıyla moleküler karakterizasyonu, Yüksek Lisans Tezi, *Çukurova Üniversitesin Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoteknoloji Anabilim Dalı*, s:104.

Akpınar, A.E., Koçal, H., Ergül, A., Kazan, K., Şelli, M.E., Bakır, M., Aslantaş, Ş., Kaymak, S., Sarıbaş, R., 2010, SSR-based molecular analysis of economically important Turkish apricot cultivars, *Genetics and Molecular Research* 9 (1): 324-332.

Anonim, 2011a, TÜİK, 2010, Bitkisel üretim istatistikleri, http://www.tuik.gov.tr/bitkiselapp/bitkisel.zul, Ziyaret tarihi: 22.12.2011.

Anonim, 2011b, http://www.ispartakulturturizm.gov.tr/belge/1-33628/genel-bilgiler.html, Ziyaret tarihi: 27.12.2011.

Anonim, 2011c, Gıda, Tarım ve Hayvancılık Bakanlığı Isparta Tarım İl Müdürlüğü, Bitkisel Üretim ve Sağlığı Şubesi verileri.

Anonymous, 2012, Dünya meyve üretim istatistikleri, *FAO*. Ziyaret tarihi: 16.03.2012.

Anonim, 2008, Zirai mücadele teknik talimatları, Cilt:4, *Tarım ve Köyişleri Bakanlığı, Tarımsal Araştırmalar Genel Müdürlüğü,* Ankara, s:388.

Barr, M.E., 1968, *The Venturiacae in North America Canadian Journal of Botany* 46:799-864.

Baysal, Ö., Siragusa, M., İkten, H., Polat, İ., Gümrükçü, E., Yiğit, F., Carimi, F., Teixeira da Silva, J.A., 2009, Fusarium oxysporum f. sp. lycopersici races and their genetic discrimination by molecular markers in West Mediterranean region of Turkey, *Physiological and Molecular Plant Pathology* 74, 68–75.

Benaouf, G., Parisi, L., 1997, Pathojenity of *Venturia inaequalis* strains from Malus floribunda 821: comparison with race 6 on apple clones, OILBWPRS Bull. 20:8-11.

Benaouf, G., Parisi, L., 1998, Characterization of *Venturia inaequalis* pathogenicity on leaf discs of apple trees, *European Journal of Plant Pathology* 104: 785–793.

Benaouf, G., Parisi, L., 2000, genetics of host- pathojen realitionships between *V. inaequalis* races 6 and 7 and *Malus* Species, *Phytopatholgy*, 90:236-242.

Boehm, E.W.A., Freeman, S., Shabi, E., Michailides, T.J., 2003, Microsatellite Primers Indicate the Presence of Asexual Populations of *Venturia inaequalis* in Coastal Israeli Apple Orchards, *Phytoparasitica* 31:3.

Bowen, J.K., Mesarıch, C.H., Bus, V.G.M., Beresford, R.M., Plummer, K.M., Templeton, M.T., 2011, *Venturia inaequalis*: the causal agent of apple scab, *Molecular Plant Pathology* 12(2), 105–122.

Boyraz, N., S., Kaymak, F., Yigit, 2005**,** Eğirdir ilçesi elma üreticilerinin kimyasal savaşım uygulamalarının genel değerlendirilmesi, *S.Ü. Ziraat Fakültesi Dergisi* 19 (36): 37-51.

Brown, J.K.M., 1994, Chance and selection in the evolution of barley mildew. *Trends Microbiol*. 2, 470–475.

Bus, V.G.M., Laurens, F.N.D., Van De Weg, W.E., Rusholme, R.L., Rıkkerınk, E.H.A., Gardıner, S.E., Basset, H.C.M., and Plummer, K.M., 2005, The Vh8 locus of a new gene-for-gene interaction between *Venturia inaequalis* and the wild apple *Malus sieversii* is closely linked to the Vh2 locus in *Malus pumila* R12740-7, *New Phytol*. 166: 1035-1049.

Bus, V.G.M., Rikkerink, E., Aldwinckle, H.S., Caffier, V., Durel, C.E., Gardiner, S., Gessler, C., Groenwold, R., Laurens, F., Le Cam, B., Luby, J., MacHardy, W., Meulenbroek, B., Kellerhals, M., Parisi, L., Patocchi, A., Plummer, K., Schouten, H.J., Tartarini, S., Van de Weg, W.E., 2009, A proposal for the nomenclature of *Venturia inaequalis* races. *ISHS Acta Horticulturae* 814:739–746.

Dayton, D. F., and Williams, E. B. 1970. Additional allelic genes in Malus for scab resistance of two reaction types, Proc. Amer. Soc. Hortic. Sci. 95: 735–736.

Dice, L.R.. 1945, Measures of the amount of ecologic association between species. *Ecology* 26:297-302.

Didelot, F., Brun, L., Parisi, L., 2007, Effects of cultivar mixtures on scab control in apple orchards, *Plant Pathology* 56 , 1014–1022.

Durel, C.E., Parisi, L., Laurens, F., 2000, Does the Vf gene maintain a residual resistance to apple scab despite its breakdown by *Venturia inaequalis* race 6 strains ? Eucarpia Symposium on Fruit Breeding and Genetics, *ISHS Acta Horticulturae* 538.

Doyle, J.J., Doyle, J.L. 1990, Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*,12: 13–15.

Gelvonauskis, B., Gelvanauskiene, D., 2004, Scab resistance in apple cultivars from the lithuanian germplasm collection and selection of donors for breeding, *Journal of Fruit and Ornamental Plant Research*, 12.

Goethe, R., 1887, Weitere Beobachtungen über den Apfel-und Birnenrost, *Fusicladium dendriticum* (Wallr.) Fck und *Fusicladium pyrinum* (Lib)Fckl. *Gartenflo*ra, 36:293-299.

Gessler, C., Patocchi, A., Sansavini, S., Tartarini, S., Gianfranceschi, L., 2006, *Venturia inaequalis* Resistance in Apple, *Critical Rewiews in Plant Sc*iences, 25:6, 473-503.

Guérin, F., Gladieux, P., Le Cam, B., 2007, Origin and colonization history of newly virulent strains of the phytopathogenic fungus *Venturia inaequalis, Fungal Genetics and Biology* 44, 284–292.

Guérin, F., Franck, P., Loiseau, A., Devaux, M., Cam, B.L., 2004, Isolation of 21 new polymorphic microsatellite loci in the phytopathogenic fungus *Venturia inaequalis, Molecular Ecology Notes* 4, 268 –270.

Gülşen, O., Mutlu, N., 2005, Bitki biliminde kulanılan genetik markırlar ve kullanım alanları, *Alatarım,* 4(2):27-37.

Gülşen, O., Karagül, S., Abak, K., 2007, Diversity and relationships among Turkish okra germplasm by SRAP and phenotypic marker polymorphism. *Biologia*, 62:1 41–45.

Güncan, A., Boyraz, N., 2002, Fitopatoloji (İkinci Baskı), Selçuk Üniversitesi yayınları No:134, *Ziraat Fakültesi Yayınları* No: 30, Konya, s:58-61.

Hough, L. F. 1944, A suvey of the scab resistance of the foliage on seedling in selected apple progenies. *Proc. Amer. Soc. Hort. Sci.* 44: 260–272.

Janick, J., Moore, J.N.,1996, *Fruit breeding*. Vol I. Tree and Tropical Fruits, s:1- 77. John Wiley & Sons, Inc., New York, USA.

Janick J., Cummis, Jn., Brown, Sk., Hemmat, M., 1996, Apples. In: Janick J, Moore JN (eds) *Fruit breeding* (1), tree and tropical fruits. Wiley, New York, s: 1-77.

Jha, G., Thakur, K., Thakur, P., 2009. The Venturia Apple Pathosystem: Pathogenicity Mechanisms and Plant Defense Responses, *Hindawi Publishing Corporation Journal of Biomedicine and Biotechnology*, Article ID 680160, 10 pages doi:10.1155/2009/680160.

Jones, A.L., and Aldwinckle, H.S., 1991, Compendium of apple and pear diseases, *The American Phytopathological society* 3340 Pilot Knob Poad st. Paul, Minnesota 55121-2097, 53, USA.

Kaymak, S., Boyraz, N., İşci, M., Dolunay, E., Özongun, Ş., 2008, MM 106 Anaçlı bazı elma çeşitlerinin elma kara lekesi hastalığı (*Venturia İnaequalis* (Cke.) Wint.)'na karşı dayanıklılık reaksiyonlarının belirlenmesi üzerine araştırmalar, *S.Ü. Ziraat Fakültesi Dergisi,* 23 (45).

Kaymak, S., Şahin-Çevik, M., Çevik, B., Boyraz, N., 2011, Bazı Elma Çeşitlerinin Elma Kara Lekesi Hastalığına (*Venturia inaequalis* (Cke.) Wint.) Dayanıklılık Genleri Açısından Moleküler Markırlar Yardımıyla Taranması, *Türkiye IV. Bitki Koruma Kongresi Bildirileri*, 28-30 Haziran 2011, Kahramanmaraş, s:89.

Kaymak, S., Özgönen, H., Boyraz, N., İşci, M., Öztürk, Y., Şenyurt, H., 2011, Elma Kara Lekesi Hastalığı (*Venturia inaequalis* (Cke) Wint.)'na Karşı Bazı Fungisitlerin *In Vitro* ve *In Vivo*'da Antifungal Etkilerinin Belirlenmesi, *Türkiye IV. Bitki Koruma Kongresi Bildirileri,* 28-30 Haziran 2011 Kahramanmaraş, s:339.

Kaymak, S., M., Çevik, Şahin-Çevik, M., İşçi, Ş., Özongun, 2012, Elma Çeşitlerinin Karaleke Hastalığına (*Venturia inaequalis* (Cke.) Wint.) Dayanıklılık Genleri Açısından Moleküler Markırlar Yardımıyla Taranması, Sonuç Raporu, *TAGEM* BS 0704 06 0204, Isparta.

Koch, T., Kellerhals, M., and Gessler, C. 2000, Virulence pattern of *Venturia inaequalis* field isolates and corresponding differential resistance in *Malus* x *domestica*. *J. Phytopathology* 148: 357–364.

Köller, W., 1994, Chemical control of apple scab—status quo and future. *Norweg. J. Agric. Sci. Suppl.* 17, 149–170.

Le Van, A., Gladieux, P., Lemaire, C., Cornille, A., Giraud, T., Durel, C.E., Caffier, V., Le Cam, B., 2012, Evolution of pathogenicity traits in the apple scab fungal pathogen in response to the domestication of its host, Evolutionary Applications ISSN 1752-4571, *Blackwell Publishing* Ltd.

Li, G., Quiros, C.F., 2001, Sequence-related amplified polymorphism (SRAP), a new marker system based on a simple PCR reaction: its application to mapping and gene tagging in Brassica, *Theor Appl Genet* 103:455–461.

Lu, Y., Zhang, X., Pu, J., Qi, Y., Xie, Y., 2011, Molecular assessment of genetic identity and genetic stability in banana cultivars (*Musa* spp.) from China using ISSR markers, *AJCS* 5(1):25-31.

MacHardy, We., 1996, Inheritance of resistance to *Venturia inaequalis*. In: Apple scab, biology, epidemiology and manage-ment. *APS*, St. Paul, s: 61-103.

MacHardy, W., Gadoury, D. M., and Gessler, C. 2001, Parasitic and biological fitness of *Venturia inaequalis*: relationship to disease management strategies. Feature article. *Plant Dis.* 85: 1036–1051.

Maliepaard, C., Alston, F. H., van Arkel, G., Brown, L. M., Chevreau, E.,Dunemann, F., Evans, K. M., Gardiner, S., Guilford, P., van Heusden, A. W., Janse, J., Laurens, F., Lynn, J. R., Manganaris, A. G., den Nijs, A. P. M., Periam, N., Rikkerink, E., Roche, P., Ryder, C., Sansavini, S., Schmidt, H., Tartarini, S., Verhaegh, J. J., Vrielink-van Ginkel, M., and King, G. J., 1998, Aligning male and female linkage maps of apple (*Malus pumila* Mill.) using multi-allelic markers. *Theor. Appl. Genet.* 97: 60–73.

Martinez-Bilbao, A. Murillo, J., 2005, Six races of *Venturia inaequalis* are found causing apple scab in Spain. Plant Disease 89 (8) : 908 2005, ISSN: 0191-2917, *American Phytopathological Society* (APS Press); St. Paul; USA.

Melounová, M., Vejl, P., Sedlák, P., Reznerová, A., Tesařová, M., Blažek, J., Zoufalá, J., 2004, The variability of *Venturia inaequalis* CKE. Races in the Czech Republic and the accumulation of resistance genes in apple germplasm, *Plant Soil Environ*., *50*, (9): 416–423.

Meszka, B., Broniarek-Niemiec, A., Bielenin, A., 2008, The Status of Dodine Resistance of *Venturia inaequalis* Populations in Poland, *Phytopathol*. Pol. 47: 57–61.

Monte-Corvo, L., Goulão, L., Oliveira, C., 2002, Discrimination of Pear Cultivars with RAPD, AFLP and ISSR. *ISHS Acta Horticulturae* 596:187-191.

Öztürk, F.P., Karamürsel, D., ve Emre, M., 2011, Dünyada elmanın ekonomik önemi, Editörler; Akgül, H., Kaçal, E., Öztürk, F.P., Özongun, Ş., Atasay, A., Öztürk, G., *Elma kültürü*, Eğirdir Bahçe Kültürleri Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü, Isparta, s:10.

Parisi, L., Lespinasse Y., Guillaumes J., Krüger J., 1993, A new race of *Venturia inaequalis* virulent to apples with resistance due to the Vf gene. Phytopathology ISSN 0031-949X, 1993, vol. 83, n°5, s: 533-537 (18 ref.), *American Phytopathological Society*, St. Paul, MN, ETATS-UNIS (1911) (Revue).

Parisi, L., Lespinase, Y., 1996, Pathojenity of *Venturia inaequalis* strains of race 6 on apple clones(*Malus* sp.). *Plant Dis*. 80:1179-1183.

Parisi, L., Lespinasse, Y., 1998, Pathogenicity of a strain of *Venturia inaequalis* race 6 on apple clones (*Malus* Spp). Eucarpia Symposium on Fruit Breeding and Genetics, *ISHS Acta Horticulturae* 484.

Roberts, A.L., Crute, I.R. 1994, Apple scab resistance from *Malus floribunda* 821 (*Vf*) is rendered ineffective by isolates of *Venturia inaequalis* from *Malus floribunda*. *Norw J Agr Sci*, Suppl No 17: 403-406.

Sandskar, B., M., Gustafsson, 2002, Susceptibility of twenty-two apple cultivars to apple scab in Sweden, Department of Crop Science, *Swedish University of Agricultural Sciences*, P.O. Box 44, Alnarp, Sweden, SE-230 53.

Sandskar, B., 2003, Apple scab (*Venturia inaequalis*) and pests in organic orchards, Doctoral Thesis, *Swedish University of Agricultural Sciences Alnarp*, s:39.

Sandskar, B., M., Gustafsson, 2004, Classification of apple scab resistance in two assortment orchards, *Genetic resources and crop evolution*, Netherlands, 51:197-203.

Sandskar, B., Liljeroth, E., 2005, Incidence of races of the apple scab pathogen (*Venturia inaequalis*) in apple growing districts in Sweden, *Acta Agriculturae Scandinavica Section B-Soil and Plant Science*; 55: 143- 150.

Schenato, P.G., Valdebenito-Sanhueza, R.M., Duarte, V., 2008, Determination of the presence of *Venturia inaequalis* race 1 in Southern Brazil. *Tropical Plant Patology* 33,4, 281-287.

Sierotzki H, Eggenschwiler M, Boillat O, McDermott JM and Gessler C., 1994, Detection of variation in virulence toward apple cultivars in natural populations of *Venturia inaequalis*. *Phytopathology* 84: 1005–1009.

Sierotzki, H., Gessler, C.,1998, Genetic analysis of a cross of two *Venturia inaequalis* strains that differ in virulence. *J Phytopathol*, 146:515-519.

Smith, J.S.C., Chin, E.C.L., Shu, H., Smith, O.S., Wall, S.J., Senior, M.L., Mitchel, S.E., Kresorich, S., Tiegle, J. 1997, An evaluation of the utility of SSR loci as molecular markers in maize (*Zea mays* L.): comparisons with data from RFLPS and pedigree. *Theor. Appl. Genet*. 95: 163–173.

Soriano, J.M., Joshi, S.G., Van Kaauwen, M., Noordijk, Y., Groenwold, R., Henken, B., Van de Weg, W.E., Schouten, H.J., 2009, Identification and mapping of the novel apple scab resistance gene *Vd3*, *Tree Genetics & Genomes* 5:475–482 DOI 10.1007/s11295-009-0201-5.

Staub, J.E., Serquen, F.C., Gupta, M., 1996, Genetic Markers, Map Construction, and Their Application in Plant Breeding, *Hortsciense*. 31(5) 729-741.

Padder, B.A., Shah, M.D., Mushtaq Ahmad, T.A. Sofi, Ahanger, F.A., Hamid, A., 2011, Genetic Differentiation among Populations of *Venturia inaequalis* in Kasmir: A North-Western State of India, *Asian Journal of Plant Pathology* 5 (2): 75-83.

Tenzer, I., Gessler, C., 1997, Subdivision and genetic structure of four populations of *Venturia inaequalis* in Switzerland, *European Journal of Plant Pathology* 103: 565–571.

Tenzer, I., Gessler, C., 1999, Genetic diversity of *Venturia inaequalis* across Europe, *European Journal of Plant Pathology* 105: 545–552.

Tenzer, I., Ivanissevich, S.D., Morgante, M., Gessler, C., 1999, Identification of Microsatellite Markers and Their Application to Population Genetics of *Venturia inaequalis*, *The American Phytopathological Society*, 89, 9, 748-753.

Tiirma, K., Univer, N., Univer, T., 2006, Evaluation of apple cultivars for scab resistance in Estonia, *Agronomy Research* 4(Spesiel Issue), 413-416.

Türkoğlu, K., 1978. Karaleke (*Venturia inaequalis* (Cke.) Wint.) Epidemisinin önceden saptanması ve hastalığın eradikasyonu üzerine araştırmalar, *Gıda, Tarım ve Hayvancılık Bakanlığı İzmir Bölge Zirai Mücadele Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü Araştırma Servisi*, No:030-465.

Uzun, A. 2009, Turunçgillerde genetik çeşitliliğin SRAP markırları ile karakterizasyonu, Doktora Tezi, *Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı*, Adana, s:384.

Uzun, A., Yesiloğlu, T., Aka-Kacar, Y., Tuzcu, O., Gulsen, O., 2009, Genetic diversity and relationships within Citrus and related genera based on sequence related amplified polymorphism markers (SRAPs), *Scientia Horticulturae*, 121, 306-312.

Williams, E.B., and Brown, A. G. 1968, A new physiological race of *Venturia inaequalis* incitant of apple scab. *Plant Dis. Rep.* 52: 799–801.

Williams, E.B., and Kuc, J., 1969, Resistance in Malus to *Venturia inaequalis*. Ann. Rev. *Phytopathol*. 7, s:223-246.

Williams, E.B. and Dayton, D.F., 1968, Four additional sources of the Vf locus for Malus scab resistance. *Proc.Am.Soc.Hort.Sci.*, 92: 95-98.

Wünsch, A., Hormaza, J.I., 2007, Characterization of variability and genetic similarity of European pear using microsatellite loci developed in apple, *Scientia Horticulturae* 113, 37–43.

Xu, X., Yang, J., Thakur, V., Roberts, A., Barbara, D.J., 2008, Population variation of apple scab (*Venturia İnaequalis*) ısolates from Asia and Europe, *Plant Disease*, ISSN: 0191–2917, 92, 2, 247–252.

Xu, X., Roberts, T., Barbara, D., Harvey, N.G., Gao, L., Sargent, D.J., 2009, A genetic linkage map of *Venturia inaequalis*, the causal agent of apple scab, *BMC Research Notes* 2009, 2:163 doi:10.1186/1756-0500-2-163.

Yalım, D., 2005, Türkiye'de yetişen arpa çeşitlerinde genetik çeşitliliğin ISSR (basit dizilim tekrarları) moleküler markır tekniği ile saptanması, Yüksek Lisans Tezi Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, *Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü*, Adana, s:59.

Yıldırım, A., ve Kandemir, N., 2001, Genetik markırlar ve analiz metodları, Özcan, S., Gürel, E., Babaoğlu, M, *Bitki Biyoteknolojisi II*- Genetik Mühendisliği ve Uygulamaları, S.Ü. Basımevi, Konya, s:334-363.

EKLER

Ek. 1. İlaç Denemesi ve Organik Yetiştiricilik Yapılan Parsellerden Alınan Örnekler ve Özellikleri

İlaç Denemesinin yapıldığı parsellerden alınan örnekler			
No	İzolat No	Etkili Madde	Ticari İsim
1	32EnTsT109st	Cyprodinil	Chorus 50 WG
2	32EnTsT209st	Trifloxystrobin %50	Flint WG 50
3	32EnTsT309st	Difenoconazole 250 EC	Score 250 EC
4	32EnTsT409st	Pyrimethanil 300g/l	Mythos
5	32EnTsT509st	%50 Kresoxim Methyl	Candit WG
6	32EnTsT609st	Metominostrobin 200 g/l	Ringo L
7	32EnTsT709st	Metiram % 80	Polyram DF
8	32EnTsT809st	%4 Pyraclostrobin + %12 Dithianon	Maccani WG
9	32EnTsT909st	Propineb	Antracol WP 70
10	32EnTsT1009st	Thiram	Pomorsol Forte
11	32EnTsT1109st	%50 Metalik Bakır	Cupravit
12	32EnTst1209st	Captan %50	Koruma Captan 50WP
13	32EnTsT1309st	Dodine 500 g/l	Dodene
14	32EnTsTKo09st	Kontrol	Emniyet parseli
Sertifikalı Organik Yetiştiricilik Yapılan Parsellerden alınan örnekler			
15	32EnOr09go	Organik Parsel	Golden Delicious
16	32EnOr09gr	Organik Parsel	Granny Simith
17	32EnOr09st	Organik Parsel	Starking Delicious

Ek. 2. Çalışmada Kullanılan Materyallerin Benzerlik İndeksi (Dice, 1945) Değerleri (RAPD Isparta Grubu)

	32HO09st	32KV09st	32Pe09st	32SeG09st	32SB09st	32YB09st	32ESp09st	32EK09st	32GD09st
32HO09st	1.00								
32KV09st	0.83	1.00							
32Pe09st	0.87	0.85	1.00						
32SeG09st	0.88	0.82	0.90	1.00					
32SB09st	0.90	0.84	0.88	0.87	1.00				
32YB09st	0.91	0.83	0.84	0.88	0.90	1.00			
32ESp09st	0.90	0.82	0.88	0.91	0.85	0.90	1.00		
32EK09st	0.87	0.77	0.83	0.81	0.83	0.87	0.90	1.00	
32GD09st	0.89	0.77	0.87	0.85	0.85	0.87	0.90	0.91	1.00
32EKs09st	0.90	0.81	0.87	0.84	0.86	0.88	0.88	0.91	0.91
32YaÇ09st	0.87	0.82	0.86	0.90	0.92	0.89	0.88	0.82	0.82
32GeM09st	0.87	0.83	0.82	0.84	0.84	0.85	0.88	0.86	0.82
32EgHR09st	0.88	0.87	0.85	0.87	0.87	0.86	0.85	0.78	0.80
32EgB09st	0.87	0.79	0.82	0.84	0.86	0.87	0.86	0.87	0.85
32EgC09go	0.86	0.84	0.87	0.82	0.84	0.88	0.87	0.85	0.87
32EgT09go	0.87	0.80	0.84	0.88	0.85	0.87	0.90	0.86	0.84
32EgC09gr	0.86	0.79	0.83	0.89	0.84	0.86	0.89	0.85	0.80
32EnOr09go	0.80	0.75	0.83	0.87	0.80	0.80	0.83	0.79	0.84
32EnOr09st	0.82	0.82	0.88	0.85	0.85	0.84	0.83	0.85	0.82
32EgKB09st	0.87	0.81	0.82	0.86	0.88	0.85	0.86	0.82	0.82
32EgT09st	0.82	0.78	0.86	0.83	0.83	0.84	0.85	0.88	0.86
32GeBa09go	0.84	0.80	0.79	0.79	0.79	0.84	0.83	0.87	0.83
32GeBag09st	0.89	0.90	0.88	0.88	0.85	0.89	0.88	0.85	0.87
32EnKA09st	0.87	0.78	0.84	0.84	0.86	0.83	0.86	0.88	0.88
32EnTsT309st	0.85	0.85	0.86	0.86	0.86	0.87	0.86	0.88	0.85
32EnTsT409st	0.84	0.79	0.84	0.84	0.89	0.87	0.83	0.83	0.84
32EnTst1209st	0.84	0.84	0.90	0.89	0.87	0.84	0.89	0.83	0.83
32EnGK09a	0.88	0.80	0.90	0.89	0.85	0.86	0.89	0.88	0.90
32EgA09go	0.89	0.78	0.90	0.90	0.85	0.87	0.92	0.88	0.90
32EgY09st	0.81	0.81	0.85	0.82	0.84	0.79	0.82	0.84	0.82
32EgB09st2	0.84	0.85	0.83	0.83	0.85	0.80	0.83	0.79	0.81
32EgG09go	0.87	0.82	0.86	0.88	0.85	0.84	0.88	0.81	0.79
32EgG09st	0.83	0.75	0.80	0.84	0.81	0.80	0.86	0.85	0.87
32EgK09go	0.84	0.82	0.84	0.88	0.85	0.82	0.88	0.81	0.84
32EgK09st2	0.87	0.83	0.89	0.86	0.88	0.83	0.88	0.84	0.87
32EgT09st1	0.87	0.83	0.84	0.86	0.86	0.89	0.95	0.88	0.88
32EnTsT1009st	0.91	0.80	0.84	0.88	0.90	0.91	0.92	0.86	0.90
32EnTsT1109st	0.88	0.81	0.85	0.87	0.84	0.90	0.89	0.84	0.89
32EnTsT509st	0.86	0.84	0.87	0.82	0.84	0.84	0.87	0.80	0.83
32GeYK09st	0.86	0.79	0.83	0.86	0.79	0.82	0.81	0.79	0.79
32EnTsT1309st	0.87	0.85	0.81	0.83	0.86	0.87	0.88	0.86	0.82
32EnTsT709st	0.91	0.83	0.84	0.88	0.90	0.93	0.92	0.86	0.88
32EnTsT809st	0.88	0.86	0.89	0.86	0.88	0.90	0.91	0.85	0.89
32EnTsT1409st	0.92	0.84	0.85	0.88	0.88	0.94	0.93	0.90	0.90
32EnTsT909st	0.86	0.86	0.85	0.82	0.84	0.88	0.87	0.84	0.86
32EnTsT609st	0.86	0.87	0.90	0.85	0.89	0.88	0.83	0.83	0.83
32EnTsTKo09st	0.83	0.83	0.86	0.81	0.88	0.85	0.84	0.83	0.83
32EnTsT109st	0.87	0.77	0.84	0.80	0.86	0.87	0.82	0.89	0.85
32EnTsT209st	0.84	0.82	0.88	0.83	0.85	0.88	0.87	0.90	0.88
32ABS10st	0.81	0.85	0.88	0.82	0.80	0.79	0.85	0.78	0.79
32ABB10st	0.80	0.80	0.90	0.87	0.83	0.80	0.85	0.79	0.84
32GeK10st	0.78	0.78	0.86	0.86	0.81	0.80	0.86	0.80	0.80
32UB10st	0.79	0.81	0.84	0.84	0.80	0.77	0.82	0.74	0.76
32SK10go	0.82	0.77	0.85	0.85	0.80	0.82	0.85	0.84	0.80
32SK10st	0.81	0.84	0.93	0.85	0.83	0.81	0.85	0.77	0.79
32A10go	0.83	0.81	0.84	0.82	0.84	0.85	0.86	0.88	0.85
32A10st	0.82	0.80	0.86	0.85	0.83	0.86	0.83	0.82	0.80
32En10st	0.84	0.79	0.92	0.86	0.89	0.84	0.85	0.85	0.84
32KBK10st	0.89	0.78	0.83	0.84	0.83	0.87	0.88	0.83	0.87
32SK10gr	0.88	0.78	0.81	0.83	0.84	0.90	0.87	0.81	0.82

	32EKs09st	32YaÇ09st	32GeM09st	32EgHR0932EgB09st	32EgC09go	32EgT09go	32EgC09gr	32EnOr09
32EKs09st	1.00							
32YaÇ09st	0.83	1.00						
32GeM09st	0.87	0.82	1.00					
32EgHR09st	0.84	0.85	0.86	1.00				
32EgB09st	0.85	0.82	0.83	0.86	1.00			
32EgC09go	0.88	0.83	0.81	0.89	0.86	1.00		
32EgT09go	0.83	0.86	0.84	0.81	0.87	0.81	1.00	
32EgC09gr	0.84	0.85	0.85	0.87	0.84	0.84	0.87	1.00
32EnOr09go	0.82	0.76	0.77	0.78	0.84	0.78	0.83	0.82
32EnOr09st	0.85	0.88	0.80	0.88	0.82	0.87	0.80	0.87
32EgKB09st	0.83	0.84	0.80	0.86	0.89	0.86	0.85	0.88
32EgT09st	0.87	0.86	0.82	0.85	0.80	0.90	0.82	0.85
32GeBa09go	0.87	0.77	0.84	0.78	0.82	0.83	0.82	0.78
32GeBag09st	0.89	0.84	0.89	0.88	0.82	0.87	0.84	0.83
32EnKA09st	0.85	0.84	0.84	0.83	0.78	0.81	0.82	0.88
32EnTsT309st	0.89	0.86	0.84	0.81	0.78	0.81	0.84	0.85
32EnTsT409st	0.83	0.85	0.86	0.84	0.79	0.81	0.82	0.84
32EnTst1209st	0.86	0.93	0.83	0.87	0.79	0.87	0.83	0.87
32EnGK09a	0.91	0.85	0.84	0.82	0.80	0.84	0.83	0.84
32EgA09go	0.89	0.84	0.84	0.83	0.85	0.87	0.90	0.85
32EgY09st	0.86	0.85	0.85	0.80	0.77	0.80	0.83	0.82
32EgB09st2	0.82	0.83	0.79	0.80	0.77	0.82	0.79	0.80
32EgG09go	0.87	0.86	0.82	0.85	0.82	0.85	0.86	0.87
32EgG09st	0.83	0.82	0.82	0.84	0.76	0.81	0.80	0.83
32EgK09go	0.83	0.84	0.86	0.88	0.78	0.83	0.84	0.87
32EgK09st2	0.90	0.87	0.85	0.81	0.77	0.81	0.87	0.86
32EgT09st1	0.88	0.84	0.89	0.81	0.83	0.84	0.89	0.86
32EnTsT1009st	0.85	0.84	0.86	0.85	0.87	0.85	0.86	0.85
32EnTsT1109st	0.84	0.83	0.83	0.87	0.86	0.86	0.83	0.84

	32EnOr09st	32EgKB09st	32EgT09st	32GeBa09go	32GeBag09st	32EnKA09st	32EnTsT309st	32EnTsT409st	32EnTst1209st
32EnOr09st	1.00								
32EgKB09st	0.87	1.00							
32EgT09st	0.85	0.86	1.00						
32GeBa09go	0.78	0.82	0.77	1.00					
32GeBag09st	0.84	0.87	0.79	0.83	1.00				
32EnKA09st	0.82	0.86	0.77	0.81	0.82	1.00			
32EnTsT309st	0.84	0.87	0.79	0.81	0.84	0.83	1.00		
32EnTsT409st	0.82	0.86	0.78	0.81	0.84	0.83	0.84	1.00	
32EnTst1209st	0.87	0.89	0.78	0.83	0.87	0.84	0.87	0.87	1.00
32EnGK09a	0.84	0.87	0.80	0.84	0.84	0.83	0.84	0.84	0.87
32EgA09go	0.85	0.88	0.85	0.85	0.87	0.86	0.87	0.86	0.87
32EgY09st	0.82	0.84	0.73	0.78	0.79	0.77	0.79	0.78	0.78
32EgB09st2	0.80	0.84	0.78	0.80	0.82	0.80	0.82	0.81	0.82
32EgG09go	0.87	0.89	0.85	0.86	0.87	0.86	0.87	0.86	0.87
32EgG09st	0.83	0.86	0.79	0.83	0.84	0.83	0.84	0.83	0.84
32EgK09go	0.87	0.88	0.81	0.84	0.87	0.86	0.87	0.86	0.87
32EgK09st2	0.86	0.87	0.77	0.82	0.84	0.84	0.85	0.84	0.85
32EgT09st1	0.86	0.89	0.82	0.84	0.86	0.85	0.86	0.86	0.87
32EnTsT1009st	0.85	0.87	0.83	0.85	0.86	0.85	0.86	0.86	0.87
32EnTsT1109st	0.84	0.86	0.82	0.84	0.85	0.84	0.85	0.85	0.86

	32EnGK09a	32EgA09go	32EgY09st	32EgB09st2	32EgG09go	32EgG09st	32EgK09go	32EgK09st2	32EgT09st1	32EnTsT1009st	32EnTsT1109st
32EnGK09a	1.00										
32EgA09go	0.89	1.00									
32EgY09st	0.86	0.85	1.00								
32EgB09st2	0.82	0.83	0.79	1.00							
32EgG09go	0.87	0.86	0.82	0.85	1.00						
32EgG09st	0.83	0.82	0.82	0.84	0.76	1.00					
32EgK09go	0.83	0.84	0.86	0.88	0.78	0.83	1.00				
32EgK09st2	0.90	0.87	0.85	0.81	0.77	0.81	0.87	1.00			
32EgT09st1	0.88	0.84	0.89	0.81	0.83	0.84	0.89	0.86	1.00		
32EnTsT1009st	0.85	0.84	0.86	0.85	0.87	0.85	0.86	0.85	0.83	1.00	
32EnTsT1109st	0.84	0.83	0.83	0.87	0.86	0.86	0.83	0.84	0.82	1.00	

32EnTsT509st	0.86	0.80	0.81	0.80	0.77	0.82	0.83	0.84	0.78
32GeYK09st	0.84	0.81	0.79	0.85	0.84	0.84	0.82	0.86	0.82
32EnTsT1309st	0.84	0.87	0.85	0.84	0.81	0.83	0.86	0.80	0.74
32EnTsT709st	0.89	0.86	0.89	0.86	0.87	0.85	0.90	0.85	0.82
32EnTsT809st	0.90	0.83	0.85	0.84	0.83	0.86	0.85	0.80	0.84
32EnTsT1409st	0.90	0.89	0.89	0.89	0.88	0.88	0.87	0.86	0.80
32EnTsT909st	0.82	0.80	0.79	0.82	0.84	0.84	0.85	0.82	0.80
32EnTsT609st	0.88	0.85	0.84	0.89	0.84	0.91	0.83	0.82	0.83
32EnTsTKo09st	0.83	0.86	0.87	0.86	0.78	0.85	0.82	0.88	0.75
32EnTsT109st	0.84	0.81	0.88	0.86	0.83	0.86	0.78	0.82	0.73
32EnTsT209st	0.89	0.81	0.86	0.87	0.84	0.91	0.80	0.85	0.79
32ABS10st	0.82	0.81	0.81	0.85	0.72	0.83	0.80	0.79	0.73
32ABB10st	0.82	0.81	0.82	0.80	0.74	0.80	0.86	0.83	0.83
32GeK10st	0.83	0.86	0.80	0.81	0.74	0.81	0.84	0.85	0.79
32UB10st	0.79	0.84	0.78	0.81	0.72	0.81	0.85	0.79	0.77
32SK10go	0.82	0.85	0.81	0.78	0.73	0.78	0.81	0.84	0.74
32SK10st	0.79	0.87	0.78	0.82	0.74	0.79	0.82	0.79	0.76
32A10go	0.85	0.84	0.80	0.84	0.77	0.86	0.85	0.86	0.77
32A10st	0.80	0.86	0.80	0.83	0.76	0.80	0.84	0.83	0.79
32En10st	0.89	0.84	0.82	0.79	0.80	0.84	0.84	0.84	0.79
32KBK10st	0.85	0.83	0.87	0.83	0.85	0.85	0.85	0.83	0.78
32SK10gr	0.84	0.81	0.91	0.84	0.84	0.84	0.84	0.81	0.79

	32EnOr09	32EgKB09	32EgT09st	32GeBa09	32GeBag0	32EnKA09	32EnTsT3	32EnTsT4	32EnTst1
32EnOr09st	1.00								
32EgKB09st	0.84	1.00							
32EgT09st	0.91	0.80	1.00						
32GeBa09go	0.81	0.80	0.84	1.00					
32GeBag09st	0.84	0.80	0.84	0.86	1.00				
32EnKA09st	0.84	0.83	0.86	0.82	0.86	1.00			
32EnTsT309st	0.84	0.80	0.86	0.82	0.91	0.91	1.00		
32EnTsT409st	0.82	0.77	0.83	0.78	0.87	0.90	0.88	1.00	
32EnTst1209st	0.90	0.81	0.90	0.78	0.88	0.88	0.88	0.88	1.00
32EnGK09a	0.85	0.80	0.90	0.83	0.90	0.92	0.90	0.90	0.92
32EgA09go	0.84	0.82	0.88	0.86	0.88	0.86	0.86	0.89	0.88
32EgY09st	0.85	0.79	0.85	0.83	0.85	0.88	0.85	0.87	0.92
32EgB09st2	0.83	0.80	0.83	0.81	0.83	0.86	0.81	0.85	0.90
32EgG09go	0.86	0.89	0.86	0.79	0.84	0.84	0.86	0.81	0.90
32EgG09st	0.82	0.76	0.89	0.82	0.84	0.89	0.85	0.86	0.89
32EgK09go	0.86	0.82	0.88	0.81	0.88	0.89	0.86	0.88	0.90
32EgK09st2	0.84	0.83	0.84	0.82	0.87	0.89	0.89	0.88	0.91
32EgT09st1	0.82	0.83	0.82	0.86	0.87	0.85	0.83	0.82	0.86
32EnTsT1009st	0.82	0.85	0.82	0.80	0.86	0.84	0.80	0.88	0.83
32EnTsT1109st	0.85	0.84	0.83	0.85	0.87	0.88	0.81	0.86	0.84
32EnTsT509st	0.83	0.84	0.78	0.83	0.83	0.83	0.83	0.79	0.84
32GeYK09st	0.81	0.83	0.79	0.76	0.79	0.76	0.77	0.74	0.79
32EnTsT1309st	0.84	0.85	0.80	0.85	0.84	0.80	0.83	0.81	0.84
32EnTsT709st	0.82	0.85	0.82	0.84	0.88	0.85	0.85	0.83	0.84
32EnTsT809st	0.80	0.83	0.83	0.82	0.87	0.83	0.87	0.82	0.82
32EnTsT1409st	0.87	0.83	0.85	0.82	0.91	0.85	0.85	0.86	0.86
32EnTsT909st	0.85	0.84	0.83	0.83	0.85	0.83	0.83	0.80	0.82
32EnTsT609st	0.90	0.86	0.88	0.81	0.88	0.81	0.84	0.84	0.87
32EnTsTKo09st	0.89	0.80	0.86	0.80	0.84	0.89	0.87	0.88	0.86
32EnTsT109st	0.85	0.81	0.84	0.81	0.85	0.85	0.79	0.86	0.81
32EnTsT209st	0.88	0.82	0.88	0.83	0.88	0.86	0.86	0.84	0.85
32ABS10st	0.86	0.80	0.83	0.76	0.83	0.84	0.84	0.78	0.88
32ABB10st	0.86	0.80	0.86	0.81	0.81	0.84	0.84	0.82	0.85
32GeK10st	0.86	0.80	0.89	0.80	0.80	0.84	0.87	0.79	0.88
32UB10st	0.82	0.81	0.80	0.80	0.80	0.78	0.80	0.75	0.84
32SK10go	0.85	0.77	0.85	0.83	0.79	0.84	0.86	0.78	0.85
32SK10st	0.87	0.77	0.83	0.76	0.82	0.85	0.88	0.79	0.88
32A10go	0.89	0.81	0.91	0.80	0.82	0.89	0.89	0.83	0.86
32A10st	0.88	0.82	0.86	0.81	0.81	0.84	0.86	0.79	0.83
32En10st	0.84	0.85	0.84	0.79	0.80	0.81	0.83	0.82	0.86
32KBK10st	0.78	0.86	0.78	0.82	0.84	0.82	0.77	0.80	0.77
32SK10gr	0.77	0.80	0.79	0.81	0.85	0.78	0.76	0.83	0.78

	32EnGK09a	32EgA09go	32EgY09st	32EgB09s	32EgG09go	32EgG09st	32EgK09go	32EgK09s	32EgT09s
32EnGK09a	1.00								
32EgA09go	0.92	1.00							
32EgY09st	0.91	0.85	1.00						
32EgB09st2	0.90	0.81	0.89	1.00					
32EgG09go	0.88	0.86	0.85	0.88	1.00				
32EgG09st	0.88	0.87	0.86	0.86	0.84	1.00			
32EgK09go	0.88	0.88	0.87	0.88	0.88	0.94	1.00		
32EgK09st2	0.90	0.89	0.92	0.86	0.87	0.85	0.89	1.00	
32EgT09st1	0.86	0.87	0.86	0.84	0.84	0.85	0.87	0.89	1.00
32EnTsT1009st	0.85	0.86	0.81	0.86	0.84	0.84	0.88	0.87	0.93
32EnTsT1109st	0.89	0.87	0.82	0.82	0.80	0.83	0.83	0.84	0.90
32EnTsT509st	0.82	0.85	0.84	0.82	0.83	0.76	0.83	0.90	0.88
32GeYK09st	0.78	0.77	0.75	0.76	0.83	0.75	0.76	0.78	0.78
32EnTsT1309st	0.82	0.84	0.83	0.81	0.85	0.80	0.84	0.85	0.88
32EnTsT709st	0.86	0.86	0.83	0.82	0.84	0.80	0.84	0.87	0.95
32EnTsT809st	0.86	0.89	0.80	0.80	0.85	0.79	0.83	0.85	0.90
32EnTsT1409st	0.88	0.87	0.82	0.82	0.85	0.83	0.85	0.83	0.92
32EnTsT909st	0.82	0.85	0.80	0.82	0.80	0.79	0.83	0.84	0.88
32EnTsT609st	0.85	0.85	0.84	0.83	0.88	0.77	0.83	0.84	0.84
32EnTsTKo09st	0.84	0.84	0.83	0.81	0.82	0.82	0.86	0.85	0.85
32EnTsT109st	0.82	0.85	0.80	0.76	0.78	0.81	0.82	0.80	0.83
32EnTsT209st	0.85	0.86	0.80	0.79	0.81	0.80	0.84	0.82	0.86
32ABS10st	0.85	0.82	0.85	0.83	0.86	0.78	0.86	0.86	0.84
32ABB10st	0.85	0.88	0.85	0.83	0.84	0.82	0.88	0.88	0.86
32GeK10st	0.86	0.84	0.85	0.81	0.86	0.82	0.86	0.89	0.85
32UB10st	0.80	0.82	0.81	0.80	0.84	0.76	0.82	0.85	0.81
32SK10go	0.85	0.81	0.82	0.80	0.81	0.79	0.81	0.86	0.84
32SK10st	0.85	0.83	0.85	0.81	0.84	0.81	0.84	0.88	0.84
32A10go	0.88	0.85	0.84	0.84	0.87	0.85	0.87	0.87	0.85
32A10st	0.83	0.82	0.80	0.79	0.86	0.77	0.84	0.84	0.82
32En10st	0.86	0.86	0.89	0.81	0.86	0.78	0.80	0.92	0.86
32KBK10st	0.84	0.83	0.78	0.80	0.82	0.75	0.77	0.81	0.87
32SK10gr	0.81	0.81	0.77	0.78	0.80	0.75	0.78	0.80	0.88

	32EnTsT1	32EnTsT1	32EnTsT5	32GeYK09	32EnTsT1	32EnTsT7	32EnTsT8	32EnTsT1	32EnTsT9
32EnTsT1009st	1.00								
32EnTsT1109st	0.89	1.00							
32EnTsT509st	0.83	0.82	1.00						
32GeYK09st	0.83	0.78	0.79	1.00					
32EnTsT1309st	0.85	0.82	0.84	0.75	1.00				
32EnTsT709st	0.94	0.90	0.88	0.82	0.89	1.00			
32EnTsT809st	0.89	0.86	0.88	0.78	0.87	0.93	1.00		
32EnTsT1409st	0.93	0.90	0.82	0.84	0.90	0.95	0.90	1.00	
32EnTsT909st	0.87	0.89	0.91	0.76	0.83	0.90	0.88	0.86	1.00
32EnTsT609st	0.85	0.84	0.84	0.86	0.84	0.88	0.88	0.88	0.84
32EnTsTKo09st	0.84	0.83	0.85	0.79	0.82	0.87	0.87	0.87	0.85
32EnTsT109st	0.85	0.84	0.80	0.81	0.82	0.83	0.81	0.88	0.81
32EnTsT209st	0.88	0.87	0.85	0.81	0.83	0.90	0.91	0.91	0.87
32ABS10st	0.81	0.79	0.87	0.79	0.87	0.84	0.87	0.82	0.82
32ABB10st	0.84	0.80	0.89	0.78	0.82	0.86	0.89	0.80	0.85
32GeK10st	0.80	0.79	0.85	0.79	0.83	0.85	0.85	0.81	0.81
32UB10st	0.76	0.75	0.84	0.77	0.88	0.83	0.83	0.79	0.77
32SK10go	0.79	0.78	0.84	0.81	0.84	0.84	0.82	0.82	0.80
32SK10st	0.79	0.81	0.86	0.74	0.86	0.82	0.88	0.80	0.82
32A10go	0.85	0.84	0.84	0.78	0.87	0.87	0.88	0.88	0.86
32A10st	0.82	0.80	0.85	0.78	0.87	0.86	0.87	0.85	0.85
32En10st	0.84	0.80	0.87	0.85	0.82	0.86	0.86	0.82	0.80
32KBK10st	0.89	0.85	0.78	0.84	0.85	0.91	0.87	0.91	0.78
32SK10gr	0.91	0.86	0.79	0.81	0.80	0.92	0.86	0.91	0.81

	32EnTsT6	32EnTsTK	32EnTsT1	32EnTsT23	2ABS10st	32ABB10st	32GeK10st	32UB10st	32SK10go
32EnTsT609st	1.00								
32EnTsTKo09st	0.86	1.00							
32EnTsT109st	0.87	0.88	1.00						
32EnTsT209st	0.91	0.90	0.88	1.00					
32ABS10st	0.89	0.84	0.78	0.85	1.00				
32ABB10st	0.87	0.88	0.78	0.85	0.91	1.00			
32GeK10st	0.84	0.87	0.77	0.84	0.89	0.92	1.00		
32UB10st	0.84	0.83	0.73	0.80	0.89	0.91	0.91	1.00	
32SK10go	0.80	0.86	0.78	0.85	0.85	0.89	0.95	0.88	1.00
32SK10st	0.83	0.87	0.77	0.83	0.93	0.92	0.91	0.89	0.89
32A10go	0.86	0.89	0.82	0.88	0.89	0.88	0.93	0.85	0.90
32A10st	0.87	0.86	0.81	0.88	0.88	0.90	0.92	0.91	0.91
32En10st	0.88	0.83	0.83	0.85	0.84	0.89	0.89	0.83	0.88
32KBK10st	0.82	0.84	0.84	0.84	0.78	0.80	0.81	0.84	0.82
32SK10gr	0.83	0.83	0.85	0.85	0.75	0.79	0.77	0.78	0.79

	32SK10st	32A10go	32A10st	32En10st	32KBK10st	32SK10gr
32SK10st	1.00					
32A10go	0.89	1.00				
32A10st	0.90	0.93	1.00			
32En10st	0.87	0.86	0.84	1.00		
32KBK10st	0.77	0.82	0.83	0.82	1.00	
32SK10gr	0.74	0.79	0.81	0.81	0.93	1.00

Ek. 3. Çalışmada Kullanılan Materyallerin Benzerlik İndeksi (Dice, 1945) Değerleri (RAPD Türkiye Grubu)

	05M09a2	60M09st	55M09a	17BI09st	17MS09st	17L09ga	24M09a	70M09st	20Om09st
05M09a2	1.00								
60M09st	0.91	1.00							
55M09a	0.88	0.90	1.00						
17BI09st	0.86	0.88	0.84	1.00					
17MS09st	0.88	0.86	0.89	0.88	1.00				
17L09ga	0.88	0.86	0.82	0.87	0.85	1.00			
24M09a	0.87	0.85	0.81	0.84	0.86	0.95	1.00		
70M09st	0.82	0.84	0.86	0.86	0.87	0.83	0.81	1.00	
20Om09st	0.89	0.87	0.88	0.83	0.84	0.88	0.85	0.87	1.00
05M09a1	0.84	0.77	0.80	0.84	0.79	0.83	0.80	0.88	0.86
32EgHR09st	0.89	0.82	0.83	0.82	0.86	0.88	0.85	0.86	0.87
59M09st	0.87	0.86	0.84	0.91	0.90	0.88	0.91	0.82	0.85
59M09go	0.86	0.86	0.85	0.86	0.88	0.85	0.91	0.87	0.86
03D09st	0.91	0.89	0.87	0.79	0.83	0.82	0.80	0.91	0.89
20COm09go	0.87	0.83	0.92	0.82	0.84	0.84	0.83	0.83	0.85
07El09st	0.88	0.84	0.88	0.87	0.91	0.85	0.88	0.80	0.88
43To09br	0.78	0.78	0.77	0.76	0.82	0.79	0.84	0.75	0.82
43To09go	0.84	0.86	0.83	0.85	0.86	0.85	0.86	0.79	0.86
43To09gr	0.78	0.89	0.89	0.89	0.95	0.82	0.78	1.00	0.89
43To09st	0.75	0.76	0.70	0.81	0.73	0.82	0.82	0.78	0.81
20Om09st2	0.83	0.82	0.81	0.83	0.81	0.82	0.84	0.88	0.83
17Un09st	0.83	0.75	0.80	0.78	0.81	0.81	0.81	0.78	0.83
17Bı09st	0.80	0.82	0.76	0.81	0.77	0.80	0.84	0.83	0.82
32GeBag09st	0.92	0.88	0.88	0.85	0.85	0.89	0.85	0.86	0.90
17Lap09st	0.88	0.80	0.82	0.86	0.85	0.85	0.84	0.78	0.88
32EnTst1209st	0.87	0.85	0.81	0.85	0.84	0.88	0.87	0.86	0.87
48Ul09go	0.84	0.84	0.80	0.86	0.81	0.89	0.88	0.83	0.88
33Mut09st	0.84	0.84	0.82	0.82	0.81	0.85	0.90	0.79	0.80
33M09st	0.84	0.84	0.79	0.81	0.84	0.85	0.84	0.77	0.78
50M09st	0.88	0.88	0.85	0.85	0.92	0.87	0.88	0.83	0.86
42BS09st	0.84	0.85	0.87	0.83	0.92	0.83	0.84	0.80	0.86
32EnTsT709st	0.92	0.88	0.86	0.89	0.87	0.87	0.86	0.79	0.90
38YS09st	0.84	0.84	0.80	0.85	0.79	0.83	0.82	0.84	0.89
42E10st	0.87	0.83	0.84	0.84	0.83	0.83	0.82	0.88	0.85
24CK10st	0.87	0.81	0.80	0.85	0.85	0.86	0.87	0.81	0.85
BelBrO10kr	0.78	0.76	0.75	0.83	0.78	0.79	0.80	0.68	0.78
Hol10kr	0.82	0.84	0.80	0.76	0.79	0.81	0.82	0.71	0.81
BelAE10kr	0.88	0.85	0.79	0.82	0.84	0.87	0.88	0.78	0.82
LuxM10se	0.82	0.82	0.78	0.78	0.78	0.81	0.80	0.78	0.80
HolRot10se	0.81	0.74	0.78	0.75	0.76	0.82	0.81	0.76	0.81
BelGe10kr	0.91	0.82	0.83	0.83	0.84	0.82	0.81	0.73	0.81
BelBrM10kr	0.86	0.80	0.84	0.76	0.80	0.84	0.81	0.77	0.88
BelLux10se	0.85	0.81	0.80	0.82	0.88	0.85	0.83	0.83	0.87
AlKln10kr	0.75	0.69	0.68	0.84	0.76	0.78	0.75	0.75	0.76
Bos210kr	0.86	0.82	0.78	0.84	0.85	0.81	0.79	0.75	0.82
Bos310kr	0.88	0.84	0.80	0.84	0.86	0.88	0.85	0.81	0.84
33M10an	0.87	0.78	0.79	0.81	0.82	0.79	0.77	0.79	0.81
26MhlS10st	0.83	0.79	0.75	0.79	0.84	0.77	0.73	0.82	0.79
77AE10st	0.75	0.76	0.77	0.80	0.78	0.77	0.78	0.82	0.79
22Lb10pl	0.84	0.79	0.78	0.81	0.84	0.83	0.81	0.83	0.80
53ID10kr	0.77	0.79	0.75	0.81	0.82	0.81	0.77	0.77	0.80
42BS10st	0.80	0.77	0.80	0.82	0.88	0.80	0.78	0.86	0.82
38Y10st	0.85	0.79	0.75	0.83	0.86	0.80	0.80	0.78	0.82
07El10st	0.87	0.84	0.84	0.87	0.92	0.85	0.85	0.86	0.89

	05M09a1	32EgHR09	59M09st	59M09go	03D09st	20COm09go	07El09st	43To09br	43To09go
05M09a1	1.00								
32EgHR09st	0.86	1.00							
59M09st	0.80	0.85	1.00						
59M09go	0.81	0.80	0.88	1.00					
03D09st	0.86	0.86	0.81	0.87	1.00				
20COm09go	0.84	0.87	0.83	0.84	0.84	1.00			
07El09st	0.83	0.82	0.87	0.91	0.82	0.86	1.00		
43To09br	0.79	0.75	0.81	0.84	0.73	0.73	0.86	1.00	
43To09go	0.76	0.81	0.87	0.90	0.87	0.82	0.85	0.84	1.00
43To09gr	0.63	0.67	0.89	0.84	0.75	0.75	0.84	0.89	0.89
43To09st	0.82	0.83	0.77	0.78	0.78	0.70	0.79	0.78	0.77
20Om09st2	0.79	0.81	0.78	0.81	0.78	0.81	0.86	0.77	0.78
17Un09st	0.84	0.88	0.79	0.83	0.78	0.83	0.88	0.81	0.82
17Bı09st	0.83	0.79	0.78	0.81	0.83	0.80	0.83	0.79	0.79
32GeBag09st	0.85	0.88	0.88	0.85	0.89	0.83	0.87	0.78	0.82
17Lap09st	0.85	0.88	0.86	0.81	0.81	0.84	0.89	0.84	0.83
32EnTst1209st	0.79	0.87	0.85	0.86	0.90	0.80	0.84	0.80	0.89
48Ul09go	0.80	0.79	0.86	0.87	0.86	0.77	0.85	0.79	0.85
33Mut09st	0.74	0.77	0.80	0.85	0.81	0.75	0.84	0.81	0.86
33M09st	0.75	0.77	0.83	0.82	0.76	0.80	0.83	0.82	0.84
50M09st	0.81	0.84	0.84	0.88	0.81	0.86	0.89	0.82	0.84
42BS09st	0.83	0.79	0.81	0.84	0.78	0.84	0.91	0.84	0.83
32EnTsT709st	0.85	0.86	0.88	0.89	0.83	0.86	0.89	0.79	0.85
38YS09st	0.81	0.84	0.80	0.84	0.82	0.80	0.85	0.81	0.83
42E10st	0.84	0.82	0.76	0.82	0.88	0.82	0.84	0.79	0.77
24CK10st	0.84	0.83	0.85	0.87	0.86	0.83	0.88	0.76	0.84
BelBrO10kr	0.73	0.75	0.76	0.82	0.75	0.78	0.86	0.78	0.82
Hol10kr	0.77	0.77	0.81	0.88	0.80	0.83	0.83	0.87	0.91
BelAE10kr	0.75	0.81	0.81	0.86	0.80	0.80	0.84	0.83	0.80
LuxM10se	0.77	0.79	0.76	0.85	0.77	0.82	0.82	0.84	0.85
HolRot10se	0.83	0.84	0.79	0.83	0.81	0.84	0.81	0.79	0.83
BelGe10kr	0.83	0.85	0.81	0.85	0.85	0.88	0.88	0.78	0.88
BelBrM10kr	0.78	0.88	0.81	0.79	0.85	0.84	0.83	0.76	0.82
BelLux10se	0.79	0.83	0.81	0.81	0.79	0.83	0.85	0.81	0.81
AlKln10kr	0.84	0.83	0.73	0.73	0.71	0.73	0.74	0.72	0.75

Bos210kr	0.78	0.80	0.77	0.80	0.86	0.81	0.84	0.76	0.79
Bos310kr	0.79	0.85	0.81	0.81	0.90	0.83	0.83	0.79	0.86
33M10an	0.81	0.84	0.74	0.76	0.82	0.82	0.82	0.76	0.75
26MhlS10st	0.79	0.80	0.78	0.74	0.80	0.73	0.79	0.79	0.76
77AE10st	0.82	0.79	0.76	0.79	0.74	0.78	0.83	0.86	0.78
22Lb10pl	0.85	0.83	0.78	0.82	0.76	0.84	0.86	0.79	0.76
53ID10kr	0.81	0.81	0.74	0.81	0.72	0.79	0.80	0.81	0.76
42BS10st	0.74	0.77	0.82	0.81	0.78	0.78	0.83	0.81	0.81
38Y10st	0.82	0.83	0.86	0.84	0.81	0.78	0.83	0.79	0.81
07El10st	0.82	0.82	0.89	0.88	0.82	0.78	0.89	0.81	0.83

	43To09gr	43To09st	20Om09st2	17Un09st	17Bi09st	32GeBag0	17Lap09st	32EnTst1	48Ul09go
43To09gr	1.00								
43To09st	0.67	1.00							
20Om09st2	0.71	0.80	1.00						
17Un09st	0.71	0.81	0.78	1.00					
17Bi09st	0.78	0.81	0.82	0.79	1.00				
32GeBag09st	0.82	0.78	0.78	0.85	0.80	1.00			
17Lap09st	0.78	0.79	0.82	0.89	0.81	0.84	1.00		
32EnTst1209st	0.82	0.83	0.81	0.83	0.81	0.88	0.88	1.00	
48Ul09go	0.89	0.82	0.80	0.79	0.80	0.86	0.85	0.90	1.00
33Mut09st	0.84	0.80	0.82	0.81	0.80	0.81	0.79	0.86	0.87
33M09st	0.95	0.68	0.74	0.75	0.79	0.80	0.79	0.77	0.77
50M09st	0.84	0.75	0.86	0.79	0.84	0.83	0.83	0.82	0.79
42BS09st	0.84	0.75	0.89	0.82	0.83	0.79	0.88	0.79	0.79
32EnTsT709st	0.84	0.77	0.82	0.84	0.79	0.88	0.89	0.84	0.85
38YS09st	0.82	0.86	0.82	0.82	0.83	0.82	0.85	0.89	0.83
42E10st	0.86	0.78	0.91	0.77	0.81	0.82	0.86	0.87	0.81
24CK10st	0.78	0.78	0.80	0.84	0.84	0.84	0.86	0.85	0.88
BelBrO10kr	0.71	0.78	0.85	0.82	0.77	0.74	0.82	0.78	0.79
Hol10kr	0.86	0.75	0.76	0.83	0.76	0.78	0.79	0.82	0.79
BelAE10kr	0.89	0.78	0.77	0.80	0.78	0.85	0.80	0.86	0.83
LuxM10se	0.67	0.75	0.82	0.77	0.71	0.78	0.78	0.82	0.78
HolRot10se	0.53	0.79	0.78	0.86	0.76	0.80	0.80	0.81	0.78
BelGe10kr	0.63	0.73	0.81	0.87	0.79	0.84	0.89	0.85	0.81
BelBrM10kr	0.60	0.78	0.82	0.85	0.81	0.86	0.90	0.91	0.84
BelLux10se	0.95	0.76	0.82	0.79	0.79	0.81	0.87	0.87	0.80
AlKln10kr	0.44	0.88	0.81	0.80	0.71	0.72	0.81	0.78	0.76
Bos210kr	0.84	0.77	0.84	0.76	0.82	0.76	0.87	0.85	0.80
Bos310kr	0.84	0.76	0.81	0.81	0.82	0.81	0.84	0.87	0.83
33M10an	0.71	0.78	0.84	0.82	0.76	0.80	0.83	0.81	0.75
26MhlS10st	0.94	0.79	0.74	0.80	0.77	0.81	0.85	0.82	0.78
77AE10st	0.80	0.86	0.82	0.82	0.82	0.78	0.84	0.81	0.78
22Lb10pl	0.75	0.80	0.82	0.85	0.80	0.82	0.82	0.79	0.78
53ID10kr	0.80	0.81	0.74	0.80	0.81	0.76	0.78	0.76	0.73
42BS10st	1.00	0.72	0.80	0.80	0.69	0.78	0.82	0.79	0.78
38Y10st	0.84	0.74	0.75	0.81	0.82	0.81	0.84	0.79	0.78
07El10st	0.89	0.78	0.83	0.81	0.75	0.86	0.84	0.81	0.83

	33Mut09st	33M09st	50M09st	42BS09st	32EnTsT7	38YS09st	42E10st	24CK10st	BelBrO10
33Mut09st	1.00								
33M09st	0.78	1.00							
50M09st	0.77	0.86	1.00						
42BS09st	0.78	0.80	0.97	1.00					
32EnTsT709st	0.81	0.85	0.89	0.90	1.00				
38YS09st	0.82	0.75	0.81	0.79	0.81	1.00			
42E10st	0.83	0.78	0.85	0.87	0.86	0.81	1.00		
24CK10st	0.83	0.82	0.85	0.83	0.88	0.78	0.85	1.00	
BelBrO10kr	0.80	0.78	0.82	0.83	0.84	0.80	0.80	0.83	1.00
Hol10kr	0.81	0.83	0.83	0.84	0.85	0.79	0.74	0.80	0.80
BelAE10kr	0.83	0.83	0.86	0.84	0.85	0.81	0.79	0.79	0.77
LuxM10se	0.78	0.82	0.81	0.75	0.80	0.84	0.79	0.74	0.83
HolRot10se	0.78	0.74	0.79	0.81	0.83	0.83	0.76	0.80	0.81
BelGe10kr	0.81	0.81	0.81	0.82	0.87	0.83	0.81	0.84	0.87
BelBrM10kr	0.79	0.74	0.79	0.79	0.83	0.85	0.85	0.80	0.80
BelLux10se	0.81	0.84	0.90	0.91	0.86	0.81	0.89	0.82	0.77
AlKln10kr	0.73	0.71	0.79	0.80	0.84	0.75	0.78	0.81	0.85
Bos210kr	0.81	0.81	0.86	0.88	0.83	0.78	0.90	0.84	0.83
Bos310kr	0.88	0.84	0.86	0.85	0.84	0.78	0.86	0.87	0.82
33M10an	0.77	0.81	0.85	0.85	0.85	0.78	0.91	0.81	0.81
26MhlS10st	0.73	0.79	0.78	0.80	0.80	0.76	0.79	0.82	0.72
77AE10st	0.73	0.74	0.78	0.82	0.79	0.81	0.82	0.77	0.79
22Lb10pl	0.75	0.78	0.84	0.84	0.82	0.79	0.83	0.83	0.78
53ID10kr	0.69	0.78	0.83	0.84	0.81	0.79	0.83	0.74	0.75
42BS10st	0.74	0.82	0.81	0.89	0.84	0.73	0.78	0.80	0.77
38Y10st	0.74	0.84	0.83	0.81	0.86	0.73	0.78	0.87	0.77
07El10st	0.80	0.82	0.88	0.89	0.92	0.79	0.83	0.84	0.77

	Hol10kr	BelAE10kr	LuxM10se	HolRot10	BelGe10kr	BelBrM10	BelLux10	AlKln10kr	Bos210kr
Hol10kr	1.00								
BelAE10kr	0.86	1.00							
LuxM10se	0.89	0.84	1.00						
HolRot10se	0.89	0.79	0.87	1.00					
BelGe10kr	0.88	0.81	0.88	0.90	1.00				
BelBrM10kr	0.80	0.81	0.79	0.84	0.89	1.00			
BelLux10se	0.80	0.85	0.78	0.75	0.78	0.82	1.00		
AlKln10kr	0.76	0.74	0.74	0.82	0.78	0.75	0.80	1.00	
Bos210kr	0.78	0.81	0.76	0.73	0.84	0.82	0.91	0.80	1.00
Bos310kr	0.86	0.85	0.81	0.81	0.87	0.85	0.90	0.80	0.91
33M10an	0.77	0.81	0.77	0.77	0.83	0.81	0.86	0.88	0.89
26MhlS10st	0.76	0.79	0.70	0.69	0.78	0.78	0.85	0.78	0.84
77AE10st	0.82	0.79	0.78	0.75	0.79	0.80	0.77	0.78	0.78
22Lb10pl	0.80	0.78	0.79	0.78	0.85	0.79	0.83	0.77	0.79
53ID10kr	0.79	0.79	0.76	0.78	0.79	0.77	0.85	0.76	0.83
42BS10st	0.83	0.82	0.76	0.78	0.81	0.75	0.85	0.80	0.81
38Y10st	0.83	0.79	0.73	0.78	0.84	0.79	0.82	0.78	0.86
07El10st	0.80	0.81	0.74	0.78	0.79	0.78	0.87	0.81	0.81

	Bos310kr	33M10an	26MhlS10	77AE10st	22Lb10pl	53ID10kr	42BS10st	38Y10st	07El10st

Bos310kr	1.00								
33M10an	0.86	1.00							
26MhlS10st	0.80	0.79	1.00						
77AE10st	0.74	0.78	0.85	1.00					
22Lb10pl	0.81	0.79	0.83	0.83	1.00				
53ID10kr	0.79	0.81	0.78	0.80	0.85	1.00			
42BS10st	0.80	0.79	0.88	0.82	0.78	0.78	1.00		
38Y10st	0.85	0.79	0.85	0.77	0.81	0.82	0.85	1.00	
07El10st	0.80	0.81	0.82	0.77	0.80	0.81	0.89	0.87	1.00

Ek. 4. Çalışmada Kullanılan Materyallerin Benzerlik İndeksi (Dice, 1945) Değerleri (ISSR Isparta Grubu)

	32HO09st	32KV09st	32Pe09st	32SeG09st	32SB09st	32YB09st	32ESp09st	32EK09st	32GD09st	
32HO09st	1.00									
32KV09st	0.90	1.00								
32Pe09st	0.86	0.81	1.00							
32SeG09st	0.88	0.88	0.89	1.00						
32SB09st	0.85	0.86	0.97	0.91	1.00					
32YB09st	0.90	0.88	0.86	0.93	0.87	1.00				
32ESp09st	0.86	0.89	0.81	0.90	0.85	0.90	1.00			
32EK09st	0.80	0.84	0.82	0.89	0.87	0.89	0.90	1.00		
32GD09st	0.95	0.83	0.83	0.88	0.85	0.88	0.85	0.87	1.00	
32EKs09st	0.92	0.80	0.94	0.93	0.90	0.89	0.83	0.81	0.87	
32YaÇ09st	0.94	0.81	0.88	0.83	0.80	0.83	0.81	0.78	0.85	
32GeM09st	0.90	0.81	0.89	0.86	0.83	0.89	0.87	0.85	0.87	
32EgHR09st	0.89	0.83	0.89	0.84	0.81	0.84	0.85	0.80	0.86	
32EgB09st	0.87	0.77	0.94	0.89	0.87	0.82	0.87	0.81	0.87	
32EgC09go	0.81	0.87	0.96	0.90	0.92	0.88	0.88	0.87	0.82	
32EgT09go	0.93	0.88	0.89	0.97	0.91	0.93	0.90	0.89	0.91	
32EgC09gr	0.90	0.87	0.86	0.88	0.82	0.92	0.92	0.84	0.86	
32EnOr09go	0.85	0.82	0.83	0.83	0.81	0.83	0.91	0.79	0.85	
32EgKB09st	0.97	0.85	0.86	0.87	0.89	0.89	0.90	0.81	0.87	
32EgT09st	0.97	0.88	0.89	0.89	0.88	0.94	0.92	0.84	0.89	
32GeBa09go	0.90	0.88	0.83	0.90	0.84	0.86	0.87	0.82	0.84	
32GeBag09st	0.89	0.82	0.91	0.84	0.88	0.84	0.85	0.79	0.81	
32EnKA09st	0.90	0.85	0.86	0.90	0.84	0.87	0.91	0.79	0.85	
32EnTsT309st	0.87	0.85	0.91	0.90	0.87	0.86	0.87	0.82	0.91	
32EnTst1209st	0.86	0.80	0.88	0.89	0.82	0.85	0.83	0.81	0.87	
32EnGK09a	0.90	0.92	0.86	0.90	0.84	0.90	0.91	0.83	0.88	
32EgA09st	0.81	0.82	0.81	0.85	0.77	0.88	0.83	0.77	0.82	
32EgA09go	0.84	0.85	0.83	0.88	0.80	0.90	0.86	0.80	0.85	
32EgY09st	0.87	0.85	0.89	0.90	0.84	0.90	0.90	0.86	0.84	
32EgB09st2	0.84	0.80	0.86	0.85	0.82	0.85	0.86	0.81	0.79	
32EgG09go	0.83	0.82	0.80	0.83	0.78	0.81	0.88	0.78	0.81	
32EgK09st2	0.82	0.82	0.78	0.80	0.79	0.86	0.81	0.79	0.82	
32EgT09st1	0.84	0.79	0.88	0.89	0.89	0.91	0.82	0.80	0.83	
32EnTsT1009st	0.92	0.83	0.89	0.88	0.85	0.88	0.89	0.80	0.86	
32EnTsT1109st	0.81	0.78	0.85	0.91	0.80	0.83	0.81	0.78	0.81	
32EnTsT509st	0.81	0.78	0.84	0.87	0.84	0.83	0.81	0.75	0.77	
32GeYK09st	0.81	0.82	0.89	0.90	0.87	0.88	0.83	0.82	0.82	
32EnTsT1309st	0.84	0.78	0.86	0.89	0.80	0.86	0.84	0.83	0.83	
32EnTsT709st	0.87	0.83	0.91	0.91	0.89	0.88	0.89	0.84	0.82	
32EnTsT809st	0.83	0.77	0.90	0.83	0.86	0.80	0.79	0.77	0.80	
32EnTsT1409st	0.83	0.85	0.91	0.93	0.91	0.90	0.90	0.86	0.84	
32EnTsT909st	0.94	0.80	0.85	0.87	0.82	0.83	0.82	0.76	0.89	
32EnTsT609st	0.81	0.79	0.88	0.87	0.85	0.84	0.81	0.79	0.81	
32EnTsTKo09st	0.84	0.75	0.85	0.84	0.85	0.84	0.88	0.87	0.85	
32EnTsT109st	0.88	0.83	0.89	0.91	0.89	0.91	0.89	0.91	0.89	
32EnTsT209st	0.87	0.80	0.88	0.86	0.89	0.88	0.86	0.85	0.88	
32ABS10st	0.81	0.82	0.91	0.88	0.87	0.85	0.84	0.78	0.77	
32ABB10st	0.89	0.81	0.88	0.89	0.87	0.86	0.87	0.78	0.84	
32GeK10st	0.89	0.77	0.83	0.86	0.86	0.84	0.85	0.78	0.88	
32UB10st	0.87	0.85	0.86	0.96	0.87	0.92	0.86	0.85	0.89	
32SK10go	0.88	0.81	0.83	0.90	0.84	0.86	0.87	0.79	0.81	
32A10go	0.94	0.81	0.80	0.87	0.82	0.83	0.93	0.84	0.88	
32A10st	0.96	0.89	0.85	0.86	0.85	0.82	0.86	0.82	0.94	
32En10st	0.89	0.83	0.80	0.84	0.81	0.84	0.89	0.80	0.89	
32KBK10st	0.95	0.85	0.81	0.83	0.85	0.86	0.86	0.80	0.95	

	32EKs09st	32YaÇ09st	32GeM09st	32EgHR0932EgB09st	32EgC09go	32EgT09go	32EgC09gr	32EnOr09	
32EKs09st	1.00								
32YaÇ09st	0.86	1.00							
32GeM09st	0.88	0.86	1.00						
32EgHR09st	0.87	0.92	0.84	1.00					
32EgB09st	0.88	0.82	0.85	0.84	1.00				
32EgC09go	0.89	0.80	0.77	0.86	0.89	1.00			
32EgT09go	0.93	0.87	0.86	0.88	0.89	0.90	1.00		
32EgC09gr	0.84	0.85	0.81	0.90	0.88	0.92	0.92	1.00	
32EnOr09go	0.79	0.84	0.83	0.85	0.90	0.82	0.87	0.92	1.00
32EgKB09st	0.92	0.92	0.92	0.92	0.86	0.86	0.92	0.89	0.87
32EgT09st	0.91	0.93	0.94	0.92	0.84	0.86	0.94	0.92	0.90
32GeBa09go	0.85	0.91	0.79	0.88	0.86	0.87	0.93	0.92	0.90
32GeBag09st	0.82	0.84	0.87	0.81	0.87	0.81	0.84	0.82	0.84
32EnKA09st	0.89	0.84	0.83	0.88	0.86	0.87	0.90	0.92	0.90
32EnTsT309st	0.89	0.83	0.86	0.88	0.89	0.89	0.90	0.88	0.87
32EnTst1209st	0.88	0.86	0.81	0.87	0.85	0.83	0.93	0.87	0.82
32EnGK09a	0.86	0.87	0.83	0.92	0.86	0.92	0.93	0.95	0.90
32EgA09st	0.84	0.80	0.82	0.86	0.79	0.78	0.85	0.87	0.82
32EgA09go	0.87	0.78	0.85	0.84	0.77	0.76	0.88	0.85	0.80
32EgY09st	0.85	0.83	0.86	0.88	0.86	0.84	0.93	0.92	0.87
32EgB09st2	0.84	0.78	0.81	0.83	0.77	0.81	0.85	0.80	0.75
32EgG09go	0.84	0.79	0.78	0.83	0.78	0.80	0.88	0.85	0.79
32EgK09st2	0.81	0.80	0.79	0.88	0.75	0.79	0.84	0.86	0.80
32EgT09st1	0.91	0.76	0.80	0.80	0.84	0.86	0.89	0.87	0.77
32EnTsT1009st	0.91	0.88	0.84	0.93	0.84	0.84	0.91	0.90	0.85
32EnTsT1109st	0.86	0.79	0.78	0.81	0.82	0.83	0.87	0.81	0.76
32EnTsT509st	0.86	0.83	0.75	0.85	0.82	0.89	0.87	0.85	0.84
32GeYK09st	0.89	0.80	0.82	0.86	0.84	0.83	0.90	0.87	0.77
32EnTsT1309st	0.91	0.81	0.87	0.89	0.84	0.81	0.85	0.83	0.75
32EnTsT709st	0.91	0.88	0.84	0.93	0.87	0.89	0.91	0.90	0.85
32EnTsT809st	0.84	0.88	0.86	0.82	0.91	0.80	0.83	0.80	0.83
32EnTsT1409st	0.89	0.87	0.86	0.88	0.89	0.90	0.90	0.88	0.87
32EnTsT909st	0.88	0.88	0.80	0.86	0.86	0.80	0.87	0.85	0.81

32EnTsT609st	0.86	0.80	0.79	0.89	0.83	0.83	0.87	0.82	0.77
32EnTsTKo09st	0.82	0.84	0.87	0.85	0.87	0.81	0.87	0.82	0.84
32EnTsT109st	0.91	0.88	0.95	0.89	0.84	0.80	0.91	0.83	0.81
32EnTsT209st	0.91	0.86	0.94	0.89	0.85	0.79	0.90	0.83	0.82
32ABS10st	0.89	0.88	0.83	0.91	0.87	0.89	0.88	0.89	0.83
32ABB10st	0.92	0.86	0.81	0.91	0.85	0.86	0.89	0.88	0.83
32GeK10st	0.88	0.87	0.88	0.84	0.84	0.74	0.86	0.80	0.85
32UB10st	0.93	0.84	0.85	0.87	0.83	0.84	0.92	0.86	0.78
32SK10go	0.89	0.83	0.82	0.88	0.82	0.85	0.86	0.85	0.83
32A10go	0.86	0.86	0.82	0.88	0.86	0.88	0.91	0.89	0.87
32A10st	0.88	0.85	0.79	0.88	0.88	0.96	0.86	0.91	0.83
32En10st	0.83	0.85	0.87	0.82	0.84	0.76	0.88	0.86	0.92
32KBK10st	0.87	0.89	0.90	0.84	0.87	0.76	0.88	0.85	0.85

	32EgKB09	32EgT09st	32GeBa09	32GeBag0	32EnKA09	32EnTsT3	32EnTst13	2EnGK09a	32EgA09st
32EgKB09st	1.00								
32EgT09st	0.97	1.00							
32GeBa09go	0.87	0.89	1.00						
32GeBag09st	0.89	0.89	0.80	1.00					
32EnKA09st	0.90	0.92	0.90	0.84	1.00				
32EnTsT309st	0.84	0.89	0.86	0.84	0.90	1.00			
32EnTst1209st	0.86	0.89	0.89	0.75	0.86	0.89	1.00		
32EnGK09a	0.90	0.94	0.93	0.81	0.90	0.93	0.89	1.00	
32EgA09st	0.87	0.87	0.82	0.70	0.82	0.84	0.89	0.87	1.00
32EgA09go	0.94	0.94	0.80	0.74	0.85	0.82	0.86	0.85	0.92
32EgY09st	0.92	0.94	0.86	0.87	0.90	0.86	0.85	0.90	0.84
32EgB09st2	0.89	0.87	0.78	0.78	0.82	0.78	0.84	0.79	0.86
32EgG09go	0.89	0.92	0.83	0.73	0.88	0.81	0.91	0.86	0.86
32EgK09st2	0.87	0.90	0.84	0.78	0.84	0.78	0.83	0.86	0.79
32EgT09st1	0.86	0.89	0.81	0.84	0.85	0.83	0.84	0.83	0.86
32EnTsT1009st	0.97	0.96	0.88	0.81	0.92	0.84	0.87	0.88	0.89
32EnTsT1109st	0.83	0.82	0.83	0.72	0.84	0.87	0.90	0.84	0.94
32EnTsT509st	0.88	0.86	0.87	0.76	0.84	0.83	0.86	0.87	0.89
32GeYK09st	0.93	0.93	0.82	0.86	0.87	0.84	0.83	0.87	0.83
32EnTsT1309st	0.90	0.84	0.78	0.80	0.88	0.83	0.84	0.81	0.86
32EnTsT709st	0.95	0.94	0.88	0.89	0.92	0.84	0.83	0.88	0.79
32EnTsT809st	0.82	0.86	0.83	0.95	0.78	0.84	0.81	0.81	0.74
32EnTsT1409st	0.89	0.91	0.90	0.84	0.87	0.90	0.85	0.90	0.85
32EnTsT909st	0.90	0.86	0.84	0.86	0.89	0.84	0.86	0.83	0.80
32EnTsT609st	0.86	0.87	0.80	0.85	0.84	0.84	0.82	0.84	0.83
32EnTsTKo09st	0.89	0.89	0.80	0.88	0.81	0.80	0.82	0.81	0.76
32EnTsT109st	0.92	0.94	0.84	0.85	0.85	0.88	0.87	0.85	0.85
32EnTsT209st	0.92	0.95	0.82	0.89	0.86	0.88	0.89	0.84	0.84
32ABS10st	0.89	0.92	0.88	0.86	0.88	0.85	0.86	0.90	0.83
32ABB10st	0.92	0.91	0.86	0.83	0.93	0.86	0.88	0.86	0.86
32GeK10st	0.92	0.94	0.82	0.81	0.85	0.84	0.85	0.83	0.85
32UB10st	0.90	0.89	0.85	0.78	0.90	0.89	0.91	0.88	0.89
32SK10go	0.92	0.88	0.86	0.80	0.93	0.83	0.81	0.83	0.85
32A10go	0.95	0.89	0.87	0.80	0.91	0.85	0.86	0.87	0.86
32A10st	0.81	0.86	0.86	0.81	0.91	0.94	0.81	0.92	0.83
32En10st	0.89	0.94	0.84	0.81	0.88	0.88	0.87	0.88	0.86
32KBK10st	0.93	0.93	0.85	0.89	0.85	0.87	0.86	0.85	0.81

	32EgA09go	32EgY09st	32EgB09s	32EgG09go	32EgK09s	32EgT09s	32EnTsT1	32EnTsT1	32EnTsT5
32EgA09go	1.00								
32EgY09st	0.87	1.00							
32EgB09st2	0.95	0.85	1.00						
32EgG09go	0.89	0.87	0.91	1.00					
32EgK09st2	0.82	0.83	0.78	0.83	1.00				
32EgT09st1	0.84	0.89	0.84	0.84	0.84	1.00			
32EnTsT1009st	0.92	0.91	0.91	0.91	0.83	0.89	1.00		
32EnTsT1109st	0.86	0.83	0.82	0.84	0.71	0.86	0.85	1.00	
32EnTsT509st	0.81	0.79	0.73	0.79	0.80	0.86	0.85	0.88	1.00
32GeYK09st	0.81	0.95	0.81	0.86	0.89	0.97	0.89	0.89	0.89
32EnTsT1309st	0.84	0.85	0.82	0.83	0.87	0.89	0.87	0.88	0.84
32EnTsT709st	0.82	0.91	0.83	0.83	0.88	0.89	0.93	0.81	0.88
32EnTsT809st	0.67	0.82	0.71	0.71	0.77	0.83	0.77	0.78	0.83
32EnTsT1409st	0.83	0.83	0.81	0.79	0.80	0.85	0.88	0.87	0.91
32EnTsT909st	0.78	0.83	0.79	0.82	0.81	0.89	0.89	0.86	0.86
32EnTsT609st	0.81	0.91	0.82	0.82	0.87	0.93	0.89	0.84	0.84
32EnTsTKo09st	0.74	0.87	0.82	0.82	0.83	0.84	0.85	0.76	0.80
32EnTsT109st	0.88	0.88	0.87	0.81	0.82	0.83	0.89	0.85	0.81
32EnTsT209st	0.82	0.89	0.84	0.84	0.85	0.86	0.89	0.82	0.82
32ABS10st	0.76	0.87	0.77	0.82	0.87	0.88	0.87	0.84	0.93
32ABB10st	0.84	0.86	0.85	0.89	0.85	0.91	0.95	0.86	0.90
32GeK10st	0.81	0.77	0.77	0.82	0.78	0.82	0.88	0.82	0.88
32UB10st	0.87	0.83	0.84	0.86	0.85	0.92	0.89	0.95	0.91
32SK10go	0.88	0.83	0.85	0.81	0.82	0.83	0.91	0.87	0.87
32A10go	0.89	0.89	0.88	0.93	0.77	0.81	0.94	0.86	0.83
32A10st	0.83	0.82	0.79	0.85	0.79	0.84	0.88	0.81	0.77
32En10st	0.84	0.84	0.75	0.87	0.79	0.80	0.86	0.81	0.85
32KBK10st	0.79	0.82	0.79	0.83	0.82	0.84	0.87	0.81	0.81

	32GeYK09	32EnTsT1	32EnTsT7	32EnTsT8	32EnTsT1	32EnTsT9	32EnTsT6	32EnTsTK	32EnTsT1
32GeYK09st	1.00								
32EnTsT1309st	0.92	1.00							
32EnTsT709st	0.95	0.91	1.00						
32EnTsT809st	0.86	0.83	0.86	1.00					
32EnTsT1409st	0.85	0.85	0.91	0.87	1.00				
32EnTsT909st	0.86	0.88	0.89	0.88	0.83	1.00			
32EnTsT609st	1.00	0.91	0.93	0.86	0.84	0.88	1.00		
32EnTsTKo09st	0.86	0.84	0.89	0.90	0.84	0.86	0.88	1.00	
32EnTsT109st	0.85	0.89	0.89	0.84	0.91	0.83	0.85	0.89	1.00
32EnTsT209st	0.89	0.92	0.89	0.88	0.86	0.86	0.89	0.93	0.96
32ABS10st	0.94	0.92	0.96	0.90	0.92	0.86	0.91	0.86	0.85
32ABB10st	0.92	0.93	0.95	0.84	0.89	0.95	0.91	0.87	0.87
32GeK10st	0.81	0.85	0.86	0.85	0.91	0.91	0.81	0.88	0.90
32UB10st	0.89	0.93	0.89	0.81	0.92	0.91	0.89	0.83	0.92
32SK10go	0.85	0.92	0.91	0.76	0.90	0.89	0.84	0.80	0.88
32A10go	0.86	0.86	0.88	0.75	0.85	0.90	0.82	0.88	0.86

32A10st	0.87	0.87	0.85	0.77	0.86	0.96	0.81	0.75	0.79
32En10st	0.81	0.80	0.82	0.82	0.84	0.86	0.78	0.85	0.86
32KBK10st	0.81	0.84	0.82	0.89	0.83	0.94	0.81	0.89	0.88

	32EnTsT232	ABS10st	32ABB10st	32GeK10st	32UB10st	32SK10go	32A10go	32A10st	32En10st
32EnTsT209st	1.00								
32ABS10st	0.89	1.00							
32ABB10st	0.91	0.93	1.00						
32GeK10st	0.91	0.86	0.93	1.00					
32UB10st	0.90	0.89	0.96	0.94	1.00				
32SK10go	0.83	0.85	0.93	0.86	0.94	1.00			
32A10go	0.86	0.81	0.90	0.87	0.88	0.91	1.00		
32A10st	0.77	0.81	0.88	0.82	0.92	0.82	0.88	1.00	
32En10st	0.89	0.83	0.87	0.95	0.87	0.81	0.88	0.85	1.00
32KBK10st	0.92	0.81	0.89	0.96	0.87	0.83	0.91	0.92	0.95

	32KBK10st
32KBK10st	1.00

Ek. 5. Çalışmada Kullanılan Materyallerin Benzerlik İndeksi (Dice, 1945) Değerleri (SSR Isparta Grubu)

	32SDU09st	32HO09st	32KV09st	32SeG09st	32SB09st	32YB09st	32ESp09st	32EK09st	32GD09st
32SDU09st	1.00								
32HO09st	0.71	1.00							
32KV09st	0.86	0.86	1.00						
32SeG09st	0.71	1.00	0.86	1.00					
32SB09st	1.00	0.71	0.86	0.71	1.00				
32YB09st	0.86	0.86	1.00	0.86	0.86	1.00			
32ESp09st	0.80	0.93	0.93	0.93	0.80	0.93	1.00		
32EK09st	0.86	0.86	1.00	0.86	0.86	1.00	0.93	1.00	
32GD09st	0.80	0.80	0.93	0.80	0.80	0.93	0.88	0.93	1.00
32EKs09st	0.83	0.67	0.83	0.67	0.83	0.83	0.77	0.83	0.77
32YaÇ09st	0.71	0.71	0.86	0.71	0.71	0.86	0.80	0.86	0.80
32GeM09st	0.71	0.71	0.57	0.71	0.71	0.57	0.67	0.57	0.53
32EgHR09st	0.88	0.63	0.75	0.63	0.88	0.75	0.71	0.75	0.82
32EgB09st	0.57	0.86	0.71	0.86	0.57	0.71	0.80	0.71	0.67
32EgC09go	0.83	0.83	1.00	0.83	0.83	1.00	0.92	1.00	0.92
32EgT09go	0.71	1.00	0.86	1.00	0.71	0.86	0.93	0.86	0.80
32EgC09gr	0.80	0.67	0.80	0.67	0.80	0.80	0.75	0.80	0.75
32EnOr09go	0.67	0.67	0.80	0.67	0.67	0.80	0.75	0.80	0.75
32EnOr09st	1.00	0.71	0.86	0.71	1.00	0.86	0.80	0.86	0.80
32EgKB09st	0.86	0.86	1.00	0.86	0.86	1.00	0.93	1.00	0.93
32EgT09st	0.86	0.86	1.00	0.86	0.86	1.00	0.93	1.00	0.93
32GeBa09go	0.86	0.86	1.00	0.86	0.86	1.00	0.93	1.00	0.93
32EgAKK09st	0.86	0.86	1.00	0.86	0.86	1.00	0.93	1.00	0.93
32GeBag09st	0.86	0.86	1.00	0.86	0.86	1.00	0.93	1.00	0.93
32EnKA09st	0.82	0.71	0.82	0.71	0.82	0.82	0.78	0.82	0.89
32EnTsT309st	0.63	0.75	0.75	0.75	0.63	0.75	0.82	0.75	0.82
32EnTst1209st	0.71	1.00	0.86	1.00	0.71	0.86	0.93	0.86	0.80
32EnGK09a	0.71	0.71	0.86	0.71	0.71	0.86	0.80	0.86	0.80
32EgA09st	0.77	0.77	0.92	0.77	0.77	0.92	0.86	0.92	0.86
32EgA09go	0.67	0.80	0.80	0.80	0.67	0.80	0.88	0.80	0.75
32EgY09st	0.57	0.86	0.71	0.86	0.57	0.71	0.80	0.71	0.67
32EgB09st2	0.67	0.67	0.80	0.67	0.67	0.80	0.75	0.80	0.88
32EgG09go	0.67	0.80	0.80	0.80	0.67	0.80	0.88	0.80	0.75
32EgK09st2	0.86	0.86	1.00	0.86	0.86	1.00	0.93	1.00	0.93
32EgT09st1	0.86	0.57	0.71	0.57	0.86	0.71	0.67	0.71	0.67
32EnTsT1009st	0.80	0.80	0.93	0.80	0.80	0.93	0.88	0.93	0.88
32EnTsT1109st	0.71	0.71	0.86	0.71	0.71	0.86	0.80	0.86	0.80
32EnTsT509st	0.67	0.83	0.67	0.83	0.67	0.67	0.77	0.67	0.62
32GeYK09st	0.86	0.86	1.00	0.86	0.86	1.00	0.93	1.00	0.93
32EnTsT1309st	0.86	0.57	0.71	0.57	0.86	0.71	0.67	0.71	0.67
32EnTsT709st	0.86	0.57	0.71	0.57	0.86	0.71	0.67	0.71	0.67
32EnTsT809st	0.86	0.86	0.71	0.86	0.86	0.71	0.80	0.71	0.67
32EnTsT1409st	0.60	0.80	0.80	0.80	0.60	0.80	0.80	0.80	0.73
32EnTsT909st	1.00	0.83	1.00	0.83	1.00	1.00	0.92	1.00	0.92
32EnTsT609st	0.71	0.71	0.57	0.71	0.71	0.57	0.67	0.57	0.53
32EnTsTKo09st	0.71	1.00	0.86	1.00	0.71	0.86	0.93	0.86	0.80
32EnTsT109st	0.86	0.86	0.71	0.86	0.86	0.71	0.80	0.71	0.67
32EnTsT209st	1.00	0.71	0.86	0.71	1.00	0.86	0.80	0.86	0.80
32ABS10st	0.67	0.83	0.67	0.83	0.67	0.67	0.77	0.67	0.62
32ABB10st	0.86	0.86	0.71	0.86	0.86	0.71	0.80	0.71	0.67
32GeK10st	0.71	1.00	0.86	1.00	0.71	0.86	0.93	0.86	0.80
32UB10st	0.83	0.67	0.67	0.67	0.83	0.67	0.67	0.67	0.62
32SK10go	0.86	0.57	0.71	0.57	0.86	0.71	0.67	0.71	0.67
32SK10st	0.67	0.83	0.83	0.83	0.67	0.83	0.83	0.83	0.77
32A10go	0.86	0.86	0.71	0.86	0.86	0.71	0.80	0.71	0.67
32A10st	0.92	0.92	0.92	0.92	0.92	0.92	1.00	0.92	0.86
32En10st	0.71	0.71	0.86	0.71	0.71	0.86	0.80	0.86	0.80

	32EKs09st	32YaÇ09st	32GeM09st	32EgHR0932EgB09st	32EgC09go	32EgT09go	32EgC09gr	32EnOr09
32EKs09st	1.00							
32YaÇ09st	1.00	1.00						
32GeM09st	0.83	0.71	1.00					
32EgHR09st	0.86	0.75	0.75	1.00				
32EgB09st	0.83	0.86	0.86	0.63	1.00			
32EgC09go	1.00	1.00	0.67	0.77	0.83	1.00		
32EgT09go	0.67	0.71	0.71	0.63	0.86	0.83	1.00	
32EgC09gr	1.00	0.93	0.80	0.82	0.80	0.92	0.67	1.00
32EnOr09go	0.92	0.93	0.67	0.71	0.80	0.92	0.67	0.88
32EnOr09st	0.83	0.71	0.71	0.88	0.57	0.83	0.71	0.80
32EgKB09st	0.83	0.86	0.57	0.75	0.71	1.00	0.86	0.80
32EgT09st	0.83	0.86	0.57	0.75	0.71	1.00	0.86	0.80
32GeBa09go	0.83	0.86	0.57	0.75	0.71	1.00	0.86	0.80
32EgAKK09st	0.83	0.86	0.57	0.75	0.71	1.00	0.86	0.80
32GeBag09st	0.83	0.86	0.57	0.75	0.71	1.00	0.86	0.80
32EnKA09st	0.86	0.82	0.71	0.95	0.71	0.86	0.71	0.89
32EnTsT309st	0.86	0.88	0.75	0.78	0.88	0.86	0.75	0.82
32EnTst1209st	0.67	0.71	0.71	0.63	0.86	0.83	1.00	0.67
32EnGK09a	1.00	1.00	0.71	0.75	0.86	1.00	0.71	0.93
32EgA09st	0.91	0.92	0.62	0.71	0.77	0.92	0.77	0.86
32EgA09go	0.92	0.93	0.80	0.71	0.93	0.92	0.80	0.88
32EgY09st	0.83	0.86	0.86	0.63	1.00	0.83	0.86	0.80
32EgB09st2	0.92	0.93	0.67	0.82	0.80	0.92	0.67	0.88
32EgG09go	0.92	0.93	0.80	0.71	0.93	0.92	0.80	0.88
32EgK09st2	0.83	0.86	0.57	0.75	0.71	1.00	0.86	0.80
32EgT09st1	1.00	0.86	0.86	0.88	0.71	0.83	0.57	0.93
32EnTsT1009st	0.92	0.93	0.67	0.82	0.80	1.00	0.80	0.88
32EnTsT1109st	1.00	1.00	0.71	0.75	0.86	1.00	0.71	0.93
32EnTsT509st	0.83	0.83	1.00	0.71	1.00	0.80	0.83	0.83
32GeYK09st	0.83	0.86	0.57	0.75	0.71	1.00	0.86	0.80

32EnTsT1309st	1.00	0.86	0.86	0.88	0.71	0.83	0.57	0.93	0.80
32EnTsT709st	1.00	0.86	0.86	0.88	0.71	0.83	0.57	0.93	0.80
32EnTsT809st	0.67	0.57	0.86	0.75	0.71	0.67	0.86	0.67	0.53
32EnTsT1409st	1.00	1.00	0.80	0.67	1.00	1.00	0.80	0.91	0.91
32EnTsT909st	0.83	0.83	0.67	0.86	0.67	1.00	0.83	0.83	0.77
32EnTsT609st	0.83	0.71	1.00	0.75	0.86	0.67	0.71	0.80	0.67
32EnTsTKo09st	0.67	0.71	0.71	0.63	0.86	0.83	1.00	0.67	0.67
32EnTsT109st	0.67	0.57	0.86	0.75	0.71	0.67	0.86	0.67	0.53
32EnTsT209st	0.83	0.71	0.71	0.88	0.57	0.83	0.71	0.80	0.67
32ABS10st	0.83	0.83	1.00	0.71	1.00	0.80	0.83	0.83	0.77
32ABB10st	0.67	0.57	0.86	0.75	0.71	0.67	0.86	0.67	0.53
32GeK10st	0.67	0.71	0.71	0.63	0.86	0.83	1.00	0.67	0.67
32UB10st	1.00	0.83	1.00	0.86	0.83	0.80	0.67	0.92	0.77
32SK10go	1.00	0.86	0.86	0.88	0.71	0.83	0.57	0.93	0.80
32SK10st	1.00	1.00	0.83	0.71	1.00	1.00	0.83	0.92	0.92
32A10go	0.67	0.57	0.86	0.75	0.71	0.67	0.86	0.67	0.53
32A10st	0.77	0.77	0.77	0.80	0.77	0.91	0.92	0.77	0.71
32En10st	1.00	1.00	0.71	0.75	0.86	1.00	0.71	0.93	0.93

	32EnOr09	32EgKB0932EgT09st	32GeBa09	32EgAKK0	32GeBag0	32EnKA09	32EnTsT3	32EnTst1
32EnOr09st	1.00							
32EgKB09st	0.86	1.00						
32EgT09st	0.86	1.00	1.00					
32GeBa09go	0.86	1.00	1.00	1.00				
32EgAKK09st	0.86	1.00	1.00	1.00	1.00			
32GeBag09st	0.86	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00		
32EnKA09st	0.82	0.82	0.82	0.82	0.82	0.82	1.00	
32EnTsT309st	0.63	0.75	0.75	0.75	0.75	0.75	0.84	1.00
32EnTst1209st	0.71	0.86	0.86	0.86	0.86	0.86	0.71	0.75	1.00
32EnGK09a	0.71	0.86	0.86	0.86	0.86	0.86	0.82	0.88	0.71
32EgA09st	0.77	0.92	0.92	0.92	0.92	0.92	0.80	0.80	0.77
32EgA09go	0.67	0.80	0.80	0.80	0.80	0.80	0.78	0.94	0.80
32EgY09st	0.57	0.71	0.71	0.71	0.71	0.71	0.71	0.88	0.86
32EgB09st2	0.67	0.80	0.80	0.80	0.80	0.80	0.89	0.94	0.67
32EgG09go	0.67	0.80	0.80	0.80	0.80	0.80	0.78	0.94	0.80
32EgK09st2	0.86	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	0.82	0.75	0.86
32EgT09st1	0.86	0.71	0.71	0.71	0.71	0.71	0.82	0.75	0.57
32EnTsT1009st	0.80	0.93	0.93	0.93	0.93	0.93	0.89	0.82	0.80
32EnTsT1109st	0.71	0.86	0.86	0.86	0.86	0.86	0.82	0.88	0.71
32EnTsT509st	0.67	0.67	0.67	0.67	0.67	0.67	0.71	0.86	0.83
32GeYK09st	0.86	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	0.82	0.75	0.86
32EnTsT1309st	0.86	0.71	0.71	0.71	0.71	0.71	0.82	0.75	0.57
32EnTsT709st	0.86	0.71	0.71	0.71	0.71	0.71	0.82	0.75	0.57
32EnTsT809st	0.86	0.71	0.71	0.71	0.71	0.71	0.71	0.63	0.86
32EnTsT1409st	0.60	0.80	0.80	0.80	0.80	0.80	0.77	0.91	0.80
32EnTsT909st	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	0.86	0.71	0.83
32EnTsT609st	0.71	0.57	0.57	0.57	0.57	0.57	0.71	0.75	0.71
32EnTsTKo09st	0.71	0.86	0.86	0.86	0.86	0.86	0.71	0.75	1.00
32EnTsT109st	0.86	0.71	0.71	0.71	0.71	0.71	0.71	0.63	0.86
32EnTsT209st	1.00	0.86	0.86	0.86	0.86	0.86	0.82	0.63	0.71
32ABS10st	0.67	0.67	0.67	0.67	0.67	0.67	0.71	0.86	0.83
32ABB10st	0.86	0.71	0.71	0.71	0.71	0.71	0.71	0.63	0.86
32GeK10st	0.71	0.86	0.86	0.86	0.86	0.86	0.71	0.75	1.00
32UB10st	0.83	0.67	0.67	0.67	0.67	0.67	0.80	0.77	0.67
32SK10go	0.86	0.71	0.71	0.71	0.71	0.71	0.82	0.75	0.57
32SK10st	0.67	0.83	0.83	0.83	0.83	0.83	0.80	0.92	0.83
32A10go	0.86	0.71	0.71	0.71	0.71	0.71	0.71	0.63	0.86
32A10st	0.92	0.92	0.92	0.92	0.92	0.92	0.80	0.80	0.92
32En10st	0.71	0.86	0.86	0.86	0.86	0.86	0.82	0.88	0.71

	32EnGK09a	32EgA09st	32EgA09go	32EgY09st	32EgB09s	32EgG09go	32EgK09s	32EgT09s	32EnTsT1
32EnGK09a	1.00								
32EgA09st	0.92	1.00							
32EgA09go	0.93	0.86	1.00						
32EgY09st	0.86	0.77	0.93	1.00					
32EgB09st2	0.93	0.86	0.88	0.80	1.00				
32EgG09go	0.93	0.86	1.00	0.93	0.88	1.00			
32EgK09st2	0.86	0.92	0.80	0.71	0.80	0.80	1.00		
32EgT09st1	0.86	0.77	0.80	0.71	0.80	0.80	0.71	1.00	
32EnTsT1009st	0.93	0.92	0.88	0.80	0.88	0.88	0.93	0.80	1.00
32EnTsT1109st	1.00	0.92	0.93	0.86	0.93	0.93	0.86	0.86	0.93
32EnTsT509st	0.83	0.73	0.92	1.00	0.77	0.92	0.67	0.83	0.77
32GeYK09st	0.86	0.92	0.80	0.71	0.80	0.80	1.00	0.71	0.93
32EnTsT1309st	0.86	0.77	0.80	0.71	0.80	0.80	0.71	1.00	0.80
32EnTsT709st	0.86	0.77	0.80	0.71	0.80	0.80	0.71	1.00	0.80
32EnTsT809st	0.57	0.62	0.67	0.71	0.53	0.67	0.71	0.71	0.67
32EnTsT1409st	1.00	0.89	1.00	1.00	0.91	1.00	0.80	0.80	0.91
32EnTsT909st	0.83	0.91	0.77	0.67	0.77	0.77	1.00	0.83	0.92
32EnTsT609st	0.71	0.62	0.80	0.86	0.67	0.80	0.57	0.86	0.67
32EnTsTKo09st	0.71	0.77	0.80	0.86	0.67	0.80	0.86	0.57	0.80
32EnTsT109st	0.57	0.62	0.67	0.71	0.53	0.67	0.71	0.71	0.67
32EnTsT209st	0.71	0.77	0.67	0.57	0.67	0.67	0.86	0.86	0.80
32ABS10st	0.83	0.73	0.92	1.00	0.77	0.92	0.67	0.83	0.77
32ABB10st	0.57	0.62	0.67	0.71	0.53	0.67	0.71	0.71	0.67
32GeK10st	0.71	0.77	0.80	0.86	0.67	0.80	0.86	0.57	0.80
32UB10st	0.83	0.73	0.83	0.83	0.77	0.83	0.67	1.00	0.77
32SK10go	0.86	0.77	0.80	0.71	0.80	0.80	0.71	1.00	0.80
32SK10st	1.00	0.91	1.00	1.00	0.92	1.00	0.83	0.83	0.92
32A10go	0.57	0.62	0.67	0.71	0.53	0.67	0.71	0.71	0.67
32A10st	0.77	0.83	0.86	0.77	0.71	0.86	0.92	0.77	0.86
32En10st	1.00	0.92	0.93	0.86	0.93	0.93	0.86	0.86	0.93

	32EnTsT1	32EnTsT5	32GeYK09	32EnTsT1	32EnTsT7	32EnTsT8	32EnTsT1	32EnTsT9	32EnTsT6
32EnTsT1109st	1.00								
32EnTsT509st	0.83	1.00							
32GeYK09st	0.86	0.67	1.00						
32EnTsT1309st	0.86	0.83	0.71	1.00					
32EnTsT709st	0.86	0.83	0.71	1.00	1.00				
32EnTsT809st	0.57	0.83	0.71	0.71	0.71	1.00			
32EnTsT1409st	1.00	1.00	0.80	0.80	0.80	0.60	1.00		

32EnTsT909st	0.83	0.67	1.00	0.83	0.83	0.83	0.75	1.00	
32EnTsT609st	0.71	1.00	0.57	0.86	0.86	0.86	0.80	0.67	1.00
32EnTsTKo09st	0.71	0.83	0.86	0.57	0.57	0.86	0.80	0.83	0.71
32EnTsT109st	0.57	0.83	0.71	0.71	0.71	1.00	0.60	0.83	0.86
32EnTsT209st	0.71	0.67	0.86	0.86	0.86	0.86	0.60	1.00	0.71
32ABS10st	0.83	1.00	0.67	0.83	0.83	0.83	1.00	0.67	1.00
32ABB10st	0.57	0.83	0.71	0.71	0.71	1.00	0.60	0.83	0.86
32GeK10st	0.71	0.83	0.86	0.57	0.57	0.86	0.80	0.83	0.71
32UB10st	0.83	1.00	0.67	1.00	1.00	0.83	0.80	0.80	1.00
32SK10go	0.86	0.83	0.71	1.00	1.00	0.71	0.80	0.83	0.86
32SK10st	1.00	1.00	0.83	0.83	0.83	0.67	1.00	0.80	0.83
32A10go	0.57	0.83	0.71	0.71	0.71	1.00	0.60	0.83	0.86
32A10st	0.77	0.77	0.92	0.77	0.77	0.92	0.75	0.92	0.77
32En10st	1.00	0.83	0.86	0.86	0.86	0.57	1.00	0.83	0.71

	32EnTsTK	32EnTsT1	32EnTsT232ABS10st	32ABB10st	32GeK10st	32UB10st	32SK10go	32SK10st
32EnTsTKo09st	1.00							
32EnTsT109st	0.86	1.00						
32EnTsT209st	0.71	0.86	1.00					
32ABS10st	0.83	0.83	0.67	1.00				
32ABB10st	0.86	1.00	0.86	0.83	1.00			
32GeK10st	1.00	0.86	0.71	0.83	0.86	1.00		
32UB10st	0.67	0.83	0.83	1.00	0.83	0.67	1.00	
32SK10go	0.57	0.71	0.86	0.83	0.71	0.57	1.00	1.00
32SK10st	0.83	0.67	0.67	1.00	0.67	0.83	0.83	0.83
32A10go	0.86	1.00	0.86	0.83	1.00	0.86	0.83	0.71
32A10st	0.92	0.92	0.92	0.77	0.92	0.92	0.80	0.77
32En10st	0.71	0.57	0.71	0.83	0.57	0.71	0.83	0.86

	32A10go	32A10st	32En10st
32A10go	1.00		
32A10st	0.92	1.00	
32En10st	0.57	0.77	1.00

Ek. 6. Çalışmada Kullanılan Materyallerin Benzerlik İndeksi (Dice, 1945) Değerleri (SSR Türkiye Grubu)

	05M09a2	60M09st	55M09a	17MS09st	17L09ga	24M09a	70M09st	20Om09st	05M09a1
05M09a2	1.00								
60M09st	1.00	1.00							
55M09a	1.00	0.86	1.00						
17MS09st	0.92	0.88	0.88	1.00					
17L09ga	1.00	0.86	1.00	0.88	1.00				
24M09a	1.00	0.86	1.00	0.88	1.00	1.00			
70M09st	0.83	0.83	0.83	0.77	0.83	0.83	1.00		
20Om09st	0.86	0.88	0.75	0.89	0.75	0.75	0.71	1.00	
05M09a1	1.00	1.00	1.00	0.92	1.00	1.00	0.83	0.86	1.00
32EgHR09st	0.86	0.88	0.75	0.89	0.75	0.75	0.71	1.00	0.86
59M09st	0.67	0.71	0.57	0.63	0.57	0.57	0.83	0.75	0.67
59M09go	0.67	0.71	0.57	0.63	0.57	0.57	0.83	0.75	0.67
03D09st	0.67	0.57	0.71	0.63	0.71	0.71	0.83	0.63	0.67
07El09st	0.67	0.57	0.71	0.63	0.71	0.71	0.83	0.63	0.67
43To09br	0.67	0.71	0.57	0.63	0.57	0.57	0.83	0.75	0.67
43To09go	0.67	0.57	0.71	0.63	0.71	0.71	0.83	0.63	0.67
43To09gr	0.83	0.86	0.71	0.75	0.71	0.71	0.67	0.88	0.83
17Un09st	0.83	0.71	0.86	0.75	0.86	0.86	1.00	0.63	0.83
17Bı09st	0.83	0.71	0.86	0.75	0.86	0.86	0.67	0.75	0.83
32GeBag09st	1.00	0.86	1.00	0.88	1.00	1.00	0.83	0.75	1.00
17Lap09st	0.83	0.71	0.86	0.75	0.86	0.86	0.67	0.75	0.83
32EnTst1209st	0.83	0.71	0.86	0.75	0.86	0.86	1.00	0.63	0.83
48Ul09go	0.67	0.57	0.71	0.63	0.71	0.71	0.83	0.63	0.67
33Mut09st	1.00	0.83	1.00	0.86	1.00	1.00	0.80	0.77	1.00
33M09st	0.83	0.83	0.83	0.77	0.83	0.83	0.67	0.86	0.83
50M09st	1.00	0.86	1.00	0.88	1.00	1.00	0.83	0.75	1.00
42BS09st	1.00	0.86	1.00	0.88	1.00	1.00	0.83	0.75	1.00
32EnTsT709st	0.83	0.86	0.71	0.75	0.71	0.71	0.67	0.88	0.83
38YS09st	0.83	0.71	0.86	0.75	0.86	0.86	0.67	0.75	0.83
42E10st	0.67	0.57	0.71	0.63	0.71	0.71	0.83	0.63	0.67
24CK10st	0.83	0.86	0.71	0.75	0.71	0.71	0.67	0.88	0.83
Hol10kr	0.67	0.67	0.67	0.62	0.67	0.67	0.83	0.71	0.67
BelAE10kr	0.67	0.71	0.57	0.63	0.57	0.57	0.83	0.75	0.67
LuxM10se	0.67	0.57	0.71	0.63	0.71	0.71	0.83	0.63	0.67
HolRot10se	0.67	0.67	0.67	0.62	0.67	0.67	0.83	0.71	0.67
BelGe10kr	0.67	0.57	0.71	0.63	0.71	0.71	0.83	0.63	0.67
BelBrM10kr	0.67	0.71	0.57	0.63	0.57	0.57	0.83	0.75	0.67
BelLux10se	0.83	0.83	0.83	0.77	0.83	0.83	0.67	0.86	0.83
Bos210kr	0.83	0.71	0.86	0.75	0.86	0.86	0.67	0.75	0.83
Bos310kr	0.83	0.71	0.86	0.75	0.86	0.86	0.67	0.75	0.83
33M10an	0.83	0.71	0.86	0.75	0.86	0.86	0.67	0.75	0.83
26MhlS10st	0.80	0.67	0.83	0.77	0.83	0.83	0.60	0.77	0.80
22Lb10pl	0.83	0.86	0.71	0.75	0.71	0.71	0.67	0.88	0.83
53ID10kr	0.83	0.83	0.83	0.77	0.83	0.83	0.67	0.86	0.83
42BS10st	0.83	0.71	0.86	0.75	0.86	0.86	0.67	0.75	0.83
38Y10st	1.00	0.86	1.00	0.88	1.00	1.00	0.83	0.75	1.00

	32EgHR09	59M09st	59M09go	03D09st	07El09st	43To09br	43To09go	43To09gr	17Un09st
32EgHR09st	1.00								
59M09st	0.75	1.00							
59M09go	0.75	1.00	1.00						
03D09st	0.63	0.86	0.86	1.00					
07El09st	0.63	0.86	0.86	1.00	1.00				
43To09br	0.75	1.00	1.00	0.86	0.86	1.00			
43To09go	0.63	0.86	0.86	1.00	1.00	0.86	1.00		
43To09gr	0.88	0.86	0.86	0.71	0.71	0.86	0.71	1.00	
17Un09st	0.63	0.71	0.71	0.86	0.86	0.71	0.86	0.57	1.00
17Bı09st	0.75	0.71	0.71	0.86	0.86	0.71	0.86	0.86	0.71
32GeBag09st	0.75	0.57	0.57	0.71	0.71	0.57	0.71	0.71	0.86
17Lap09st	0.75	0.71	0.71	0.86	0.86	0.71	0.86	0.86	0.71
32EnTst1209st	0.63	0.71	0.71	0.86	0.86	0.71	0.86	0.57	1.00
48Ul09go	0.63	0.86	0.86	1.00	1.00	0.86	1.00	0.71	0.86
33Mut09st	0.77	0.67	0.67	0.83	0.83	0.67	0.83	0.83	0.83
33M09st	0.86	0.83	0.83	0.83	0.83	0.83	0.83	1.00	0.67
50M09st	0.75	0.57	0.57	0.71	0.71	0.57	0.71	0.71	0.86
42BS09st	0.75	0.57	0.57	0.71	0.71	0.57	0.71	0.71	0.86
32EnTsT709st	0.88	0.86	0.86	0.71	0.71	0.86	0.71	1.00	0.57
38YS09st	0.75	0.71	0.71	0.86	0.86	0.71	0.86	0.86	0.71
42E10st	0.63	0.86	0.86	1.00	1.00	0.86	1.00	0.71	0.86
24CK10st	0.88	0.86	0.86	0.71	0.71	0.86	0.71	1.00	0.57
Hol10kr	0.71	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	0.83	0.83
BelAE10kr	0.75	1.00	1.00	0.86	0.86	1.00	0.86	0.86	0.71
LuxM10se	0.63	0.86	0.86	1.00	1.00	0.86	1.00	0.71	0.86
HolRot10se	0.71	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	0.83	0.83
BelGe10kr	0.63	0.86	0.86	1.00	1.00	0.86	1.00	0.71	0.86
BelBrM10kr	0.75	1.00	1.00	0.86	0.86	1.00	0.86	0.86	0.71
BelLux10se	0.86	0.83	0.83	0.83	0.83	0.83	0.83	1.00	0.67
Bos210kr	0.75	0.71	0.71	0.86	0.86	0.71	0.86	0.86	0.71
Bos310kr	0.75	0.71	0.71	0.86	0.86	0.71	0.86	0.86	0.71
33M10an	0.75	0.71	0.71	0.86	0.86	0.71	0.86	0.86	0.71
26MhlS10st	0.77	0.67	0.67	0.83	0.83	0.67	0.83	0.83	0.67
22Lb10pl	0.88	0.86	0.86	0.71	0.71	0.86	0.71	1.00	0.57
53ID10kr	0.86	0.83	0.83	0.83	0.83	0.83	0.83	1.00	0.67
42BS10st	0.75	0.71	0.71	0.86	0.86	0.71	0.86	0.86	0.71
38Y10st	0.75	0.57	0.57	0.71	0.71	0.57	0.71	0.71	0.86

	17Bı09st	32GeBag09	17Lap09st	32EnTst1	48Ul09go	33Mut09st	33M09st	50M09st	42BS09st
17Bı09st	1.00								
32GeBag09st	0.86	1.00							
17Lap09st	1.00	0.86	1.00						

32EnTst1209st	0.71	0.86	0.71	1.00					
48Ul09go	0.86	0.71	0.86	0.86	1.00				
33Mut09st	1.00	1.00	1.00	0.83	0.83	1.00			
33M09st	1.00	0.83	1.00	0.67	0.83	1.00	1.00		
50M09st	0.86	1.00	0.86	0.86	0.71	1.00	0.83	1.00	
42BS09st	0.86	1.00	0.86	0.86	0.71	1.00	0.83	1.00	1.00
32EnTsT709st	0.86	0.71	0.86	0.57	0.71	0.83	1.00	0.71	0.71
38YS09st	1.00	0.86	1.00	0.71	0.86	1.00	1.00	0.86	0.86
42E10st	0.86	0.71	0.86	0.86	1.00	0.83	0.83	0.71	0.71
24CK10st	0.86	0.71	0.86	0.57	0.71	0.83	1.00	0.71	0.71
Hol10kr	0.83	0.67	0.83	0.83	1.00	0.80	0.83	0.67	0.67
BelAE10kr	0.71	0.57	0.71	0.71	0.86	0.67	0.83	0.57	0.57
LuxM10se	0.86	0.71	0.86	0.86	1.00	0.83	0.83	0.71	0.71
HolRot10se	0.83	0.67	0.83	0.83	1.00	0.80	0.83	0.67	0.67
BelGe10kr	0.86	0.71	0.86	0.86	1.00	0.83	0.83	0.71	0.71
BelBrM10kr	0.71	0.57	0.71	0.71	0.86	0.67	0.83	0.57	0.57
BelLux10se	1.00	0.83	1.00	0.67	0.83	1.00	1.00	0.83	0.83
Bos210kr	1.00	0.86	1.00	0.71	0.86	1.00	1.00	0.86	0.86
Bos310kr	1.00	0.86	1.00	0.71	0.86	1.00	1.00	0.86	0.86
33M10an	1.00	0.86	1.00	0.71	0.86	1.00	1.00	0.86	0.86
26MhlS10st	1.00	0.83	1.00	0.67	0.83	1.00	1.00	0.83	0.83
22Lb10pl	0.86	0.71	0.86	0.57	0.71	0.83	1.00	0.71	0.71
53ID10kr	1.00	0.83	1.00	0.67	0.83	1.00	1.00	0.83	0.83
42BS10st	1.00	0.86	1.00	0.71	0.86	1.00	1.00	0.86	0.86
38Y10st	0.86	1.00	0.86	0.86	0.71	1.00	0.83	1.00	1.00

	32EnTsT7	38YS09st	42E10st	24CK10st	Hol10kr	BelAE10kr	LuxM10se	HolRot10	BelGe10kr
32EnTsT709st	1.00								
38YS09st	0.86	1.00							
42E10st	0.71	0.86	1.00						
24CK10st	1.00	0.86	0.71	1.00					
Hol10kr	0.83	0.83	1.00	0.83	1.00				
BelAE10kr	0.86	0.71	0.86	0.86	1.00	1.00			
LuxM10se	0.71	0.86	1.00	0.71	1.00	0.86	1.00		
HolRot10se	0.83	0.83	1.00	0.83	1.00	1.00	1.00	1.00	
BelGe10kr	0.71	0.86	1.00	0.71	1.00	0.86	1.00	1.00	1.00
BelBrM10kr	0.86	0.71	0.86	0.86	1.00	1.00	0.86	1.00	0.86
BelLux10se	1.00	1.00	0.83	1.00	0.83	0.83	0.83	0.83	0.83
Bos210kr	0.86	1.00	0.86	0.86	0.83	0.71	0.86	0.83	0.86
Bos310kr	0.86	1.00	0.86	0.86	0.83	0.71	0.86	0.83	0.86
33M10an	0.86	1.00	0.86	0.86	0.83	0.71	0.86	0.83	0.86
26MhlS10st	0.83	1.00	0.83	0.83	0.80	0.67	0.83	0.80	0.83
22Lb10pl	1.00	0.86	0.71	1.00	0.83	0.86	0.71	0.83	0.71
53ID10kr	1.00	1.00	0.83	1.00	0.83	0.83	0.83	0.83	0.83
42BS10st	0.86	1.00	0.86	0.86	0.83	0.71	0.86	0.83	0.86
38Y10st	0.71	0.86	0.71	0.71	0.67	0.57	0.71	0.67	0.71

	BelBrM10	BelLux10	Bos210kr	Bos310kr	33M10an	26MhlS10	22Lb10pl	53ID10kr	42BS10st
BelBrM10kr	1.00								
BelLux10se	0.83	1.00							
Bos210kr	0.71	1.00	1.00						
Bos310kr	0.71	1.00	1.00	1.00					
33M10an	0.71	1.00	1.00	1.00	1.00				
26MhlS10st	0.67	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00			
22Lb10pl	0.86	1.00	0.86	0.86	0.86	0.83	1.00		
53ID10kr	0.83	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	
42BS10st	0.71	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	0.86	1.00	1.00
38Y10st	0.57	0.83	0.86	0.86	0.86	0.83	0.71	0.83	0.86

	38Y10st
38Y10st	1.00

Ek. 7. Çalışmada Kullanılan Materyallerin Benzerlik İndeksi (Dice, 1945) Değerleri (SRAP Isparta Grubu)

	32HO09st	32KV09st	32Pe09st	32SeG09st	32SB09st	32YB09st	32ESp09st	32EK09st	32GD09st
32HO09st	1.00								
32KV09st	0.86	1.00							
32Pe09st	0.87	0.79	1.00						
32SeG09st	0.85	0.86	0.81	1.00					
32SB09st	0.87	0.82	0.77	0.82	1.00				
32YB09st	0.85	0.83	0.80	0.81	0.89	1.00			
32ESp09st	0.85	0.82	0.82	0.81	0.83	0.82	1.00		
32EK09st	0.92	0.85	0.86	0.82	0.80	0.85	0.83	1.00	
32GD09st	0.86	0.85	0.85	0.79	0.82	0.85	0.87	0.86	1.00
32EKs09st	0.88	0.81	0.74	0.76	0.86	0.84	0.79	0.80	0.85
32YaÇ09st	0.81	0.80	0.79	0.75	0.79	0.85	0.81	0.81	0.84
32GeM09st	0.88	0.81	0.82	0.81	0.86	0.78	0.83	0.83	0.84
32EgHR09st	0.85	0.83	0.80	0.79	0.88	0.87	0.86	0.83	0.91
32EgB09st	0.82	0.78	0.79	0.80	0.81	0.79	0.85	0.76	0.88
32EgT09go	0.86	0.84	0.87	0.87	0.86	0.82	0.85	0.87	0.88
32EgC09gr	0.82	0.83	0.82	0.85	0.85	0.84	0.84	0.83	0.85
32EgKB09st	0.85	0.83	0.80	0.80	0.86	0.85	0.85	0.82	0.91
32EgT09st	0.82	0.78	0.73	0.77	0.89	0.86	0.82	0.75	0.84
32GeBa09go	0.87	0.83	0.85	0.81	0.89	0.88	0.80	0.85	0.87
32GeBag09st	0.81	0.86	0.81	0.78	0.80	0.83	0.81	0.84	0.84
32EnKA09st	0.81	0.88	0.76	0.86	0.87	0.87	0.83	0.81	0.83
32EnTsT309st	0.84	0.85	0.86	0.86	0.82	0.84	0.84	0.85	0.84
32EnTst1209st	0.84	0.84	0.79	0.86	0.87	0.85	0.85	0.82	0.82
32EnGK09a	0.88	0.89	0.84	0.86	0.82	0.79	0.91	0.86	0.90
32EgB09st2	0.82	0.83	0.81	0.82	0.83	0.83	0.88	0.84	0.87
32EgG09go	0.91	0.88	0.85	0.83	0.89	0.84	0.84	0.87	0.90
32EgK09go	0.85	0.85	0.81	0.85	0.90	0.85	0.81	0.83	0.86
32EgK09st2	0.86	0.81	0.78	0.78	0.85	0.86	0.82	0.81	0.89
32EgT09st1	0.85	0.86	0.84	0.84	0.82	0.84	0.84	0.84	0.86
32EnTsT1009st	0.89	0.86	0.83	0.85	0.87	0.86	0.84	0.87	0.87
32EnTsT1109st	0.89	0.85	0.81	0.82	0.82	0.83	0.81	0.86	0.84
32EnTsT509st	0.87	0.86	0.85	0.87	0.84	0.83	0.83	0.83	0.87
32EnTsT1309st	0.74	0.73	0.75	0.76	0.78	0.76	0.77	0.70	0.72
32EnTsT709st	0.85	0.79	0.81	0.81	0.82	0.85	0.83	0.81	0.85
32EnTsT809st	0.86	0.82	0.82	0.83	0.85	0.91	0.87	0.83	0.85
32EnTsT1409st	0.90	0.85	0.81	0.83	0.85	0.88	0.80	0.84	0.82
32EnTsT909st	0.85	0.83	0.84	0.85	0.79	0.84	0.84	0.87	0.83
32EnTsT609st	0.88	0.84	0.83	0.88	0.82	0.81	0.81	0.84	0.80
32EnTsTKo09st	0.83	0.85	0.81	0.83	0.84	0.85	0.86	0.83	0.87
32EnTsT109st	0.88	0.83	0.84	0.84	0.86	0.90	0.85	0.86	0.84
32EnTsT209st	0.88	0.80	0.82	0.82	0.80	0.81	0.82	0.85	0.84
32ABS10st	0.82	0.80	0.81	0.81	0.73	0.77	0.73	0.81	0.79
32ABB10st	0.84	0.80	0.80	0.81	0.80	0.85	0.85	0.85	0.81
32UB10st	0.84	0.80	0.77	0.73	0.77	0.84	0.79	0.84	0.83
32SK10go	0.85	0.80	0.81	0.81	0.81	0.85	0.83	0.84	0.86
32SK10st	0.88	0.80	0.84	0.80	0.81	0.82	0.82	0.86	0.86
32A10go	0.90	0.84	0.82	0.84	0.82	0.85	0.85	0.88	0.82
32A10st	0.89	0.83	0.83	0.79	0.87	0.87	0.85	0.88	0.88

	32EKs09st	32YaÇ09st	32GeM09st	32EgHR0932EgB09st	32EgT09go	32EgC09gr	32EgKB0932EgT09st		
32EKs09st	1.00								
32YaÇ09st	0.82	1.00							
32GeM09st	0.79	0.75	1.00						
32EgHR09st	0.83	0.83	0.88	1.00					
32EgB09st	0.81	0.84	0.84	0.86	1.00				
32EgT09go	0.82	0.80	0.78	0.86	0.84	1.00			
32EgC09gr	0.78	0.78	0.83	0.89	0.81	0.88	1.00		
32EgKB09st	0.84	0.87	0.91	0.90	0.87	0.83	0.82	1.00	
32EgT09st	0.83	0.85	0.75	0.85	0.82	0.82	0.81	0.87	1.00
32GeBa09go	0.86	0.82	0.86	0.89	0.83	0.88	0.88	0.86	0.83
32GeBag09st	0.80	0.85	0.82	0.83	0.80	0.84	0.81	0.82	0.79
32EnKA09st	0.86	0.80	0.80	0.86	0.81	0.85	0.85	0.82	0.80
32EnTsT309st	0.80	0.84	0.79	0.85	0.82	0.86	0.86	0.82	0.77
32EnTst1209st	0.82	0.81	0.81	0.85	0.84	0.87	0.87	0.82	0.83
32EnGK09a	0.83	0.80	0.85	0.85	0.86	0.90	0.85	0.84	0.81
32EgB09st2	0.81	0.80	0.81	0.87	0.85	0.85	0.85	0.89	0.82
32EgG09go	0.84	0.82	0.85	0.90	0.83	0.90	0.84	0.87	0.84
32EgK09go	0.85	0.79	0.87	0.90	0.81	0.87	0.88	0.88	0.82
32EgK09st2	0.85	0.86	0.87	0.88	0.85	0.82	0.79	0.85	0.86
32EgT09st1	0.80	0.81	0.88	0.83	0.82	0.86	0.83	0.87	0.80
32EnTsT1009st	0.83	0.78	0.85	0.89	0.81	0.88	0.86	0.84	0.81
32EnTsT1109st	0.83	0.85	0.84	0.83	0.83	0.84	0.81	0.84	0.80
32EnTsT509st	0.82	0.81	0.86	0.82	0.85	0.85	0.80	0.87	0.82
32EnTsT1309st	0.69	0.67	0.78	0.75	0.76	0.72	0.73	0.72	0.74
32EnTsT709st	0.82	0.81	0.81	0.88	0.87	0.83	0.82	0.84	0.85
32EnTsT809st	0.82	0.85	0.81	0.87	0.82	0.85	0.82	0.84	0.85
32EnTsT1409st	0.84	0.82	0.82	0.86	0.82	0.83	0.85	0.84	0.84
32EnTsT909st	0.77	0.82	0.83	0.84	0.77	0.85	0.84	0.85	0.78
32EnTsT609st	0.84	0.81	0.82	0.81	0.80	0.86	0.87	0.80	0.81
32EnTsTKo09st	0.81	0.83	0.83	0.89	0.79	0.85	0.85	0.85	0.81
32EnTsT109st	0.80	0.84	0.83	0.89	0.80	0.85	0.85	0.86	0.83
32EnTsT209st	0.81	0.79	0.84	0.85	0.82	0.84	0.81	0.84	0.81
32ABS10st	0.80	0.85	0.81	0.77	0.79	0.79	0.76	0.81	0.74
32ABB10st	0.80	0.85	0.81	0.82	0.80	0.83	0.80	0.85	0.82
32UB10st	0.84	0.84	0.79	0.80	0.81	0.79	0.79	0.84	0.83
32SK10go	0.80	0.81	0.79	0.83	0.78	0.86	0.87	0.83	0.80
32SK10st	0.83	0.82	0.83	0.86	0.81	0.86	0.83	0.83	0.82
32A10go	0.82	0.81	0.85	0.86	0.78	0.84	0.81	0.83	0.80
32A10st	0.84	0.85	0.86	0.91	0.81	0.87	0.89	0.83	0.84

	32GeBa09	32GeBag0	32EnKA09	32EnTsT3	32EnTst132EnGK09a	32EgB09s	32EgG09go	32EgK09go

32GeBa09go	1.00								
32GeBag09st	0.85	1.00							
32EnKA09st	0.85	0.83	1.00						
32EnTsT309st	0.88	0.82	0.86	1.00					
32EnTst1209st	0.83	0.84	0.88	0.84	1.00				
32EnGK09a	0.85	0.84	0.84	0.87	0.88	1.00			
32EgB09st2	0.83	0.84	0.84	0.85	0.85	0.87	1.00		
32EgG09go	0.89	0.85	0.84	0.86	0.87	0.91	0.85	1.00	
32EgK09go	0.93	0.85	0.89	0.90	0.86	0.85	0.88	0.92	1.00
32EgK09st2	0.86	0.83	0.82	0.81	0.83	0.85	0.83	0.86	0.86
32EgT09st1	0.85	0.84	0.82	0.86	0.86	0.88	0.90	0.87	0.89
32EnTsT1009st	0.91	0.85	0.87	0.86	0.83	0.87	0.85	0.93	0.94
32EnTsT1109st	0.85	0.83	0.78	0.85	0.84	0.85	0.87	0.86	0.85
32EnTsT509st	0.86	0.85	0.83	0.86	0.87	0.89	0.88	0.88	0.88
32EnTsT1309st	0.78	0.67	0.74	0.73	0.77	0.74	0.74	0.72	0.74
32EnTsT709st	0.86	0.83	0.85	0.83	0.85	0.81	0.88	0.84	0.88
32EnTsT809st	0.86	0.82	0.87	0.82	0.85	0.84	0.88	0.85	0.87
32EnTsT1409st	0.87	0.82	0.85	0.85	0.85	0.83	0.83	0.85	0.87
32EnTsT909st	0.86	0.85	0.82	0.87	0.81	0.87	0.87	0.86	0.90
32EnTsT609st	0.85	0.80	0.83	0.88	0.86	0.88	0.86	0.83	0.87
32EnTsTKo09st	0.85	0.83	0.85	0.86	0.85	0.87	0.88	0.87	0.90
32EnTsT109st	0.87	0.82	0.84	0.85	0.84	0.84	0.85	0.87	0.88
32EnTsT209st	0.85	0.80	0.82	0.83	0.84	0.85	0.85	0.85	0.87
32ABS10st	0.82	0.88	0.78	0.84	0.77	0.81	0.79	0.81	0.82
32ABB10st	0.82	0.84	0.82	0.82	0.85	0.84	0.84	0.81	0.83
32UB10st	0.85	0.84	0.78	0.84	0.80	0.82	0.88	0.84	0.84
32SK10go	0.85	0.81	0.81	0.86	0.84	0.86	0.84	0.87	0.89
32SK10st	0.87	0.81	0.83	0.84	0.84	0.87	0.83	0.86	0.88
32A10go	0.87	0.84	0.83	0.86	0.84	0.88	0.86	0.87	0.87
32A10st	0.94	0.88	0.85	0.85	0.85	0.87	0.82	0.90	0.90

	32EgK09s	32EgT09s	32EnTsT1	32EnTsT1	32EnTsT5	32EnTsT1	32EnTsT7	32EnTsT8	32EnTsT1
32EgK09st2	1.00								
32EgT09st1	0.88	1.00							
32EnTsT1009st	0.86	0.88	1.00						
32EnTsT1109st	0.89	0.93	0.86	1.00					
32EnTsT509st	0.90	0.93	0.88	0.91	1.00				
32EnTsT1309st	0.75	0.76	0.74	0.74	0.77	1.00			
32EnTsT709st	0.90	0.85	0.86	0.86	0.87	0.74	1.00		
32EnTsT809st	0.91	0.91	0.89	0.88	0.90	0.78	0.91	1.00	
32EnTsT1409st	0.89	0.84	0.87	0.91	0.86	0.71	0.88	0.90	1.00
32EnTsT909st	0.82	0.89	0.88	0.84	0.86	0.70	0.84	0.87	0.82
32EnTsT609st	0.83	0.86	0.83	0.89	0.87	0.74	0.85	0.84	0.89
32EnTsTKo09st	0.86	0.90	0.87	0.88	0.89	0.74	0.87	0.91	0.84
32EnTsT109st	0.85	0.89	0.89	0.88	0.87	0.76	0.87	0.93	0.85
32EnTsT209st	0.87	0.86	0.86	0.88	0.88	0.75	0.86	0.87	0.89
32ABS10st	0.80	0.83	0.80	0.86	0.83	0.67	0.77	0.78	0.82
32ABB10st	0.86	0.86	0.83	0.86	0.88	0.77	0.85	0.89	0.83
32UB10st	0.84	0.86	0.82	0.86	0.85	0.69	0.87	0.85	0.84
32SK10go	0.82	0.85	0.85	0.83	0.85	0.72	0.80	0.86	0.81
32SK10st	0.88	0.87	0.88	0.87	0.87	0.72	0.86	0.88	0.87
32A10go	0.87	0.88	0.89	0.89	0.87	0.74	0.87	0.88	0.87
32A10st	0.89	0.87	0.92	0.87	0.84	0.75	0.88	0.90	0.85

	32EnTsT9	32EnTsT6	32EnTsTK	32EnTsT1	32EnTsT232ABS10st	32ABB10st	32UB10st	32SK10go
32EnTsT909st	1.00							
32EnTsT609st	0.89	1.00						
32EnTsTKo09st	0.90	0.85	1.00					
32EnTsT109st	0.93	0.86	0.92	1.00				
32EnTsT209st	0.88	0.88	0.88	0.87	1.00			
32ABS10st	0.86	0.85	0.83	0.84	0.84	1.00		
32ABB10st	0.87	0.84	0.86	0.91	0.89	0.84	1.00	
32UB10st	0.86	0.83	0.81	0.85	0.81	0.82	0.86	1.00
32SK10go	0.89	0.85	0.88	0.90	0.86	0.83	0.88	0.89
32SK10st	0.88	0.85	0.92	0.90	0.92	0.86	0.88	0.85
32A10go	0.93	0.90	0.88	0.92	0.90	0.85	0.88	0.86
32A10st	0.88	0.84	0.91	0.92	0.85	0.83	0.88	0.87

	32SK10st	32A10go	32A10st
32SK10st	1.00		
32A10go	0.88	1.00	
32A10st	0.93	0.90	1.00

Ek. 8. Çalışmada Kullanılan Materyallerin Benzerlik İndeksi (Dice, 1945) Değerleri (SRAP Türkiye Grubu)

	05M09a2	60M09st	55M09a	17BI09st	17MS09st	17L09ga	24M09a	70M09st	20Om09st
05M09a2	1.00								
60M09st	0.79	1.00							
55M09a	0.80	0.89	1.00						
17BI09st	0.79	0.83	0.82	1.00					
17MS09st	0.84	0.84	0.89	0.79	1.00				
17L09ga	0.83	0.84	0.88	0.81	0.89	1.00			
24M09a	0.84	0.87	0.89	0.84	0.96	0.91	1.00		
70M09st	0.85	0.83	0.82	0.81	0.83	0.85	0.85	1.00	
20Om09st	0.74	0.79	0.84	0.73	0.87	0.85	0.85	0.84	1.00
05M09a1	0.80	0.89	0.85	0.81	0.88	0.85	0.91	0.85	0.82
32EgHR09st	0.78	0.85	0.87	0.74	0.88	0.89	0.87	0.82	0.85
59M09go	0.84	0.83	0.86	0.81	0.85	0.86	0.87	0.85	0.78
03D09st	0.86	0.75	0.77	0.74	0.84	0.82	0.82	0.83	0.77
20COm09go	0.87	0.85	0.81	0.82	0.87	0.81	0.86	0.79	0.75
07El09st	0.80	0.84	0.81	0.88	0.86	0.82	0.88	0.85	0.84
43To09br	0.82	0.82	0.82	0.78	0.81	0.89	0.82	0.84	0.77
43To09go	0.80	0.82	0.83	0.78	0.86	0.85	0.87	0.79	0.79
43To09st	0.83	0.84	0.77	0.82	0.79	0.85	0.80	0.84	0.72
17Un09st	0.85	0.80	0.79	0.77	0.78	0.86	0.83	0.90	0.74
17Bı09st	0.62	0.63	0.69	0.69	0.62	0.69	0.68	0.71	0.63
32GeBag09st	0.79	0.82	0.80	0.78	0.83	0.81	0.81	0.81	0.83
17Lap09st	0.82	0.83	0.84	0.82	0.88	0.91	0.86	0.87	0.84
32EnTst1209st	0.80	0.80	0.85	0.78	0.82	0.83	0.83	0.79	0.81
48Ul09go	0.83	0.83	0.84	0.77	0.85	0.82	0.84	0.84	0.78
33Mut09st	0.80	0.83	0.81	0.78	0.83	0.86	0.85	0.88	0.81
33M09st	0.69	0.74	0.75	0.70	0.73	0.76	0.73	0.74	0.71
42BS09st	0.57	0.67	0.69	0.65	0.61	0.60	0.63	0.60	0.66
32EnTsT709st	0.74	0.81	0.82	0.72	0.85	0.83	0.83	0.79	0.85
38YS09st	0.77	0.80	0.83	0.76	0.85	0.84	0.80	0.84	0.79
42E10st	0.83	0.83	0.81	0.79	0.88	0.87	0.90	0.88	0.79
24CK10st	0.90	0.84	0.84	0.77	0.90	0.84	0.93	0.89	0.86
Hol10kr	0.78	0.78	0.74	0.79	0.80	0.80	0.80	0.77	0.74
BelAE10kr	0.75	0.80	0.78	0.81	0.82	0.85	0.80	0.78	0.79
LuxM10se	0.72	0.79	0.77	0.73	0.75	0.81	0.74	0.77	0.78
HolRot10se	0.74	0.80	0.79	0.76	0.80	0.80	0.77	0.75	0.80
BelGe10kr	0.76	0.78	0.80	0.79	0.82	0.82	0.80	0.77	0.79
BelLux10se	0.76	0.78	0.78	0.85	0.80	0.79	0.80	0.79	0.75
Bos210kr	0.78	0.85	0.84	0.85	0.86	0.81	0.85	0.83	0.81
Bos310kr	0.81	0.83	0.83	0.82	0.83	0.80	0.80	0.82	0.82
33M10an	0.81	0.81	0.79	0.79	0.87	0.84	0.82	0.81	0.76
26MhlS10st	0.78	0.83	0.85	0.79	0.87	0.82	0.82	0.82	0.82
77AE10st	0.81	0.84	0.84	0.79	0.88	0.86	0.86	0.84	0.80
22Lb10pl	0.76	0.84	0.84	0.78	0.85	0.84	0.80	0.77	0.81
42BS10st	0.77	0.79	0.80	0.75	0.84	0.81	0.82	0.85	0.85
38Y10st	0.77	0.80	0.77	0.78	0.82	0.82	0.82	0.81	0.75

	05M09a1	32EgHR09	59M09go	03D09st	20COm09go	07El09st	43To09br	43To09go	43To09st
05M09a1	1.00								
32EgHR09st	0.85	1.00							
59M09go	0.88	0.82	1.00						
03D09st	0.78	0.79	0.83	1.00					
20COm09go	0.87	0.78	0.83	0.82	1.00				
07El09st	0.89	0.83	0.87	0.78	0.83	1.00			
43To09br	0.89	0.82	0.85	0.82	0.80	0.82	1.00		
43To09go	0.81	0.83	0.79	0.77	0.81	0.80	0.80	1.00	
43To09st	0.79	0.78	0.85	0.83	0.84	0.83	0.89	0.78	1.00
17Un09st	0.82	0.80	0.84	0.84	0.76	0.83	0.87	0.81	0.84
17Bı09st	0.70	0.69	0.72	0.63	0.67	0.70	0.69	0.67	0.60
32GeBag09st	0.83	0.83	0.80	0.79	0.83	0.84	0.82	0.81	0.79
17Lap09st	0.84	0.86	0.87	0.81	0.79	0.87	0.88	0.80	0.83
32EnTst1209st	0.79	0.85	0.85	0.79	0.79	0.84	0.82	0.81	0.84
48Ul09go	0.82	0.86	0.85	0.78	0.78	0.85	0.81	0.82	0.74
33Mut09st	0.87	0.83	0.85	0.73	0.78	0.88	0.86	0.77	0.78
33M09st	0.71	0.78	0.78	0.70	0.65	0.77	0.73	0.73	0.72
42BS09st	0.65	0.61	0.60	0.59	0.62	0.67	0.64	0.57	0.69
32EnTsT709st	0.81	0.88	0.81	0.76	0.74	0.83	0.81	0.80	0.77
38YS09st	0.80	0.85	0.79	0.79	0.71	0.79	0.82	0.76	0.76
42E10st	0.91	0.83	0.86	0.84	0.88	0.89	0.91	0.87	0.88
24CK10st	0.88	0.87	0.87	0.86	0.85	0.85	0.86	0.81	0.81
Hol10kr	0.80	0.78	0.83	0.76	0.81	0.82	0.84	0.75	0.78
BelAE10kr	0.82	0.82	0.83	0.75	0.78	0.84	0.85	0.77	0.77
LuxM10se	0.76	0.84	0.76	0.72	0.71	0.76	0.81	0.75	0.78
HolRot10se	0.79	0.85	0.80	0.69	0.72	0.81	0.84	0.77	0.77
BelGe10kr	0.80	0.85	0.83	0.76	0.71	0.82	0.82	0.78	0.77
BelLux10se	0.80	0.80	0.83	0.74	0.76	0.85	0.81	0.74	0.81
Bos210kr	0.85	0.86	0.83	0.71	0.79	0.90	0.80	0.82	0.75
Bos310kr	0.82	0.84	0.83	0.73	0.79	0.87	0.82	0.78	0.75
33M10an	0.82	0.80	0.83	0.80	0.78	0.83	0.86	0.77	0.86
26MhlS10st	0.80	0.88	0.81	0.76	0.75	0.85	0.80	0.80	0.79
77AE10st	0.86	0.84	0.85	0.79	0.81	0.86	0.85	0.80	0.82
22Lb10pl	0.78	0.86	0.79	0.76	0.77	0.84	0.84	0.82	0.78
42BS10st	0.80	0.84	0.78	0.79	0.75	0.82	0.79	0.86	0.72
38Y10st	0.80	0.80	0.82	0.69	0.74	0.81	0.78	0.75	0.84

	17Un09st	17Bı09st	32GeBag09	17Lap09st	32EnTst1	48Ul09go	33Mut09st	33M09st	42BS09st
17Un09st	1.00								
17Bı09st	0.73	1.00							
32GeBag09st	0.81	0.60	1.00						
17Lap09st	0.86	0.65	0.89	1.00					
32EnTst1209st	0.80	0.66	0.84	0.87	1.00				
48Ul09go	0.82	0.69	0.79	0.84	0.85	1.00			

33Mut09st	0.86	0.76	0.77	0.87	0.80	0.87	1.00		
33M09st	0.77	0.73	0.73	0.78	0.77	0.78	0.79	1.00	
42BS09st	0.56	0.55	0.65	0.64	0.65	0.56	0.57	0.54	1.00
32EnTsT709st	0.78	0.63	0.83	0.86	0.85	0.84	0.86	0.76	0.64
38YS09st	0.81	0.64	0.78	0.85	0.78	0.82	0.85	0.80	0.59
42E10st	0.88	0.71	0.84	0.86	0.82	0.88	0.94	0.77	0.58
24CK10st	0.87	0.55	0.90	0.90	0.85	0.88	0.89	0.75	0.66
Hol10kr	0.75	0.64	0.80	0.86	0.80	0.81	0.89	0.76	0.49
BelAE10kr	0.75	0.65	0.82	0.90	0.80	0.83	0.89	0.77	0.55
LuxM10se	0.76	0.67	0.79	0.84	0.81	0.80	0.82	0.80	0.58
HolRot10se	0.71	0.63	0.82	0.84	0.81	0.84	0.85	0.78	0.58
BelGe10kr	0.76	0.68	0.78	0.87	0.80	0.87	0.85	0.79	0.58
BelLux10se	0.74	0.71	0.77	0.82	0.78	0.84	0.85	0.80	0.64
Bos210kr	0.78	0.66	0.84	0.84	0.84	0.88	0.88	0.77	0.54
Bos310kr	0.75	0.64	0.85	0.86	0.85	0.86	0.88	0.76	0.61
33M10an	0.82	0.62	0.83	0.91	0.81	0.82	0.87	0.78	0.60
26MhlS10st	0.75	0.61	0.83	0.86	0.85	0.84	0.82	0.82	0.62
77AE10st	0.81	0.63	0.82	0.89	0.82	0.83	0.87	0.80	0.66
22Lb10pl	0.76	0.64	0.83	0.86	0.83	0.86	0.85	0.82	0.69
42BS10st	0.78	0.68	0.85	0.82	0.83	0.84	0.80	0.78	0.54
38Y10st	0.79	0.73	0.76	0.84	0.81	0.80	0.88	0.84	0.56

	32EnTsT7	38YS09st	42E10st	24CK10st	Hol10kr	BelAE10kr	LuxM10se	HolRot10	BelGe10kr
32EnTsT709st	1.00								
38YS09st	0.82	1.00							
42E10st	0.83	0.81	1.00						
24CK10st	0.88	0.86	0.88	1.00					
Hol10kr	0.82	0.77	0.88	0.86	1.00				
BelAE10kr	0.83	0.82	0.87	0.85	0.96	1.00			
LuxM10se	0.83	0.78	0.80	0.80	0.89	0.91	1.00		
HolRot10se	0.86	0.83	0.83	0.86	0.87	0.90	0.88	1.00	
BelGe10kr	0.87	0.81	0.81	0.85	0.89	0.91	0.87	0.89	1.00
BelLux10se	0.82	0.87	0.86	0.85	0.84	0.85	0.79	0.87	0.85
Bos210kr	0.89	0.84	0.86	0.88	0.82	0.85	0.79	0.88	0.84
Bos310kr	0.88	0.85	0.83	0.87	0.86	0.90	0.86	0.90	0.85
33M10an	0.82	0.87	0.89	0.90	0.89	0.90	0.82	0.85	0.85
26MhlS10st	0.86	0.89	0.82	0.89	0.86	0.90	0.88	0.88	0.87
77AE10st	0.84	0.84	0.86	0.83	0.84	0.88	0.83	0.82	0.86
22Lb10pl	0.87	0.87	0.85	0.86	0.84	0.88	0.84	0.88	0.83
42BS10st	0.85	0.78	0.86	0.85	0.79	0.81	0.79	0.82	0.80
38Y10st	0.79	0.81	0.84	0.83	0.84	0.84	0.80	0.81	0.83

	BelLux10	Bos210kr	Bos310kr	33M10an	26MhlS10	77AE10st	22Lb10pl	42BS10st	38Y10st
BelLux10se	1.00								
Bos210kr	0.89	1.00							
Bos310kr	0.87	0.95	1.00						
33M10an	0.84	0.83	0.85	1.00					
26MhlS10st	0.84	0.88	0.90	0.87	1.00				
77AE10st	0.80	0.82	0.85	0.88	0.90	1.00			
22Lb10pl	0.85	0.85	0.88	0.89	0.91	0.85	1.00		
42BS10st	0.79	0.90	0.86	0.80	0.84	0.78	0.84	1.00	
38Y10st	0.84	0.82	0.81	0.87	0.83	0.83	0.78	0.78	1.00

Ek. 9. Patojenisitede Kullanılan İzolat ve Çeşitlere Ait Varyans Analiz Tablosu

Ek.9.1. İzolatların alınış yerlerine göre yapılan varyans analiz tablosu

VK	SD	KT	KO	F	Prob > F
İzolat	34	15571,746	457,993	40,2747**	<,0001
Hata	103	1171,287	11,372		
Genel	137	16743,033			

P<0.01

Ek. 9.2. Çeşitler arasındaki hastalık şiddetine göre yapılan varyans analiz tablosu

VK	SD	KT	KO	F	Prob > F
İzolat	6	14963,144	2493,86	183,5481	<,0001
Hata	131	1779,889	13,59		
Genel	137	16743,033			

P<0.01

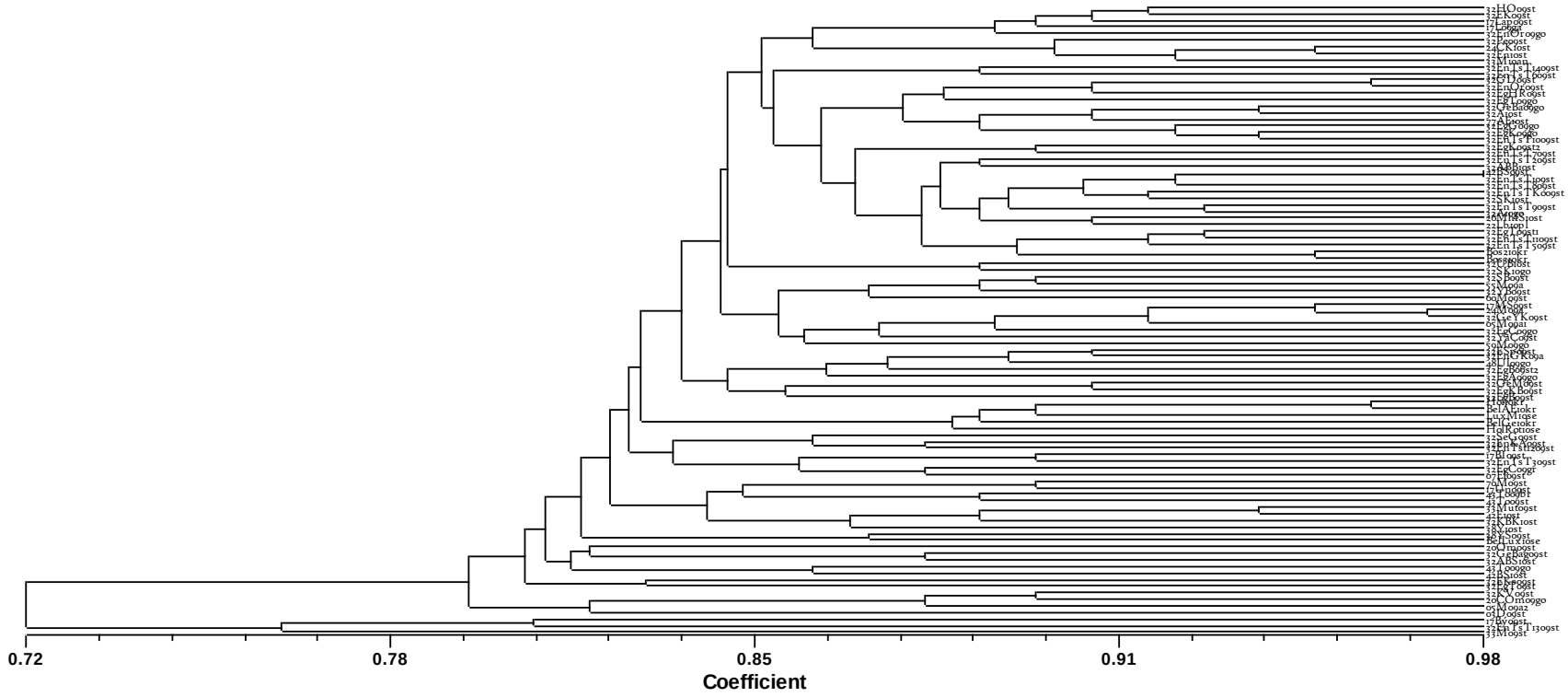
Ek.9.3. İzolat ve çeşitlere ait etki testi

Source	Nparm	DF	Sum of Squares	F Ratio	Prob > F
İzolatın Adı	4	4	223,905	4,9224	0,0011
Çeşidin Adı	6	6	14840,005	217,4988	<,0001
İzolatın Adı*Çeşidin Adı	24	24	391,292	1,4337	0,1101

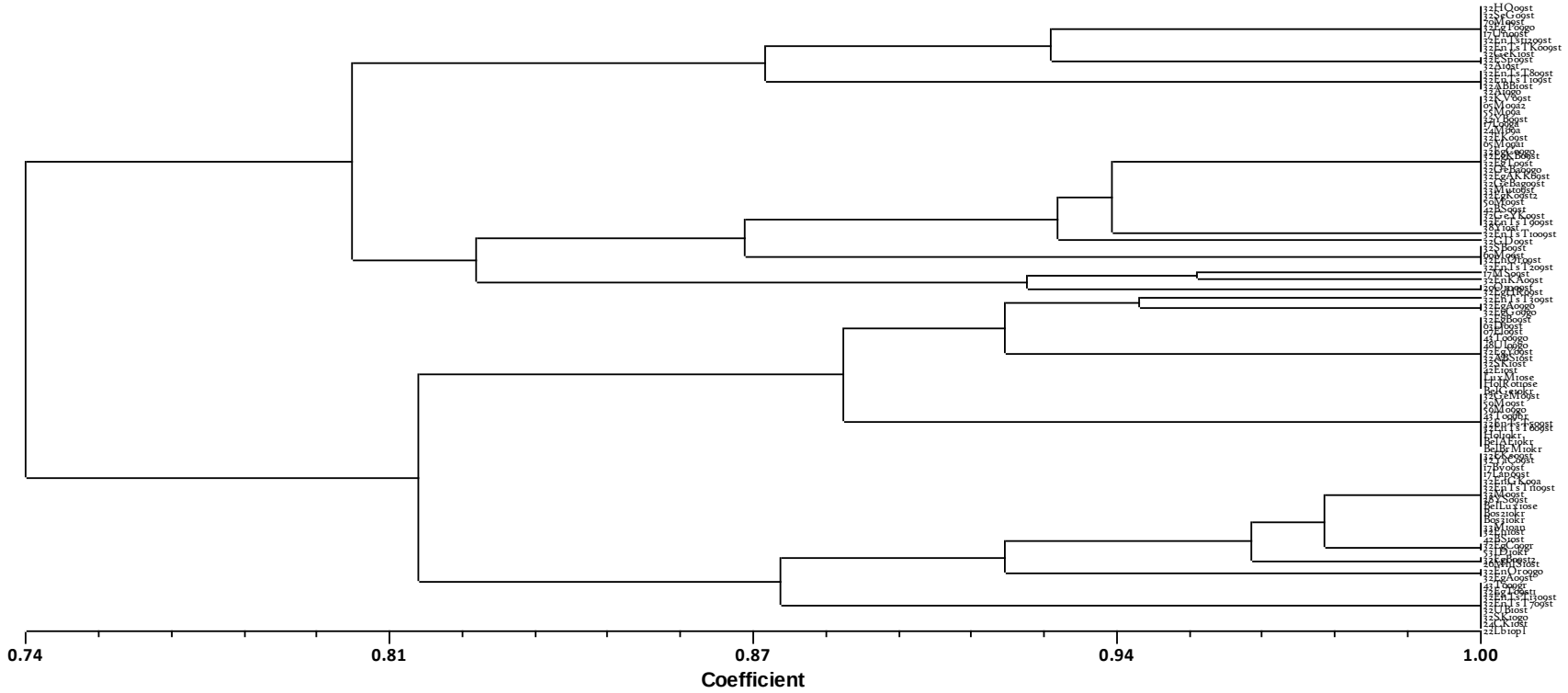
Ek.10. Isparta İçin Tarım İl Müdürlüğü Tarafından Bitkisel Üretim Sezonu Boyunca Erken Uyarı Mücadele Sistemine Göre Verilen Elma Kara Lekesi Uyarı Tarihleri

Sayı	2007	2008	2009	2010	2011
1	29.03.2007	28.03.2008	07.04.2009	26.03.2010	04.04.2011
2	20.04.2007	07.04.2008	16.04.2009	30.03.2010	15.04.2011
3	30.04.2007	28.04.2008	28.04.2009	08.04.2010	22.04.2011
4	11.05.2007	08.05.2008	07.05.2009	21.04.2010	29.04.2011
5	18.05.2007		22.05.2009	28.04.2010	06.05.2011
6				10.05.2010	13.05.2011
7				20.05.2010	23.05.2011
8					30.05.2011
9					06.06.2011

Ek. 11. Tüm *Venturia inaequalis* Örneklerinin SRAP Markırı Kullanılarak UPGMA Metodu ile Elde Edilen ve Genetik Benzerlikleri Gösteren Dendrogram



Ek. 12. Tüm *Venturia inaequalis* Örneklerinin SSR Markırı Kullanılarak UPGMA Metodu ile Elde Edilen ve Genetik Benzerlikleri Gösteren Dendrogram



ÖZGEÇMİŞ

KİŞİSEL BİLGİLER

Adı Soyadı	**:**	Suat KAYMAK
Uyruğu	**:**	T.C.
Doğum Yeri ve Tarihi	**:**	Kütahya 02.04.1975
Telefon	**:**	246 313 24 20-532 775 35 07
Faks	**:**	246 313 24 25
e-mail	**:**	suatkaymak43@hotmail.com

EĞİTİM

Derece		Adı, İlçe, İl	Bitirme Yılı
Lise	:	Laborant meslek lisesi, Ankara	1992
Üniversite	:	S.Ü. Ziraat Fakültesi Bitki Koruma Bölümü, Konya	1999
Yüksek Lisans	:	S.Ü.Fen Bilimleri Enstitüsü Bitki Koruma Ana Bilim Dalı, Konya	2006
Doktora	:	S.Ü.Fen Bilimleri Enstitüsü Bitki Koruma Ana Bilim Dalı, Konya	2012

İŞ DENEYİMLERİ

Yıl	**Kurum**	**Görevi**
1992	Veteriner Araştırma Enstitüsü-Bornova/İzmir	Laborant
1995	Hayvancılık Merkez Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü-Konya	Laborant
2000	Eğirdir Bahçe Kültürleri Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü/Isparta	Mühendis
2006	Meyvecilik Araştırma İstasyonu Müdürlüğü-Eğirdir/Isparta	Yüksek Mühendis

UZMANLIK ALANI

Fitopatoloji, Mikoloji, Molekuler biyoloji

YABANCI DİLLER

İngilizce ÜDS 72/ KPDS 74

YAYINLAR

Akpınar, A.E., Koçal, H., Ergül, A., Kazan, K., Şelli, M.E., Bakır, M., Aslantaş, Ş., **Kaymak, S**., Sarıbaş, R., 2010, SSR-based molecular analysis of economically important Turkish apricot cultivars, *Genetics and Molecular Research* 9 (1): 324-332.

Baştaş, K.K., Altınparmak, S., **Kaymak**, **S.**, Gargın, S., 2009, Bazı böğürtlen ve ahududu çeşitlerinin ateş yanıklığı hastalığına karşı reaksiyonlarının belirlenmesi, Türkiye III. *Bitki Koruma Kongresi Bildirileri*, 15-18 Temmuz 2009, s:204, Van.

Boyraz, N., **S., Kaymak**, K.K., Baştaş, 2006, Elma kara lekesi hastalığı (*Venturia inaequalis* (CKE) Wint.)'a karşı bazı bitki aktivatörlerinin tek başlarına ve fungisid kombinasyonları ile etkileri, *S.Ü. Ziraat Fakültesi Dergisi* 20 (39): 1-6.

Boyraz, N., **S., Kaymak**, F., Yiğit, 2005, Eğirdir ilçesi elma üreticilerinin kimyasal savaşım uygulamalarının genel değerlendirilmesi, *S.Ü. Ziraat Fakültesi Dergisi* 19 (36): 37-51.

Gülşen, O., **Kaymak, S**., Özongun, Ş., Uzun, A., 2010, Genetic analysis of turkish apple germplasm using peroxidase gene-based markers. *Scientia Horticulturae*, Horti-3599 No. s:6

Kaymak, S., Boyraz, N., Baştaş, K.K., 2011, Susceptibility of some peach and nectarinevarieties to leaf curl disease (*Taphrina deformans* (Berk.) Tul.) in field conditions, *The Journal of Turkish Phythopathology*, ISNN 0378-8024, İzmir,s;27-37 (Yüksek Lisans Tezinden Hazırlanmıştır).

Kaymak, S., Boyraz, N., 2007, Şeftali yaprak kıvırcıklığı hastalığı (*Taphrina deformans* (Berk.) Tul.)'na karşı bazı fungisitlerın etkinlikleri, *Türkiye II. Bitki Koruma Kongresi Bildirileri*, 27-29 Ağustos 2007, Isparta S:323 (Yüksek Lisans Tezinden Hazırlanmıştır).

Kaymak, S., Boyraz, N., 2007, Bazı şeftali ve nektarin çeşitlerinin yaprak kıvırcıklığı hastalığı (*Taphrina deformans* (Berk.) Tul.)'na karşı duyarlılıklarının belirlenmesi, *Türkiye II. Bitki Koruma Kongresi Bildirileri*, 27-29 Ağustos 2007, Isparta S:292 (Yüksek Lisans Tezinden Hazırlanmıştır).

Kaymak, S., Boyraz, N., İşci, M., Dolunay, E.M., Özongun, Ş., 2008, MM 106 anaçlı bazı elma çeşitlerinin elma kara lekesi hastalığı (*Venturia inaequalis* (Cke) Wint.)'na karşı dayanıklılık reaksiyonlarının belirlenmesi üzerine araştırmalar, *Selçuk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi* 22(46): 55-61 ISSN:1300-5774.

Kaymak, S., Özgönen, H., Boyraz, N., İşci, M., Öztürk, Y., Şenyurt, H., 2011, Elma kara lekesi hastalığı (*Venturia inaequalis* (Cke) Wint.)a karşı bazı fungisitlerin *In Vitro* ve *In Vivo'*da antifungal etkilerinin belirlenmesi, *Türkiye IV. Bitki Koruma Kongresi Bildirileri*, 28-30 Haziran 2011 s:339, Kahramanmaraş.

Kaymak, S., Pınar, H., Uzun, A., Boyraz, N., 2011, Bazı elma çeşitlerinin külleme hastalığına (*Podosphaera leucotricha*) dayanıklılık genlerinin spesifik SCAR markırlarla taranması, *Türkiye IV. Bitki Koruma Kongresi Bildirileri*, 28-30 Haziran 2011 s:379, Kahramanmaraş.

Kaymak, S., Şahin Çevik, M., Çevik, B., 2009, elma genetik kaynaklarının Vf kara leke (*Venturia inaequalis* (Cke.) Wint.) dayanıklılık genine spesifik moleküler merkörlerle taranması, *Türkiye III. Bitki Koruma Kongresi Bildirileri*, 15-18 Temmuz 2009, s:230, Van.

Kaymak, S., Şahin-Çevik, M., Çevik, B., Boyraz, N., 2011, Bazı elma çeşitlerinin elma kara lekesi hastalığına (*Venturia inaequalis* (Cke.) Wint.) dayanıklılık genleri açısından moleküler markırlar yardımıyla taranması, *Türkiye IV. Bitki Koruma Kongresi Bildirileri,* 28-30 Haziran 2011, s:89, Kahramanmaraş.

Kaymak, S., İşci, M., Karakuş, A., Özgönen, H., 2009, MM 106 anaçlı elma genetik kaynaklarının elma kara lekesi hastalığı (*Venturia inaequalis* (Cke.) Wint.)'na karşı dayanıklılık reaksiyonlarının belirlenmesi, *Türkiye III. Bitki Koruma Kongresi Bildirileri*, 15-18 Temmuz 2009, s: 160, Van.

Kaymak, S., İşci, M., Pektaş, M., Öztürk, Y., Şenyurt, H., 2009, QA (Quince A) ve çöğür anaçlarına aşılı bazı armut çeşitlerinde memeli pas hastalığı (*Gymnosporangium fuscum* D.C.)na karşı reaksiyonlarının belirlenmesi, *Türkiye III. Bitki Koruma Kongresi Bildirileri*, 15-18 Temmuz 2009, s:229, Van.

Ozgonen, H., **Kaymak, S**., and Erkilic, A., 2007. An early warning system of apple scab in turkey, *European Journal of Plant Science and Biotechnology*, 1,2,180-186.

Yesilcollou, S., Minoia, S., Torchetti, E.M., **Kaymak, S**., Gumus, M., Myrta, A., Navarro, B., Di Serio, F., 2010. Molecular characterization of turkish ısolates of pear blister canker viroid and assessment of the sequence variability of this viroid, *Journal of Plant Pathology*, 92 (3), 813-819.