



**T.C.
AKSARAY ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

GIDA MÜHENDİSLİĞİ ANABİLİM DALI

**FARKLI İLLERDEN TOPLANAN EKŞİ HAMUR
ÖRNEKLERİNDEN *Saccharomyces cerevisiae* SUŞLARININ
İZOLASYONU, MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU VE
POPÜLASYON ANALİZLERİ**

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Nilgün KOÇAK

DANIŞMAN

Prof. Dr. Mustafa ARDIÇ

AKSARAY, 2024

Aksaray Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü'nün 212324408 numaralı Yüksek Lisans öğrencisi Nilgün KOÇAK tarafından hazırlanan **FARKLI İLLERDEN TOPLANAN EKŞİ HAMUR ÖRNEKLERİNDEN *Saccharomyces cerevisiae* SUŞLARININ İZOLASYONU, MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU VE POPÜLASYON ANALİZLERİ** adlı tez çalışması aşağıdaki jüri tarafından OY BİRLİĞİ ile Gıda Mühendisliği Anabilim Dalında YÜKSEK LİSANS TEZİ olarak kabul edilmiştir.

Danışman: Prof. Dr. Mustafa ARDIÇ

Aksaray Üniversitesi

Bu tezin, kapsam ve kalite olarak Yüksek Lisans Tezi olduğunu onaylıyorum/onaylamıyorum.....

Üye: Prof. Dr. İbrahim ÇAKIR

Bolu Abant İzzet Baysal Üniversitesi

Bu tezin, kapsam ve kalite olarak Yüksek Lisans Tezi olduğunu onaylıyorum/onaylamıyorum.....

Üye: Dr. Fatma Şahmurat

Aksaray Üniversitesi

Bu tezin, kapsam ve kalite olarak Yüksek Lisans Tezi olduğunu onaylıyorum/onaylamıyorum.....

Tez Savunma Tarihi: 09/05/2024

Jüri tarafından kabul edilen bu tezin Yüksek Lisans Tezi olması için gerekli şartları yerine getirdiğini onaylıyorum.

.....

Prof. Dr. Mehmet Ali HINIS

Fen Bilimleri Enstitüsü Müdürü

DOĞRULUK BEYANI

Yüksek lisans tezi olarak sunduğum bu çalışmayı, akademik kurallara ve bilimsel etik, ahlak ve geleneklere aykırı düşecek bir yol ve yardıma başvurmaksızın yazdığımı, yararlandığım eserlerin kaynakçada gösterilenlerden oluştuğunu, çalışmamda kullandığım verilerin orijinallliğini ve her türlü intihalden uzak olduğunu beyan ederim.

Enstitü tarafından belli bir zamana bağlı olmaksızın, tezimle ilgili yaptığım bu beyana aykırı bir durumun saptanması durumunda, ortaya çıkacak tüm ahlaki ve hukuki sonuçlara katlanacağımı bildiririm.

Nilgün KOÇAK

TEŞEKKÜR

Yüksek lisans çalışmalarım süresince bilgi ve deneyimleriyle desteğini esirgemeyen çok değerli danışman hocam Sayın Prof. Dr. Mustafa ARDIÇ'a teşekkürlerimi bir borç bilirim. Tez çalışmamın hazırlanması ve analizi sürecinde yardımlarıyla bana her zaman destek olan Arş. Gör. Dr. Furkan AYDIN'a ayrıca çok teşekkür ederim. Ayrıca yüksek lisansa başlamamda emeği geçen ve eğitim süresince değerli bilgileriyle beni her zaman motive eden Sayın Dr. Öğr. Üyesi Deniz KOÇAN'a teşekkür ederim.

Çalışmanın moleküler analiz kısımlarında laboratuvar desteği aldığımız Bolu Abant İzzet Baysal Üniversitesine ve Prof. Dr. Göksel ÖZER'e teşekkür ederim.

Eğitim hayatım boyunca her zaman yanımda olan ve beni destekleyen saygıdeğer eşim Gökhan KOÇAK'a ve sevgili kızlarım Zeynep KOÇAK ve Defne KOÇAK'a sonsuz saygılarımı sunarım.

Eğitim hayatım süresince bana manevi destek olan aileme, ekşi hamur mayalarını bulma sürecinde yardım eden değerli arkadaşlarıma, yüksek lisansa devam etmemde katkısı olan ve beni her zaman motive eden değerli arkadaşım Yüksek Mühendis Emel KARAMAN'a teşekkürlerimi sunarım.

Nilgün KOÇAK

AKSARAY, 2024

İÇİNDEKİLER

TEŞEKKÜR	i
İÇİNDEKİLER	ii
ÖZET.....	iii
ABSTRACT	iv
ŞEKİLLER DİZİNİ	v
ÇİZELGELER DİZİNİ	vi
SİMGELER VE KISALTMALAR	vii
1. GİRİŞ	1
2. GENEL BİLGİLER	4
2.1. Ekmek ve Ekşi Hamur Tarihçesi	4
2.2. Ekşi Hamur Teknolojisi	5
2.3. Moleküler Markör Yöntemleri	7
2.3.1. Restriksiyon Fragment Uzunluk Polimorfizmi Polimeraz Zincir Reaksiyonu (RFLP)	9
2.3.2. Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA (RAPD)	9
2.3.3. Basit Dizi Tekrarları (SSR)	9
2.3.4. Basit Dizi Tekrarları Arası (ISSR)	9
2.3.5. Primerler Arası Bağlanma Bölgesi (İPBS)	10
2.3.6. Başlatıcı Kodon Hedefli Polimorfizm Tekniği (SCoT)	10
2.4. Ekşi Hamurda Mayalar İle İlgili Yapılan Diğer Çalışmalar	10
3. MATERYAL VE YÖNTEM	13
3.1. Ekşi hamur temini	13
3.2. LAB ve mayaların sayımı	13
3.3. Mayaların izolasyonu	14
3.4. DNA izolasyonu	14
3.5. <i>Saccharomyces cerevisiae</i> suşlarının tanımlanması/doğrulanması	15
3.6. Moleküler markör analizleri	15
3.7. İstatistiksel analizler	17
4. ARAŞTIRMA BULGULARI VE TARTIŞMA	19
4.1. Mikrobiyolojik Sayım Sonuçları	19
4.2. Farklı popülasyonlara ilişkin genetik varyasyon verileri	22
4.3. Popülasyonların Nei'ye göre genetik benzerlik matrisi	23
4.4. Popülasyonların AMOVA sonucu	23
4.5. UPGMA dendrogramı ve STRUCTURE analizi ve PCoA dendrogramı ile izolatların değerlendirilmesi	24
5. SONUÇ VE ÖNERİLER	27
KAYNAKLAR	29
ÖZGEÇMİŞ	37

YÜKSEK LİSANS TEZİ
FARKLI İLLERDEN TOPLANAN EKŞİ HAMUR ÖRNEKLERİNDEN
***Saccharomyces cerevisiae* SUŞLARININ İZOLASYONU, MOLEKÜLER**
KARAKTERİZASYONU VE POPÜLASYON ANALİZLERİ

Nilgün KOÇAK

Aksaray Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Gıda Mühendisliği Anabilim Dalı

Danışman: Prof. Dr. Mustafa ARDIÇ

ÖZET

Bu tez çalışması kapsamında, 3 farklı ilden (Aksaray, Niğde ve Konya) toplanan 18 adet geleneksel ekşi hamur örneğinden *Saccharomyces cerevisiae* suşlarının izolasyonu, farklı DNA markörleri ile genotipik karakterizasyonu ve popülasyon analizlerinin gerçekleştirilmesi amaçlanmıştır.

İzole edilen 72 adet endojen mayanın 58 tanesi *S. cerevisiae* olarak tanımlanmıştır. Tür içi genetik varyasyonun belirlenmesinde SCoT 13 primeri, iPBS ve ISSR primerlerine göre daha faydalı sonuçlar vermiştir. Popülasyonlar arasındaki mesafe arttıkça genetik uzaklık dereceleri de artış göstermiştir ($R=0.74$). Popülasyonlar arası (%16) ve popülasyonlar içindeki (%84) genetik varyasyon dereceleri istatistiki olarak önemli bulunmuştur ($P < 0.001$). UPGMA dendrogramı üzerinde suşlar birçok alt gruba ayrılmış olup STRUCTURE analizine göre anlamlı alt grup sayısı iki çıkmıştır ($\Delta K=2$). UPGMA ve PCoA'ya göre kümelenme suşların izole edildiği bölgelere göre gerçekleşmemiş olup rastgele dağılım gözlemlenmiştir.

Anahtar Kelimeler: Ekşi Hamur, Mayalar, Moleküler Karakterizasyon, DNA Markörleri, ISSR, iPBS, SCoT.

Mayıs, 2024; 37 sayfa

M.Sc. THESIS

**ISOLATION, MOLECULAR CHARACTERIZATION AND POPULATION
ANALYSIS OF *Saccharomyces cerevisiae* STRAINS FROM SOURDOUGH
SAMPLES COLLECTED FROM DIFFERENT PROVINCE**

Nilgün KOÇAK

**Aksaray University
Graduate School of Natural and Applied Sciences
Department of Food Engineering**

Supervisor: Prof. Dr. Mustafa ARDIÇ

ABSTRACT

In this thesis study, it was aimed to isolate *Saccharomyces cerevisiae* strains from 18 traditional sourdough samples collected from 3 different provinces (Aksaray, Niğde and Konya), and to conduct the genotypic characterization and population analysis using different DNA markers. In total, 58 of the 72 endogenous yeasts were identified as *S. cerevisiae*. In determining intraspecific genetic variation, SCoT 13 primer gave more useful results than iPBS and ISSR primers. As the distance between populations increased, the degree of genetic distance also increased ($R = 0.74$). The degree of genetic variation between populations (16%) and within populations (84%) was found to be statistically significant ($P < 0.001$). Strains were divided into many subgroups on the UPGMA dendrogram, and according to STRUCTURE analysis, the number of significant subgroups was two ($\Delta K = 2$). According to UPGMA and PCoA, clustering did not occur according to the regions where the strains were isolated, and random distribution was observed.

Keywords: Sourdough, Yeasts, Molecular Characterization, DNA Markers, ISSR, iPBS, SCoT.

May, 2024; 37 pages

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 2.1. Ekşi hamur üretimi (Ataman, 2014)	5
Şekil 3.1. Maya kolonilerinin YGC agardaki görüntüsü.	14
Şekil 3.2. Farklı <i>S. cerevisiae</i> suşlarının İPBS-2078 primeri ile elde edilen bant desenleri.....	17
Şekil 4.1. UPGMA dendrogramı.	25
Şekil 4.2. STRUCTURE analizine göre oluşan gruplar ($\Delta K=2$).	26
Şekil 4.3. İzolatların PCoA dendrogramı.....	26



ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 2.1. Moleküler Markör Yöntemlerinin Özellikleri	8
Çizelge 3.1. Kullanılan primerlere ilişkin bilgiler	16
Çizelge 4.1. Ekşi hamur numunelerine ilişkin mikrobiyolojik sayım sonuçları.....	19
Çizelge 4.2. Ekşi hamurdan izole edilen mayaların tanımlama sonuçları.	20
Çizelge 4.3. Farklı popülasyonlara ilişkin genetik varyasyon verileri.	22
Çizelge 4.4. Popülasyonların Nei'ye göre genetik benzerlik matrisi.....	23
Çizelge 4.5. Popülasyonların AMOVA sonucu.....	23



SİMGELER VE KISALTMALAR

AMOVA	Moleküler Varyans Analizi
bp	Baz Çifti
DNA	Deoksiribo Nükleik Asit
EDTA	Etilendiamintetraasetik Asit
FST	F Statistics
g	Gram
iPBS	Inter-Primer Binding Sites
ISSR	Inter Simple Sequence Repeats
ITS	Internal Transcribed Spacer
KOB	Koloni Oluşturan Birim
LAB	Laktik Asit Bakterileri
NCBI	National Center for Biotechnology Information
PIC	Polimorfizm Bilgi İndeksi
PZR	Polimeraz Zincir Reaksiyonu
RAPD	Random Amplification of Polymorphic DNA
rDNA	Ribozomal Deoksiribo Nükleik Asit
RFLP	Restriction Fragment Length Polymorphism
RNA	Ribonükleik Asit
RP	Ayrırma Gücü
rRNA	Ribozomal Ribonükleik Asit
SCoT	Start Codon Targeted
SDB	Sabouraud Dextrose Broth
SSR	Simple Sequence Repeats
tRNA	Taşıyıcı RNA
UPGMA	Ağırlıklı Olmayan Aritmetik Ortalama Eş Grup Metodu
UV	Ultraviyole
YGC	Yeast Extract Glucose Chloramphenicol
%	Yüzde
NaCl	Tuz
°C	Santigrat Derece
ppm	Milyonda Bir

1. GİRİŞ

Ekşi hamur, un ve su karışımının spontan bir şekilde ortamda bulunan mikroorganizmalar tarafından fermentasyonu sonucunda oluşur. Fermentasyonu sağlayan mikroorganizmalar laktik asit bakterileri (LAB) ile mayalardır. Bu mikroorganizmalar havadan, sudan ve undan gelmektedir (De Vuyst ve Neysens, 2005). Ekşi hamurda bulunan mikroorganizmaların üç temel görevi vardır. Bunlar; ortamın asitliğini artırmak (LAB), aroma oluşumu (mayalar ve LAB) ve hamurun kabarması (mayalar ve LAB) olarak bildirilmiştir (De Vuyst vd., 2016). Mayalar temel olarak CO₂ üreterek hamurun kabarmasından sorumludurlar. Ayrıca aldehit ve asetonlar gibi birçok aroma maddeleri de üreterek ekmeğin tat ve aromasına katkıda bulunurlar (Birch vd., 2013). Ekmekte meydana gelen bir takım yapısal problemler de sentezlenen glutatyon, gliserol ve pirüvik asit gibi bileşenler ile gluten ağını geliştirmek sureti ile iyileşmektedir (Lampignano vd., 2013).

Tip I ekşi hamur olarak da nitelendirilen geleneksel ekşi hamurdan en çok izole edilen maya türünün *Saccharomyces cerevisiae* olduğu birçok araştırmacı tarafından bildirilmiştir (Gül vd., 2005; Arıcı vd., 2018; Perricone vd., 2014; Yang vd., 2020). *S. cerevisiae* suşlarından beklenen en önemli teknolojik özellik ekmeği hızlı bir şekilde kabartmasıdır. Bunun da mikroorganizmaların genetik farklılaşmalarından ileri geldiği bildirilmiştir (Huys vd., 2012). *S. cerevisiae* suşları arasındaki genetik farklılıkların belirlenmesinin farklı teknolojik özelliklere sahip suşların tespitinde kilit bir rol oynayacağı rapor edilmiştir (Aydın vd., 2023). Bu bağlamda farklı DNA markör yöntemleri DNA parmak izi üretmek suretiyle mayaların genetik yapısını incelemede birçok araştırmacı tarafından kullanılagelmiştir. Bu yöntemler arasında Restriction Fragment Length Polymorphism (RFLP; Esteve-Zarzoso vd., 1999), Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD; Yang vd., 2020), Simple Sequence Repeats (SSR; Börlin vd., 2020), Inter Simple Sequence Repeats (ISSR; Liu vd., 2021), Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP; Gallego vd., 2005), Inter-Primer Binding Site (iPBS; Aydın vd., 2020) ve Start Codon Targeted (SCoT; Aydın vd., 2022a) yer almaktadır.

Her bir markör tekniğinin çeşitli avantaj ve dezavantajları bulunmakla birlikte uygun yöntemin seçimi çoğunlukla çalışılacak mikroorganizma türüne ve laboratuvar alt yapısına bağlı olarak değişkenlik göstermektedir. Doğru yöntemin seçimi genetik

olarak farklı uzaklığa sahip suşların belirlenmesinde önem arz etmektedir (Yeken vd., 2022). Günümüzde birçok mikroorganizmada sıklıkla kullanılan RFLP yönteminin tür içi genetik varyasyonu belirlemede yetersiz düzeyde olması ve bazı maya türlerini birbirinden ayırmadaki yetersizliği, RAPD yönteminin ise düşük bağlanma sıcaklığı ve kısa primer boyundan dolayı tekrar edilebilirliğinin düşük olması her iki yöntemin de kullanımını kısıtlayan en büyük unsurlardır (Esteve-Zarzoso vd., 1999; Pathania vd., 2010).

ISSR markörleri tekrarlayan oligonükleotid motifleri arasında kalan bölgeyi hedef almaktadır. Bu teknik; RFLP, RAPD gibi tekniklerle kıyaslandığında, uygulaması kolay ve ekonomik olması ile yüksek polimorfizm göstermesinden dolayı farklı maya türlerinin türler arası ve tür içi genetik varyasyonunu belirlemek suretiyle kullanılmıştır (Gallardo vd., 2014; Liu vd., 2021). Genomun bir yerinden diğer yerine kopyala yapıştır modeli ile çalışan ve genom boyunun uzamasına yol açan retrotranspozonlar genetik varyasyonun oluşmasında kritik bir öneme sahiptir (Feschotte ve Pritham, 2007). Retrotranspozon temelli olan universal iPBS markörleri de genetik varyasyonun belirlenmesinde oldukça faydalı bir araç olarak nitelendirilmektedir (Kalendar vd., 2010). Son yıllarda mayaların türler arası ve tür içi genetik varyasyonun belirlenmesinde oldukça faydalı bilgiler sağladığı da bildirilmiştir (Aydın vd., 2020; Aydın vd., 2022b). Son olarak, SCoT markörleri DNA başlangıç kodununun (ATG) etrafındaki bölgeyi hedef almaktadır. Bu yöntem ilk olarak Collard ve Mackill (2009) tarafından bitki genomu baz alınarak tasarlanmış olmasına karşın aralarında maya ve küf türlerinin de bulunduğu birçok mikroorganizma için kullanılmıştır (Aydın vd., 2022a; Nath vd., 2013). Mevcut SCoT markörleri maya genomu baz alınarak tasarlanmadığından dolayı spesifik bağlantılar gerçekleşmemektedir. Ancak yüksek bağlanma sıcaklıkları ile uzun primer boyu sayesinde tekrar edilebilirliği çok yüksektir (Tikendra vd., 2021).

Mevcut literatür bilgileri incelendiğinde DNA markörlerinin farklı popülasyonlardaki genetik varyasyonu belirlemede faydalı sonuçlar verebileceği görülmektedir (Börlin vd., 2020; Drumonde-Neves vd., 2018). İç Anadolu bölgesindeki farklı illerden toplanan ekşi hamurlardan izole edilen *S. cerevisiae* suşlarının yüksek genetik varyasyon gösterdiği bildirilmekle birlikte (Aydın vd., 2022b) farklı markör sistemlerini genetik varyasyonu belirlemede bir arada kullanımına ilişkin İç Anadolu

popölasyonu ile ilgili bir arařtırmaya rastlanmamıřtır. Mevcut alıřma; Aksaray, Niğde ve Konya illerinden toplanan Tip I ekři hamur örneklelerinden *S. cerevisiae* suřlarının izolasyonunu, ISSR, iPBS ve SCoT markörlerinin bir arada kullanılması sureti ile popölasyon analizlerini gerekleřtirmeyi ve teknolojik özelliklerin belirlenmesi öncesinde farklı genetik uzaklıęa sahip suřlarının belirlenmesinde bu markör sistemlerinin bir araç olarak kullanılmasını amaçlamıřtır.



2. GENEL BİLGİLER

2.1. Ekmek ve Ekşi Hamur Tarihçesi

Ekmek, insanlık tarihiyle bağlantılı olan temel gıda maddesidir. İnsanoğlu tarih öncesi dönemde un ve su karışımını pişirerek ekmeği elde etmiş ve ekmeğin günümüze uzanan yolculuğu başlamıştır. Ekmeğin tarihsel süreci boyunca medeniyetlerin şekillenmesinde önemli bir rol oynadığı bilinmektedir (Belge, 2016).

Ekmeğin tarihi yolculuğu incelendiğinde M.Ö. 5900-5700 yıllarına uzandığı ve bu dönemlere ait taş ve toprak fırınların varlığından söz edilmektedir. M.Ö. 4300'lü yıllara gelindiğinde ise fırıncılık ve değirmencilik insanların uğraş alanı olarak ortaya çıkmaktadır (Kocaadam ve Tek, 2016). Ekmek mayasının keşfinin; M.Ö. 1800 yıllarında bir parça hamuru pişirmeyi unutan kadın tarafından ortaya çıktığı söylenmektedir. Ekmek mayası günümüzde de hala kırsal kesimlerde ekmek yapımında kullanılmaktadır (Kalkışım vd., 2012).

19. yüzyıla gelindiğinde ekmek üretim prosesinin oldukça uzun sürdüğü raporlanmıştır. Gluten ağının oluşabilmesi için un ve suyun yavaşça karıştırılması ile başlanmış ve fermantasyon süresi ise oldukça uzun tutulmuştur. Yapılan bu uygulamalar sayesinde ekmeğe istenilen bir aroma kazandırılmıştır (Decock ve Cappelle, 2005).

Ekmeğe sağladığı uzun raf ömrü, aromatik bileşenler sayesinde ekmeği daha faydalı hale getiren ekşi maya, Dünyada ve Türkiye'de geleneksel olarak ekmek üretiminde, bunun yanı sıra çeşitli özel keklerin ve diğer tahıl bazlı gıdaların üretiminde yaygın olarak kullanılmaktadır. İtalya'da tahıl bazlı gıdaların %30'dan fazlası ekşi hamur fermantasyonu ile üretilmektedir (De Vuyst ve Neysens, 2005). Ekşi hamur fermantasyonu ile tahıl bazlı ürünlerin üretiminde ekşi mayadan faydalanan diğer ülkeler arasında; Belçika, Norveç, Danimarka ve İsveç gibi ülkeler yer almaktadır. Ekşi hamurun ABD, İtalya, Almanya gibi ülkelerde yerel pazarlarda ekmek üretmek amacıyla kullanıldığı ve bunun yanı sıra kurutulmuş ekşi hamur starterlerinin satıldığı bildirilmektedir (Siepmann vd., 2018).

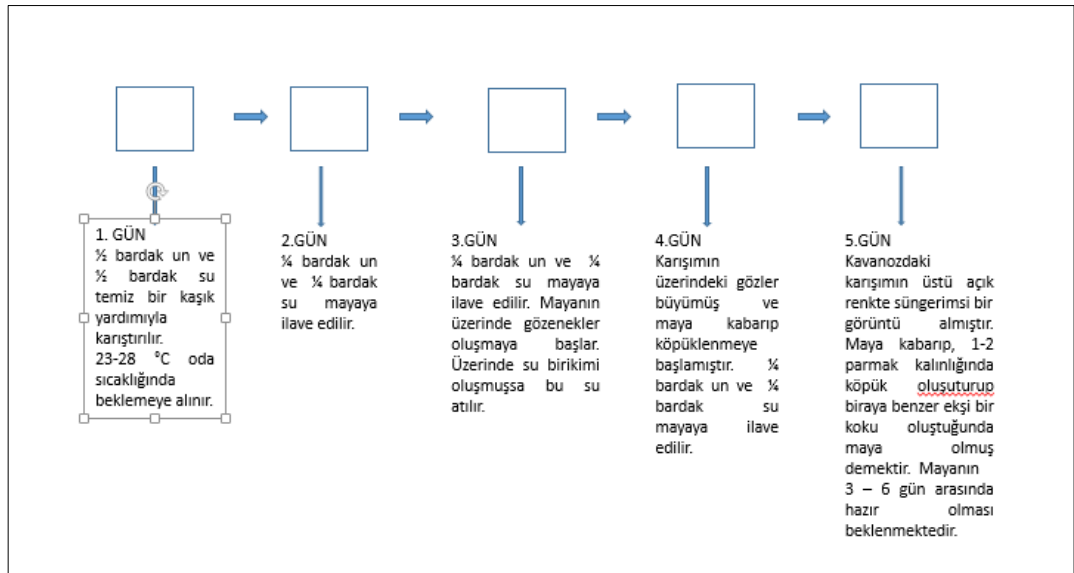
Ülkemizde ekşi mayanın kullanımına bakıldığında; Trabzon Vakfıkebir ekmeği, Afyon ekmeği, Çeşme-Germiyan ekmeği örnek olarak gösterilebilir (Anonim 2020a; Anonim 2020b; Anonim 2020c).

Günümüzde ekmek tüketimine olan artan talep, fermantasyonun uzun sürmesi ve standart ürün elde edilememesinden dolayı, ekşi mayalı ekmekler yerini ticari maya ile üretilen ekmeklere bırakmıştır. Fakat bilinçli tüketicilerin daha doğal, koruyucu içermeyen ekmek tüketme isteği ekşi mayalı ekmeğe olan ilgiyi tekrar artırmıştır (Plessas vd., 2011).

2.2. Ekşi Hamur Teknolojisi

Ekşi hamur, çok eski çağlardan beri hamurun mayalanması amacıyla kullanılmış olup un ve su karışımının heterojen LAB ve mayalar tarafından fermantasyonu ile oluşmaktadır (Hansen ve Schieberle, 2005). Ekşi hamur devamlı olarak ana hamurdan besleme yapılmak suretiyle veya starter kültür ilavesiyle üretilmektedir (De Vuyst ve Neysens, 2005).

Ekşi hamur, düşük pH'ya (pH=4) sahiptir (Güre, 2009). Ekşi hamur üretim yöntemi Şekil 2.1'de sunulmuştur.



Şekil 2.1. Ekşi hamur üretimi (Ataman, 2014).

Ekşi maya buzdolabında muhafaza edildiği sürece haftada en az bir kez beslenmesi gerekmektedir. Bir haftanın sonunda buzdolabında bulunan mayanın üzerinde su birikimi gözlemlenir. Bu durumda mayayı 1-2 kez karıştırıp sonrasında beslemeye geçilir. Besleme için mayaya ½ bardak un ile birlikte ½ bardak kapalı su ilave edilerek karıştırılır. Mayanın yüzeyinde köpüklenme başlayacaktır. Ekşimiş olan maya tekrar +4°C'ye alınır ve orada muhafaza edilir (Ataman, 2014).

Ekşi hamur, ekmek üretiminde gösterilen yönetsel farklılıklara göre Tip I, Tip II ve Tip III olarak 3 gruba ayrılmaktadır. Tip I ekşi hamur, hamurun önceden fermentasyonu ile üretilen bir çeşittir (Gaggiano vd., 2007). Tip II ekşi hamurlar yarı akışkan özelliğe sahiptir ve bu hamur çeşidi kontrollü olarak un, malt ve fungal amilazlar katılmak suretiyle laktik asit bakterileri fermente ettirilmektedir. Tip III ekşi hamur ise ekşitilen hamurun kurutulması ile hazırlanmakta olup bu tip ekşi hamurlar ekmeğin yapımında asitliği ve aromayı artırmaktadır (Decock ve Cappelle, 2005).

Ekşi hamur üretiminde kullanılan unun yapısında, karışımında gelişecek olan çeşitli laktik asit bakterileri bulunmaktadır (Kelly vd., 2014). Ekşi maya yapımında yararlanılan laktik asit bakterileri; *Lactobacillus acidophilus*, *L. delbrueckii*, *L. farciminis*, *L. mindensis*, *L. amylovorus*, *L. johnsonii*, *L. Sanfranciscensis*, *L. brevis*, *L. fermentum*, *L. pontis*, *L. reuteri*, *L. fructivorans*, *L. panis*, *L. buchneri*, *L. plantarum* ve *Pediococcus pentosaceus* şeklindedir (Behera ve Ray, 2015). Laktik asit bakterileri hamura lezzet verirken aynı zamanda hamurun bozulmasını da geciktirmektedir (D'Alessandro ve De Pergola, 2014; Kelly vd., 2014; Behera ve Ray, 2015).

Ekşi mayalı ekmek üretim sürecinde mayanın görevi ise gaz (CO₂) üretmek suretiyle hamurun kabarmasını sağlamaktır. Ekmekçilik teknolojisinde *S. cerevisiae* çok eski zamanlardan beri gıda ve alkollü içecek fermentasyonunda kullanılmaktadır (Gelinas, 2009). Mayaların önemli görevlerinden bir diğeri ise; gluten ağının gelişmesini sağlamak ve bu ağın güçlenmesini desteklemeleridir (Meuser ve Valentin, 2004). Ekşi hamurdan izole edilen maya türleri arasında genellikle *S. cerevisiae* ilk sırada olmakla birlikte, *Candida humilis*, *Torulaspora delbrueckii*, *Wickerhamomyces anomalus*, *Kazachstania exigua* ve *Pichia kudriavzevii* gibi mayaların da izole edildiği rapor edilmektedir (De Vuyst vd., 2016).

Thiele vd. (2004) tarafından belirtildiği üzere, ekşi maya fermentasyonunun bozulma yapan mikroorganizmaları inhibe ederek ekmeğin raf ömrünü uzattığı, ekmeğin hacmini ve lezzetini arttırıp bayatlamasını geciktirerek ekmek kalitesine yardımcı olmaktadır. Yine yapılan başka bir çalışmada, ekşi maya uygulamasının, yüksek kaliteli ekmek üretimi için önemli olduğu, ekşi maya kullanımının ekmeği daha dayanıklı yaptığı, ekmeğin lezzetini iyileştirirken, ekmeğin duyuşal özelliklerini, besin değeri ve sağlık yararlarını artırdığı şeklinde önemli avantajları olduğu açıklanmıştır. (Plessas, 2021).

2.3. Moleküler Markör Yöntemleri

Moleküler markörler, mayalardaki genetik çeşitliliği değerlendirmek için birçok araştırmacı tarafından yaygın olarak kullanılmaktadır. Mayaların tanımlanmasında kullanılan yöntemler arasında ITS1 ve ITS4 ile NL1 ve NL4 gibi universal primerler bulunmaktadır. Fakat mayaların tanımlanmasında kullanılan universal primerler bazı türleri birbirinden ayırmada istenilen sonucu vermemektedir (Kurtzman ve Robnett, 1998). Ünliversal primerlerin yetersiz kaldığı bu durumda markörlere ihtiyaç duyulmaktadır. Uzama faktörleri bunlardan biridir. Uzama faktörleri protein sentezi sırasında aminoasil-tRNA'nın ribozoma getirilmesinde ve translokasyonunda rol oynadığı bildirilmiştir (Sasikumar vd., 2012). Mayaların universal primerler ile birbirinden tür düzeyinde ayıramadığı durumlarda uzama faktörleri olumlu sonuçlar vermiştir (Kurtzman ve Robnett, 2003). Ekşi hamurdan izole edilen mayaların tanımlanmasında çoğunlukla ITS bölgeleri ile 26S rDNA'nın D1/D2 bölgesi dizilenmekte olduğu belirtilmiştir (Perricone vd., 2014; Arıcı vd., 2018; Karaman vd., 2018).

Farklı maya suşlarının teknolojik özellikleri belirlenmeden önce uygun bir DNA markör yöntemi ile suşların genotipik olarak karakterize edilmesinin avantajı suşlar arasındaki genetik farklılıkların ortaya çıkmasını sağlamak, aynı zamanda zamandan ve çalışmada kullanılacak bütçeden tasarruf sağlamaktır (Liu vd., 2021). Ekşi hamur örneğinden elde edilen mayaların tümünün teknolojik özelliklerinin belirlenmesi mümkün olmakla birlikte yüksek iş gücü gerektirmektedir ve oldukça maliyetli olmaktadır. DNA markörleri kullanılarak elde edilen dendrogramları kullanarak farklı genetik uzaklıklara sahip kollarından seçilecek suşların farklı fenotipik özelliklere de sahip olabileceği yapılan çalışmalarla bilinmektedir (Yang vd., 2020).

Çalışmalarda bu dendogramlardan faydalanılarak farklı genetik uzaklığa sahip suşlar arasındaki teknolojik farklılıklar istatistiki olarak değerlendirilebilmektedir. Bunun yanı sıra farklı coğrafyalara ilişkin mayaların genetik farklılıklarını tespit etmek üzere popülasyon analizlerinden faydalanılmaktadır. Bu sayede, ekolojik farklılıkların aynı türe ait farklı suşlar üzerindeki etkisi belirlenmiş olacaktır (Schuller ve Casal, 2007).

Yapılan çalışmalarda mayaların tanımlanması ve genotipik karakterizasyonu amacıyla kullanılan moleküler markör yöntemleri arasında Restriction Fragment Length Polymorphism (RFLP) (Botstein vd., 1980), Randomly Amplified Polymorphic DNA (RAPD) (Williams vd., 1990), Simple Sequence Repeat (SSR) (Zietkiewicz vd., 1994) ve Inter Simple Sequence Repeat (ISSR) (Zietkiewicz vd., 1994) gibi yöntemler bulunmaktadır. Hangi markörün kullanılacağı çalışılan mikroorganizmaya, çalışmanın amacına, mevcut bütçeye laboratuvarın imkanlarına göre değişkenlik göstermektedir. Kullanılacak olan her bir yöntemin kendine özgü avantaj ve dezavantajları vardır. Moleküler markör yöntemlerinin ön plana çıkan özellikleri, farklılıkları ve benzerlikleri Çizelge 2.1’de belirtilmiştir.

Çizelge 2.1. Moleküler Markör Yöntemlerinin Özellikleri.

Yöntem Özellikleri	RFLP	RAPD	SSR	ISSR	iPBS	SCoT
Karakter	Ko-dominant	Dominant	Ko-dominant	Dominant	Dominant	Dominant
Tekrar edilebilirlik	Yüksek	Düşük	Yüksek	Yüksek	Yüksek	Yüksek
Polimorfizm düzeyi	Düşük	Çok yüksek	Yüksek	Yüksek	Yüksek	Çok yüksek
Gerekli DNA kalitesi	Yüksek	Yüksek	Düşük	Düşük	Yüksek	Yüksek
Gerekli DNA miktarı	Yüksek	Orta	Düşük	Düşük	Orta	Düşük
Genom yaygınlığı	boyunca Çok yüksek	Çok yüksek	Orta	Orta	Orta	Yüksek
Analiz maliyeti	Düşük	Düşük	Yüksek	Düşük	Düşük	Düşük
Görüntüleme	Agaroz jel	Agaroz jel	Agaroz jel	Agaroz jel	Agaroz jel	Agaroz jel

2.3.1. Restriksiyon Fragment Uzunluk Polimorfizmi Polimeraz Zincir Reaksiyonu (RFLP)

RFLP reaksiyonu genomdaki hedef bölgelerin universal primerler ile çoğaltılması ile başlayıp restriksiyon enzimleri ile kesilip jel elektroforeziyle görüntülenmesi ile sonuçlanmaktadır. RFLP yöntemi rutin tanımlamada kolaylıkla kullanılabilirken, düşük polimorfizm göstermesi nedeniyle dezavantajlı bir yöntemdir (Kıran vd., 2011).

2.3.2. Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA (RAPD)

Belirli bir türe ait nükleotit dizisi bilinmeden PCR ile rastgele bir markör kullanılarak belirli bir türe veya suşa özgü DNA dizilerini amplifiye etmede yararlanılmaktadır (Welsh vd., 1999). Seçilen markörlerin kendine özgü olmayan bölgelere bağlanması devavantajıdır (William vd., 1990). Diğer yöntemlere göre daha hızlı, ucuz ve kısa sürede sonuç vermektedir (Kıran vd., 2011). RAPD yönteminin önemli avantajı ise daha önceden ön sekans bilgisine gerek duyulmamasıdır. Çalışma öncesinde ön deneme yapılarak kullanılacak olan ve en iyi çalışan markörler seçilir. Araştırmacılar tarafından bildirdiği üzere MV1 ve RF2 gibi RAPD markörlerinin, mayalarda bulunan farklı türlerin ve genetik varyasyonların belirlenmesinde önemli bilgiler sağlamıştır (Yang vd., 2020).

2.3.3. Basit Dizi Tekrarları (SSR)

Basit dizi tekrarları, bir diğer adı ile mikrosatellitler, ko-dominant belirteçlerden biridir ve 2-6 nükleotit uzunluğunda, kısa, tekrarlanan DNA dizilerini ifade etmektedir (Butler vd., 2005). Bu dizilerin tekrarlanma sıklıkları yüksek oranda polimorfizm gösterir ve genom boyunca rastgele dağılma göstermelerinden dolayı gen haritalama çalışmalarında kullanılabilir (Georges vd., 1990).

2.3.4. Basit Dizi Tekrarları Arası (ISSR)

ISSR yönteminde 2'li, 3'lü, 4'lü ve 5'li tekrarlı primerler kullanılmakta ve türe özgü sekans bilgisine ihtiyaç duyulmamaktadır (Chinnappareddy vd., 2012). Bu yöntemde çok az miktarda DNA kullanılması yeterli olmaktadır. Tekrarlanabilirliği yüksektir ve oldukça polimorfiktir (Sabreena vd., 2021).

ISSR belirteci, esas olarak, tek başına veya kombinasyonlar halinde DNA parmak izleri oluşturarak maya türlerini ve suş tiplendirmesini ayırt etmek için kullanılabilmektedir (Liu vd., 2021).

2.3.5. Primerler Arası Bağlanma Bölgesi (İPBS)

Kalendar vd. (2010) tarafından geliştirilen bir yöntem olan IPBS (Inter-Primer Binding Site) moleküler markörleri farklı LTR (long terminal repeat) sekanslarını tanımlamak için kullanılmaktadır. IPBS yöntemi; klon analizlerinde, genetik çeşitlilik analizlerinde ve filogenetik çalışmalarda yararlanılan evrensel bir yöntemdir (Smýkal vd., 2011; Baránek vd., 2012; Gailite ve Rungis, 2012). IPBS, yüksek polimorfizm açığa çıkarma yeteneğine sahiptir ve tür içi ve türler arası çeşitliliği belirleme konusunda oldukça büyük fayda sağlamaktadır (Andeden vd., 2013).

2.3.6. Başlatıcı Kodon Hedefli Polimorfizm Tekniği (SCoT)

Bu yöntem, Collard ve Mackill (2009) tarafından geliştirilen DNA başlangıç kodonunun (ATG) çevresindeki gen bölgesini hedef alan bir yöntemdir. İncelenecek olan tür için spesifik bölgelere komşu bölgeleri çoğaltmak için herhangi bir sekans bilgisine ihtiyaç duyulmaması ve tekrar edilebilir olması bu markör yönteminin avantajları arasında bulunmaktadır. Ayrıca ileri ve geri primer olarak tek bir primerin kullanılması ile RAPD ve ISSR yöntemleriyle benzerlik göstermektedir (Yeken vd., 2022).

2.4. Ekşi Hamurda Mayalar İle İlgili Yapılan Diğer Çalışmalar

Türkiye'nin beş ilinden 8 farklı ekşi maya örneği toplanarak laktik asit bakterileri ve mayalar izole edilmiştir. Moleküler yöntemlerle tanımlanan başlıca laktik asit bakteri türleri ise *Lactobacillus (L.) sanfranciscensis*, *Pediococcus pentosaceus*, *L. plantarum*, *L. namurencis*, *L. rossiae*, *Leuconostoc mesenteroides* ve *L. zymae*'dir. *L. spicheri*, *L. paralimentarius*, *L. mindensis*, *L. farciminis*, *L. asetotolerans*, *L. casei*, *Enterococcus faecium* ve *Enterococcus durans* olmuştur. Mayalar arasında başta *Saccharomyces cerevisiae* olmak üzere, *Pichia guiliermondii* ve *Torulaspora delbrueckii* de ekşi mayalarda tanımlanan baskın maya türleridir (Yağmur vd., 2016).

Türkiye'nin Karadeniz ve Ege bölgelerinden toplanan geleneksel 12 ekşi maya örneğinden mayalar izole edilmiş ve tanımlaması yapılmıştır. Toplamda 26 maya türü izole edilmiş ve 26S rDNA dizilimi hem de FTIR spektroskopisi ile tanımlanmıştır. Tanımlanan türk ekşi maya türleri arasında *Saccharomyces cerevisiae* (%50), *Torulaspora delbrueckii* (%40) ve *Kluyveromyces marxianus* (%10) tespit edilmiştir. Ege Bölgesi'nde en baskın türün *S. cerevisiae* olduğu bildirilirken, Karadeniz Bölgesi'nde ise en sık izole edilen türün *T. delbrueckii* olarak belirlenmiştir (Arıcı vd., 2018).

Türkiye'deki üç farklı fırından iki farklı zamanda toplanan 8 adet ekşi maya örneğinin mikrobiyolojik ve kimyasal özellikleri araştırılmıştır. Ekşi hamurlardaki maya türleri, moleküler yöntemler kullanılmak suretiyle belirlenmiş ve toplam 148 maya izolatu tür düzeyinde *Saccharomyces cerevisiae* (106), *Kazachstania bulderi* (11), *Pichia fermentans* (9), *Pichia membranifaciens* (8), *Kazachstania servazzii* (7), *Kazachstania unispora* (4) ve *Hanseniaspora valbyensis* (3) olarak tanımlanmıştır. Toplanan ekşi hamurlar ekmek mayası kullanılmadan üretilse de *Saccharomyces cerevisiae* en sık izole edilen maya türü olmuştur ve bunun nedeni diğer unlu mamullerin üretimi sırasında fırın ortamının ticari fırıncılık mayasıyla kirlenmesi ile ilişkili olabileceği düşünülmüştür (Boyacı-Gündüz ve Erten., 2020).

Laboratuvar koşullarında spontan olarak hazırlanan siyez ve kavuzsuz arpa ekşi hamurlarından farklı kültür ortamlarından izole edilen LAB ve maya izolatlarının Fourier Dönüşümü Kızılötesi Spektroskopisi (FTIR)'da ön tanımlaması yapılmış, kümeleme analizine tabi tutularak farklı kümelerden seçilen 10 adet suşun ITS bölgesini sekanslama sureti ile tanımlamıştır. Siyez ekşi hamurlarında baskın tür olarak *Lactobacillus crustorum* olarak belirlenirken, yedi farklı *Lactobasillus* türü PCR ile tanımlanmıştır. Kavuzsuz arpa ekşi hamurunda ise *Pediococcus spp.* baskın tür olarak belirlenirken, bununla birlikte 9 farklı *Lactobasillus* türü de tespit edilmiştir. Her iki ekşi hamurda mayalardan *Saccharomyces cerevisiae* ise baskın tür olarak bulunmuştur (Çakır., 2020).

Çin'in farklı bölgelerinden toplanan 13 geleneksel ekşi hamur 150 adet *Saccharomyces cerevisiae* izolatu elde edilmiş ve RAPD-PCR analizi ile 5 gruba ayrılmıştır. RAPD profillerine göre 22 adet *S. cerevisiae* suşu seçilerek hamurların fermantasyon özellikleri ve buharda pişirilen ekmeğin dokusu ve tadı üzerindeki

etkileri deęerlendirilmiřtir. *S. cerevisiae* suřlarının fermentasyon kapasitesi ve buharda piřirilen ekmeęin organoleptik özellikleri üzerindeki etkisi aısından büyük farklılıklar gösterdięi görölmüřtür (Yang vd., 2020).

in'in 9 farklı bölgelerinden toplanan 15 adet ekři hamur numunesinden RAPD-PCR analizi ile 105 maya suřu izole edilmiřtir. in ekři mayalarında daha önce bildirilmeyen *Pichia membranifaciens* dahil olmak üzere altı tür tespit edilmiřtir. Baskın tür olarak *S. cerevisiae* tespit edilirken, bunu *K. humilis*, *P. kudriavzevii*, *S. fibuligera*, *W. anomalus* ve *P. membranifaciens* türlerinin izledięi bildirilmiřtir (Liu vd., 2018).

İtalya'nın Toskana bölgesinde herhangi bir tuz ilavesi yapılmadan ekři maya üreten fırınlardan toplanan numunelerden 200 adet maya izole edilmiřtir. İzole edilen mayalar arasından seçilen 78 adet örneęin suř bazında tanımlaması yapılmak üzere ITS-RFLP yönteminden yararlanılmıřtır. Maya izolatlarını suř seviyesinde ayırt etmek için, en iyi performans gösteren moleküler teknięin ön tanımlaması, RFLP mtDNA, mitokondriyal COX1 gen intron amplifikasyonu, RAPD ve deltalar arası bölgeler amplifikasyonu parmak izi teknikleri kullanılarak beř izolat üzerinden gerçekleştirilmiřtir. 78 maya izolatının intraspesifik çeřitlilięi, en iyi performansı gösteren teknikle sonuçlandıęı için deltalar arası bölgeler analizi ile gerçekleştirilmiřtir. Bu 78 suřun 77'si *S. cerevisiae*, 1'i de *K. humilis* olarak tanımlanmıřtır ve genotipik karakterizasyon sonucu 18 farklı *S. cerevisiae* biyotipi tespit edilmiřtir (Palla vd., 2019).

3. MATERYAL VE YÖNTEM

3.1. Ekşi hamur temini

Toplam 18 adet Tip I ekşi hamur örneği Aksaray ($n=6$), Konya ($n=6$) ve Niğde ($n=6$) illerinden temin edilmiştir. Ekşi hamur örnekleri sırasıyla Aksaray ilinden; Güzelyurt, Topakkaya, Sağlık kasabası, Kutlu köyü, Alanyurt köyü ve Karkın köyü'nden birer örnek yöre halkı ile yapılan görüşmeler neticesinde temin edilmiştir. Konya il merkezinden 3 örnek, Ereğli ilçesinin Bulgurluk, Türkmen ve Kargacı köylerinden birer örnek yapılan ön görüşmelerin ardından yerinden teslim alınarak soğuk zincir altında getirilmiştir. Niğde il merkezinden 2 örnek, Bor ilçe merkezinden 1 örnek, Ulukışla ilçesinin Başmakçı ve Çiftehan köylerinden 1'er örnek, Altınhisar ilçe merkezinden 1 örnek soğuk zincir kırılmadan getirilmiştir. Numuneler soğuk zincir altında Aksaray Üniversitesi Gıda Biyoteknolojisi Laboratuvarına getirilerek ivedi bir şekilde analize alınmıştır.

3.2. LAB ve mayaların sayımı

Toplam 10 g ekşi hamur örneği 90 mL %0.85 oranında NaCl içeren steril fizyolojik tuzlu su içerisinde homojenize edilerek seri dilüsyonlar hazırlanmıştır. Hazırlanan dilüsyonlardan paralelli bir şekilde yayma yöntemi ile ekim yapılmıştır. Mayalar için Chloramphenicol Glucose Agar (CGA; Biokar, Fransa), LAB için de 100 mg/lt oranında sikloheksimid içeren (Sigma, USA), De Man Rogosa Sharpe Agar (MRS Agar; Biokar, Fransa) kullanılmıştır. İnkübasyon koşulları mayalar için aerobik şartlar altında 25°C'de 48-72 saat, LAB için ise anaerobik olarak 28°C'de 48-72 saat olarak gerçekleştirilmiştir. İnkübasyon sonucunda her iki mikroorganizma grubu da sayılarak sonuçlar log KOB/g olarak hesaplanmıştır.

Koloni sayısı hesaplanırken $N = C / [V(n_1 + 0,1 \times n_2) \times d]$ formülü kullanılmıştır. Hesaplama 15-300 arasındaki koloni sayımları dikkate alınmıştır.

$N =$ Gıda örneğinin 1 g ya da 1 mL'sinde mikroorganizma sayısı,

$C =$ Sayımı yapılan tüm petri koloni sayısı toplamı,

$V =$ Sayımı yapılan petri kutularına aktarılan hacim (mL),

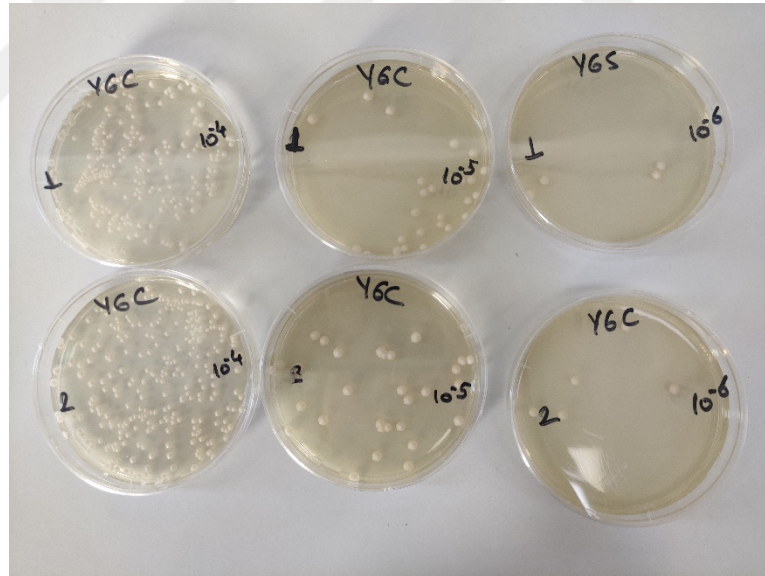
n_1 = İlk seyreltiden yapılan sayımlarda sayımı yapılan petri kutusu adedi,

n_2 = İkinci seyreltiden yapılan sayımlarda sayımı yapılan petri kutusu adedi,

d= Sayımın yapıldığı ardışık 2 seyreltiden daha konsantre olanın seyreltme oranını ifade etmektedir.

3.3. Mayaların izolasyonu

CGA besiyerinde gelişen kolonilerden *S. cerevisiae* olduğu düşünülenler rastgele seçilerek sayılmış, daha sonra mümkün olduğunca farklı koloni tipleri seçilerek saflaştırılmak üzere sıvı besiyerine alınarak çift kademeli olarak saflaştırılmıştır. Saflaştırmada sıvı besiyeri olarak Sabouraud Dextrose Broth (SDB; Biokar, Fransa) kullanılmıştır. Saflaştırılan koloniler Chloramphenicol Glucose Agar (CGA; Biokar, Fransa) kullanılarak hazırlanan yatık agarlarda +4°C'de depolanmıştır. Çalışmada elde edilen maya kolonilerinin YGC agardaki görüntüsü Şekil 3.1'de görülmektedir.



Şekil 3.1. Maya kolonilerinin YGC agardaki görüntüsü.

3.4. DNA izolasyonu

DNA izolasyonunda Aydın vd. (2022a) tarafından önerilen yöntem minör modifikasyonlar ile kullanılmıştır. Yatık agarda stok olarak muhafaza edilen mayalar SDB kullanılarak aktive edilmiş olup, CGA besiyerine sürme yöntemi ile ekilmiştir. CGA üzerinde gelişen koloniler steril bir büstri yardımı ile kazınarak içerisinde 200

μL 'lik ddH₂O bulunan 2.0 mL'lik eppendorf tüplere aktarılarak 90°C'de yarım saat boyunca bekletilmiştir. Üzerine 650 μL ekstraksiyon çözeltisi (200 mM Tris-HCl pH: 8.5, 25 mM NaCl, 25 mM EDTA, % 0.5 SDS) eklenerek 65°C'de 1 saat inkübe edilmiştir. İnkübasyondan sonra, 650 μL kloroform izoamil alkol (24:1, v/v, AppliChem, Almanya) eklenerek 14000 rpm'de 20 dakika boyunca santrifüj edilmiştir. Oluşan üst fazdan 500 μL alınarak üzerine 500 μL izopropanol (Merck, Almanya) eklenerek karışım 14000 rpm'de 20 dakika boyunca +4°C'de santrifüj edilmiştir. Oluşan pellet %70'lik ethanol ile yıkanarak pellet kurumaya bırakılmıştır. Kuruyan pelletin üzerine 50 μL ddH₂O eklenerek -20°C'de depolamaya alınmıştır. DNA konsantrasyon tayini bir nanospektrofotometre (DS-11 FX, DeNovix Inc., Wilmington, ABD) yardımı ile gerçekleştirilmiştir.

3.5. *Saccharomyces cerevisiae* suşlarının tanımlanması/doğrulaması

S. cerevisiae izolatlarının moleküler doğrulaması, türe özgü SC1 (5' – AAC GGT GAG AGA TTT CTG TGC – 3') ve SC2 (5' – AGC TGG CAG TAT TCC CAC AG – 3') primer çiftlerinden yararlanılarak yapılmıştır (Josepa vd., 2000). Pozitif kontrol olarak GenBank'ta MK358173 erişim numarasıyla saklanan *S. cerevisiae* suşu 105-E2 kullanılmıştır. PCR reaksiyonları, 1x PCR reaksiyon tamponu, 0,4 μM SC1 ve SC2 primerleri, her birinden 200 μM dNTP, 20 ng şablon DNA ve 1,5 birim Ampliqon TEMPase Hot Start DNA polimeraz (Berntsen, Rdovre, Danimarka). PCR amplifikasyonu, 94°C'de 5 dakikalık başlangıç denatürasyonu, daha sonra ise 94°C'de 30 saniyelik denatüre edilerek 30 döngü, 50°C'de 30 saniyelik tavlama, 72°C'de 1 dakikalık uzatma ve 72°C'de 7 dakikalık son uzatmadan oluşmuştur. Amplikonlar %1.4 agaroz jel üzerinde analiz edilmiş ve etidyum bromür ile boyanmıştır. Ardından bir UV altında jel görüntüleme sistemi (G:BOX F3, Syngene, Cambridge, İngiltere) kullanılarak görselleştirilmiştir.

3.6. Moleküler markör analizleri

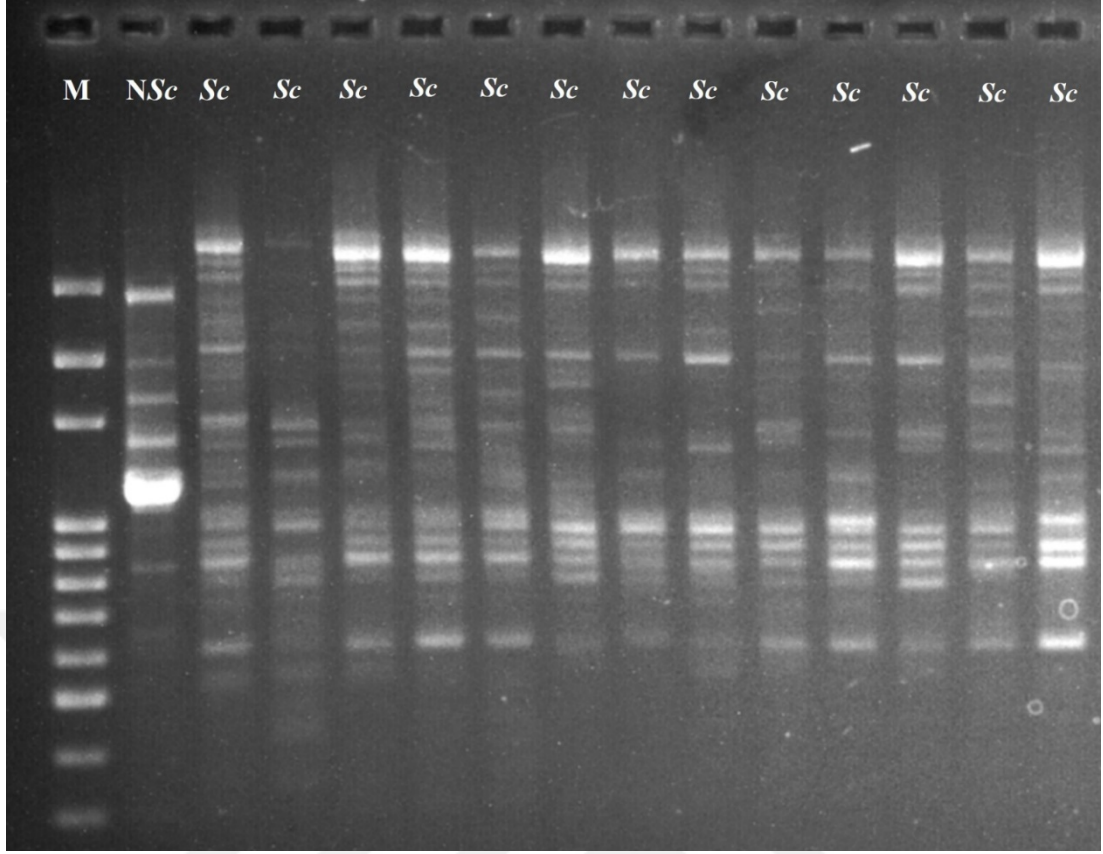
Çalışmada farklı genetik uzalığa sahip *S. cerevisiae* izolatlarının belirlenmesinde etkili olduğu bildirilen iki dejenere ISSR primeri (ISSR-4; 5'-HVHTGTGTGTGTGTG-3', ISSR-7; 5'-AGAGAGAGAGAGAGAGYG-3') (Aydın vd., 2023), bir iPBS primeri (iPBS2078; 5'-GCGGAGTCGCCA-3') (Aydın vd., 2022b) ve bir SCoT primeri (SCoT13; 5'-ACGACATGGCGACCATCG-3')

kullanılmıştır. Primerlere ilişkin detaylar Çizelge 3.1’de sunulmuştur. Farklı *S. cerevisiae* suşlarının İPBS-2078 primeri ile elde edilen bant desenleri ise Şekil 3.2’de gösterilmiştir. PCR amplifikasyonları 25 µL reaksiyon karışımı içerisinde gerçekleştirilmiş olup karışım 25 ng DNA, 1 x MgCl₂, 0.24 mM dNTPs, 0.8 µM primer ve 1 ünite Dream *Taq* polymerase (Thermo Fisher Scientific, Waltham, ABD) içermiştir. PCR amplifikasyonlarında ISSR, iPBS ve SCoT markörleri için sırasıyla Aydın vd. (2023), Aydın vd. (2022b) ve Aydın vd. (2022a) tarafından önerilen koşullar kullanılmıştır. PCR ürünleri %1.2’lik agaroz jelde yürütülerek ethidium bromit ile boyanmıştır. Görüntüleme için bir görüntüleme cihazı (G:BOX F3, Syngene, Cambridge, İngiltere) kullanılmıştır.

Çizelge 3.1. Kullanılan primerlere ilişkin bilgiler

Primer	Baz dizisi	TB	PB	PPY	PIC	RP
ISSR-4	HVHTGTGTGTGTGTG	17	15	88.23	0.31	3.62
ISSR-7	AGAGAGAGAGAGAGAGYG	14	12	85.71	0.34	3.97
iPBS-2078	GCGGAGTCGCCA	11	10	90.91	0.23	2.68
SCoT-13	ACGACATGGCGACCATCG	18	17	94.44	0.39	4.42

TB: Toplam Bant, PB: Polimorfik Bant, PPY: Polimorfik Bant Yüzdesi, PIC: Polimorfik Bilgi İndeksi, RP: Çözme Gücü.



Şekil 3.2. Farklı *S. cerevisiae* suşlarının IPBS-2078 primeri ile elde edilen bant desenleri.

M: Markör, NSc: Non-*Saccharomyces cerevisiae*, Sc: *Saccharomyces cerevisiae*

3.7. İstatistiksel analizler

Elde edilen veriler PCR bantlarının var oluş pozisyonuna göre var (1) ve yok (0) olarak kodlanarak ikili bir veri matrisi oluşturulmuştur. İlk olarak kullanılan markörlerin kullanılabilirliğini test etmek için çözme gücü (RP) ve polimorfik bilgi indeksi (PIC) değerleri hesaplanmıştır. Markörlerin PIC değeri, $PIC=2f(1-f)$ formülü kullanılarak hesaplanmış olup f değeri amplifiye edilen allelin frekansını ifade etmektedir (Roldan-Ruiz vd., 2000). RP değerini hesaplamak için ise bant bilgisi $(Ib)=1 - (2 \times |0.5-p|)$ ile hesaplanmıştır. Burada p değeri maya izolatlarının oranını temsil etmektedir. Son olarak her bir primer için elde edilen Ib toplamı (ΣIb) hesaplanmıştır (Prevost ve Wilkinson, 1999).

Elde edilen ikili veri matrisi primerlerin paylaşılan alel oranına dayanan Jaccard'ın benzerlik katsayısı kullanılarak genetik benzerlik matrisine çevrilmiştir. R paket

programı ile ağırlıklı olmayan aritmetik ortalama eş grup metodu (UPGMA) analizi yapılarak dendrogram elde edilmiştir (R studio Team, 2020).

Tür içi genetik varyasyonun belirlenmesi amacı ile farklı popülasyonlara ilişkin gruplar belirlenmiştir. Tür içi genetik varyasyonun belirlenmesi amacıyla POPGENE v1.32 istatistik yazılımı kullanılmış olup gözlenen aleller sayısı, etili allel sayısı, Nei'nin gen çeşitliliği ve Shannon'un bilgi endeksi değerleri belirlenmiştir (Yeh vd., 1999). Moleküler varyans analizi (AMOVA) ise GenALEX 6.5 kullanılarak yapılmıştır (Peakall ve Smouse, 2012).

Oluşan anlamlı alt popülasyon sayısının (ΔK) belirlenmesi için ikili veri matrisi Structure v2.3.4 ile analiz edilmiştir. Varsayımsal küme aralığı 1-10 arası seçilmiş olup analiz 10 tekrarlı olarak gerçekleştirilmiştir. Burn-in-time ve MCMC verileri de 100.000'e 100.000 olarak ayarlanmış olup sonuçlar STRUCTURE HARVESTER v. 0.6.94 ara yüzü ile işlenerek (ΔK) değeri hesaplanmıştır (Earl, 2012; Evanno vd., 2005; Pritchard vd., 2000).

4. ARAŞTIRMA BULGULARI VE TARTIŞMA

4.1. Mikrobiyolojik Sayım Sonuçları

Yapılan tez çalışmasında 18 adet ekşi hamur numunesine ait LAB ve maya sayım sonuçları Çizelge 4.1’de gösterilmiştir. Buna göre LAB sayısı 7.48 ± 0.37 ile 9.23 ± 0.20 log kobKOB/g arasında değişirken ortalama değerin 8.37 ± 0.58 log KOB/g olduğu saptanmıştır. Maya sayım sonuçlarının ise 5.27 ± 0.09 ile 7.60 ± 0.15 log KOB/g arasında değiştiği ve ortalama değerin 6.33 ± 0.78 log KOB/g olduğu tespit edilmiştir.

Çizelge 4.1. Ekşi hamur numunelerine ilişkin mikrobiyolojik sayım sonuçları.

No	Numune Alınan İl	LAB (Log KOB/g)	Maya (Log KOB/g)	LAB/Maya Oranı
N1	Aksaray(Güzelyurt)	$8,76 \pm 0,18$	$6,78 \pm 0,08$	97
N2	Aksaray(Topakkaya)	$7,69 \pm 0,23$	$5,44 \pm 0,17$	178
N3	Aksaray(Sağlık)	$9,07 \pm 0,17$	$7,27 \pm 0,56$	63
N4	Aksaray(Kutlu)	$8,25 \pm 0,31$	$7,00 \pm 0,15$	18
N5	Aksaray(Alanyurt)	$9,04 \pm 0,15$	$7,60 \pm 0,15$	27
N6	Aksaray(Karkın)	$9,23 \pm 0,20$	$7,17 \pm 0,28$	113
N7	Konya(Merkez)	$8,00 \pm 0,14$	$5,95 \pm 0,07$	111
N8	Konya(Merkez)	$7,95 \pm 0,05$	$5,44 \pm 0,14$	321
N9	Konya(Merkez)	$9,14 \pm 0,19$	$6,77 \pm 0,05$	233
N10	Konya(Ereğli-Bulgurluk)	$8,30 \pm 0,46$	$5,71 \pm 0,09$	384
N11	Konya(Ereğli-Türkmen)	$7,48 \pm 0,37$	$5,39 \pm 0,23$	120
N12	Konya(Ereğli-Kargacı)	$8,88 \pm 0,10$	$6,95 \pm 0,15$	84
N13	Niğde(Merkez)	$9,57 \pm 0,48$	$5,27 \pm 0,09$	20.000
N14	Niğde(Merkez)	$7,41 \pm 0,35$	$5,40 \pm 0,16$	101
N15	Niğde(Ulukışla)	$7,58 \pm 0,27$	$6,14 \pm 0,41$	27
N16	Niğde(Başmakçı)	$8,79 \pm 0,09$	$5,89 \pm 0,25$	794
N17	Niğde(Çiftehan)	$8,08 \pm 0,30$	$6,67 \pm 0,13$	25
N18	Niğde(Altunhisar)	$8,50 \pm 0,07$	$7,14 \pm 0,34$	22

Tip 1 ekşi hamurlarda LAB/Maya oranının 1.000:1-100:1 olması beklenmektedir. Bu oranlar Tip I ekşi hamurların analizinde belirleyici rol oynamakla birlikte fermentasyon koşullarına bağlı olarak 10:1 civarına kadar düştüğü bilinmektedir (Arora vd., 2021). Yapılan bu çalışmada ise, ekşi hamur numunelerinin LAB ve maya sayılarının oranları incelendiğinde, oranların 10 örnekte 100/1’den yüksek olduğu 8 örnekte ise bu değerin altında kaldığı görülmektedir. Bu oranın en düşük 18/1, en yüksek 20.000/1 olarak hesaplanmıştır. Elde edilen sonuçlar Türkiye’de ve

diğer ülkelerde üretilen ekşi hamurlara ilişkin sayım sonuçları ile benzerlik göstermektedir (Arıcı vd., 2018; Aydın vd., 2022a; Lhomme vd., 2015; Minervini vd., 2012).

Analize alınan 18 adet geleneksel ekşi hamur örneğinden toplamda 72 adet maya saflaştırılmıştır. Ekşi hamurdan izole edilen mayaların tanımlama sonuçları Çizelge 4.2’de gösterilmiştir. *Saccharomyces cerevisiae* türüne spesifik primer çiftinin kullanılması sonucunda bunlardan 58 tanesinin *S. cerevisiae* türü olduğu tespit edilmiştir. PCR ürünü *S. cerevisiae* izolatları için yaklaşık 1170-1180 bp arasında oluşmuştur. İki maya suşunda ise birden fazla noktada spesifik olmayan bağlantılar gerçekleşmiştir. Josepa vd. (2000) tarafından bildirildiği üzere bant vermeyen ve spesifik olmayan bağlantı gerçekleşen suşlar non-*cerevisiae* olarak değerlendirilmiştir. Ayrıca doğrulama bu çalışma kapsamında kullanılan farklı markörler ile de yapılmıştır. Pozitif kontrol olarak sekans sonucu bulunan ve NCBI Genbank veri sisteminde MK358173 erişim numarası ile yer alan *S. cerevisiae* 105-E2 suşu kullanılmıştır. Böylece toplam maya mikrobiyotasının %80.55’inin *S. cerevisiae* tarafından oluştuğu tespit edilmiştir. Çalışma sadece *S. cerevisiae* suşlarının moleküler karakterizasyonu ile popülasyon analizlerini içerdiğinden non-*cerevisiae* türleri çalışmanın diğer kısmında değerlendirilmemiştir. Tüm örneklerden *S. cerevisiae* suşu izole edilmiştir. Diğer yandan, 7 farklı örnekten (N2, N5, N7, N8, N11, N13, N16) izole edilen toplam 14 adet maya suşu non-*cerevisiae* olarak tanımlanmıştır.

Çizelge 4.2. Ekşi hamurdan izole edilen mayaların tanımlama sonuçları.

İzolatlar	İl	Tanımlama sonucu	İzolatlar	İl	Tanımlama Sonucu
N1M1	A	<i>S. cerevisiae</i>	N10M1	K	<i>S. cerevisiae</i>
N1M2	A	<i>S. cerevisiae</i>	N10M2	K	<i>S. cerevisiae</i>
N1M3	A	<i>S. cerevisiae</i>	N10M3	K	<i>S. cerevisiae</i>
N1M4	A	<i>S. cerevisiae</i>	N10M4	K	<i>S. cerevisiae</i>
N2M1	A	non- <i>cerevisiae</i>	N11M1	K	non- <i>cerevisiae</i>
N2M2	A	non- <i>cerevisiae</i>	N11M2	K	non- <i>cerevisiae</i>
N2M3	A	non- <i>cerevisiae</i>	N11M3	K	<i>S. cerevisiae</i>
N2M4	A	<i>S. cerevisiae</i>	N11M4	K	non- <i>cerevisiae</i>
N3M1	A	<i>S. cerevisiae</i>	N12M1	K	<i>S. cerevisiae</i>
N3M2	A	<i>S. cerevisiae</i>	N12M2	K	<i>S. cerevisiae</i>
N3M3	A	<i>S. cerevisiae</i>	N12M3	K	<i>S. cerevisiae</i>
N3M4	A	<i>S. cerevisiae</i>	N12M4	K	<i>S. cerevisiae</i>

Çizelge 4.2 (devam). Ekşi hamurdan izole edilen mayaların tanımlama sonuçları.

N4M1	A	<i>S. cerevisiae</i>	N13M1	N	non-cerevisiae
N4M2	A	<i>S. cerevisiae</i>	N13M2	N	<i>S. cerevisiae</i>
N4M3	A	<i>S. cerevisiae</i>	N13M3	N	<i>S. cerevisiae</i>
N4M4	A	<i>S. cerevisiae</i>	N13M4	N	non-cerevisiae
N5M1	A	<i>S. cerevisiae</i>	N14M1	N	<i>S. cerevisiae</i>
N5M2	A	<i>S. cerevisiae</i>	N14M2	N	<i>S. cerevisiae</i>
N5M3	A	non-cerevisiae	N14M3	N	<i>S. cerevisiae</i>
N5M4	A	<i>S. cerevisiae</i>	N14M4	N	<i>S. cerevisiae</i>
N6M1	A	<i>S. cerevisiae</i>	N15M1	N	<i>S. cerevisiae</i>
N6M2	A	<i>S. cerevisiae</i>	N15M2	N	<i>S. cerevisiae</i>
N6M3	A	<i>S. cerevisiae</i>	N15M3	N	<i>S. cerevisiae</i>
N6M4	A	<i>S. cerevisiae</i>	N15M4	N	<i>S. cerevisiae</i>
N7M1	K	non-cerevisiae	N16M1	N	non-cerevisiae
N7M2	K	<i>S. cerevisiae</i>	N16M2	N	non-cerevisiae
N7M3	K	<i>S. cerevisiae</i>	N16M3	N	non-cerevisiae
N7M4	K	<i>S. cerevisiae</i>	N16M4	N	<i>S. cerevisiae</i>
N8M1	K	<i>S. cerevisiae</i>	N17M1	N	<i>S. cerevisiae</i>
N8M2	K	<i>S. cerevisiae</i>	N17M2	N	<i>S. cerevisiae</i>
N8M3	K	<i>S. cerevisiae</i>	N17M3	N	<i>S. cerevisiae</i>
N8M4	K	non-cerevisiae	N17M4	N	<i>S. cerevisiae</i>
N9M1	K	<i>S. cerevisiae</i>	N18M1	N	<i>S. cerevisiae</i>
N9M2	K	<i>S. cerevisiae</i>	N18M2	N	<i>S. cerevisiae</i>
N9M3	K	<i>S. cerevisiae</i>	N18M3	N	<i>S. cerevisiae</i>
N9M4	K	<i>S. cerevisiae</i>	N18M4	N	<i>S. cerevisiae</i>

A: Aksaray, K: Konya ,N: Niğde

Tip I ekşi hamur geleneksel yollarla, starter kültür kullanılmadan belirli aralıklarla pasajlanarak elde edilen un ve su karışımıdır. Geleneksel olarak üretilen ekşi hamurlar un, su veya diğer katkı maddelerinden gelen mikroorganizmalar ile fermente olmaktadır. Ancak fırıncılık ürünlerinin yapıldığı ortamlarda *S. cerevisiae* suşlarının bulunabileceği, bunların da ekşi hamuru kontamine edebileceği farklı araştırmacılar tarafından bildirilmiştir (Minervini vd., 2015). Ancak *S. cerevisiae* suşunun birçok ekşi hamurda dominant olarak bulunmasının tek sebebi bu da değildir. Vrancken vd. (2010) tarafından bildirildiği üzere fırıncılık ürünlerinin üretilmediği laboratuvar ortamlarında bile *S. cerevisiae* suşlarının izole edilebileceğini, özellikle kullanılan un türünün bunda ana rol oynayabileceğini bildirmiştir. Bu yaklaşım birçok araştırmacı grubu tarafından da desteklenmiştir (De Vuyst vd., 2016; Vernocchi vd., 2004). Hem Türkiye hem de yurt dışında yapılan

alışmalar sonucunda da *S. cerevisiae* ekşi hamur mikrobiyotasında baskın tür olduđu bildirilmiştir (Aydın vd., 2022a; Boyacı-Gündüz ve Erten, 2020; Gül vd., 2005; Lhomme vd., 2015; Yağmur vd., 2016; Minervini vd., 2012).

4.2. Farklı popölasyonlara ilişkin genetik varyasyon verileri

Toplam 18 adet ekşi hamur örneğinden izole edilen 58 adet *S. cerevisiae* suşu örneklerin ilişkili olduđu bölgelere göre gruplandırılmıştır. Buna göre Aksaray'dan 20, Niğde'den 19 ve Konya'dan 19 olmak üzere toplam 3 popölasyon oluşturulmuştur. Veri matrisi GenAlex formatına uygun olarak düzenlenerek başta bölgelere göre alleller sayısı, etkili alleller sayısı, Nei'nin (1973) gen çeşitliliği ve Shannon bilgi indeksi hesaplanmış olup tüm değerler Çizelge 4.3'te verilmiştir. Farklı DNA sistemleri kullanılarak elde edilen değerlerin Aksaray ve Niğde popölasyonları için Aydın vd. (2022b) tarafından bildirilen değerlerden yüksek olduđu saptanmıştır. Benzer sonuçlar farklı şaraplık üzüm popölasyonlarından izole edilen *S. cerevisiae* izolatları için de bildirilmiştir (Tello vd., 2012). Elde edilen bulgular ekşi hamurdan izole edilen *S. cerevisiae* suşlarının yakın popölasyonlarda bile farklı genetik yapı sergileyebildiğini göstermiştir. Popölasyonlar kendi içinde değerlendirildiğinde ise Aksaray ve Niğde illerinden toplanan ekşi hamurlara ilişkin *S. cerevisiae* suşlarında genetik farklılaşmanın daha yüksek olduđu, Konya'dan toplanan izolatlarda ise daha sınırlı bir genetik varyasyon tespit edildiği görölmektedir.

Çizelge 4.3. Farklı popölasyonlara ilişkin genetik varyasyon verileri.

Popölasyon	Na*	Ne	I	h	PL (%)
Aksaray (n=20)	1.625 ± 0.067	1.445 ± 0.044	0.375 ± 0.032	0.254 ± 0.023	68.75
Niğde (n=19)	1.563 ± 0.073	1.414 ± 0.045	0.350 ± 0.032	0.236 ± 0.023	65.00
Konya (n=19)	1.325 ± 0.085	1.251 ± 0.036	0.240 ± 0.029	0.156 ± 0.20	50.00
Toplam (n=58)	1.504 ± 0.044	1.370 ± 0.025	0.322 ± 0.018	0.215 ± 0.013	61.25 ± 5.73

TB: Toplam Bant, PB: Polimorfik Bant, PBY: Polimorfik Bant Yüzdesi, PIC: Polimorfik Bilgi İndeksi, RP: Çözme Gücü.

4.3. Popülasyonların Nei'ye göre genetik benzerlik matriksi

Popülasyonların genetik yapısının birbirlerine olan yakınlığı GenAlEx ile incelenmiş olup sonuçlar Çizelge 4.4'te verilmiştir. Buna göre birbirlerine daha yakın olan iller Nei'nin genetik benzerliğine yakınlık indeksinde de daha yakın olarak gözlemlenmiştir. Örneğin birbirine uzaklık olarak en yakın ve ekolojik olarak daha benzer olan Aksaray ve Niğde popülasyonları birbirlerine daha yakın (0.968), birbirlerine en uzak ve ekolojik olarak daha farklı olan Niğde ve Konya popülasyonları da genetik olarak en uzak (0.922) popülasyonlar olmuştur. Popülasyonların birbirlerine olan mesafesi ve genetik yakınlığı GenAlEx programında yer alan Mantel testi ile de test edilmiş olup popülasyonlar arasındaki mesafe ile genetik yakınlık arasında yüksek korelasyon bulunmuştur ($R=0.74$).

Çizelge 4.4. Popülasyonların Nei'ye göre genetik benzerlik matriksi.

Popülasyon	Aksaray	Niğde	Konya
Aksaray	1.000		
Niğde	0.968	1.000	
Konya	0.922	0.915	1.000

4.4. Popülasyonların AMOVA sonucu

Farklı popülasyonların moleküler varyans analizi (AMOVA) sonucuna göre belirlenen genetik farklılığın %16'sı popülasyonlar arasında bulunurken %84'ü popülasyonlar içinde bulunmuştur. Popülasyonların AMOVA sonucu Çizelge 4.5'te verilmiştir.

Çizelge 4.5. Popülasyonların AMOVA sonucu.

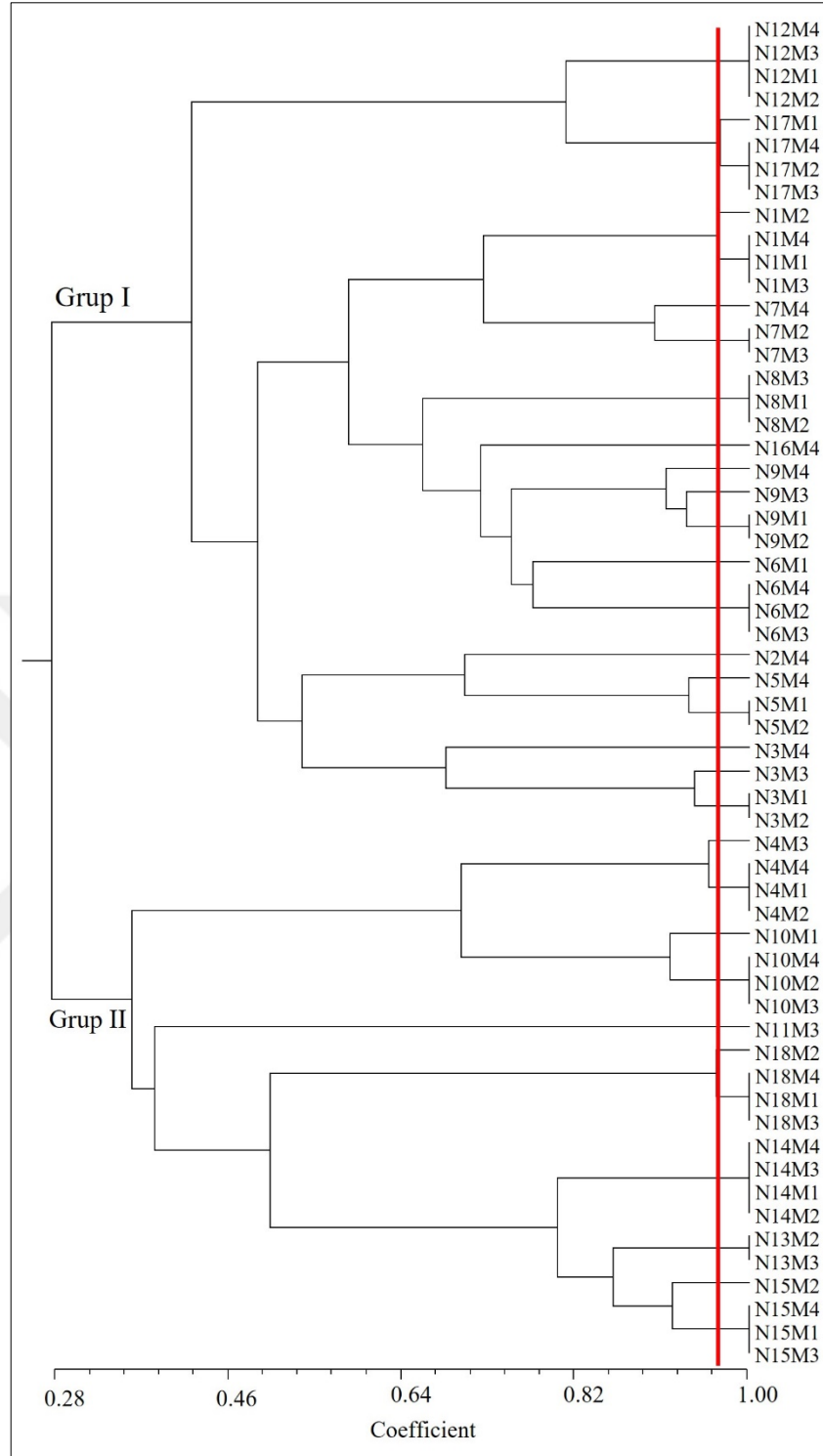
Kaynak	b.d*	KT	OK	TV	%	F _{ST}	P
Popülasyonlar arası	2	90,315	45,158	1,848	16	0.164	0.001
Popülasyonlar içi	55	518,805	9,433	9,433	84		
Toplam	57	609,121		11,281	100		

*b.d: Bağımsızlık Derecesi, KT: Karelerin Toplamı, OK: Ortalama Kare, TV: Tahmini Varyans, F_{ST}: F-statistics, P: Anlamlılık Düzeyi

Popülasyonlar arası ve popülasyon içi tespit edilen genetik varyasyon önemli bulunmuştur ($P < 0.001$). Bu yüksek varyasyon oranı suşlar arasındaki varyasyon derecesini gösteren F_{ST} değeri (0.164) ile de tutarlıdır. Coğrafi ve ekolojik farklılıkların farklı coğrafi kökenlerden izole edilen *S. cerevisiae* suşlarının genetik yapısında önemli roller oynamış olabileceğini düşündürmektedir. Bu genetik farklılık sadece genetik farklılaşmanın belirlenmesinde etkili değildir. Farklı genetik uzaklığa sahip *S. cerevisiae* suşlarının seçiminde de ön eleme aracı olarak kullanılabilir. Diğer bir ifade ile, tüm izolatların teknolojik özelliklerinin belirlenmesi yerine farklı genetik uzaklığa sahip suşların tümünü temsilen teknolojik özelliklerinin belirlenmesi farklı araştırmacılar tarafından sıklıkla tercih edilir olmuştur (Yang vd., 2020; Aydın vd., 2023). Farklı genetik uzaklığa sahip suşlar ile teknolojik özellikler arasındaki ilişki de istatistiki olarak değerlendirilebilmektedir. Aydın vd. (2023), ISSR markörleri ile karakterize ettiği mayalarda spesifik bölgelerdeki polimorfik yapı ile fermantasyon kapasitelerlerinin yüksek korelasyon içinde olduğunu rapor etmiştir. Bu gibi durumlarda SCAR (Sequence-Characterized Amplified Regions) yaklaşımı ile direkt ilgili teknolojik özelliğe sahip suşların belirlenebilmesi mümkün olmaktadır (Luan vd., 2014).

4.5. UPGMA dendrogramı ve STRUCTURE analizi ve PCoA dendrogramı ile izolatların değerlendirilmesi

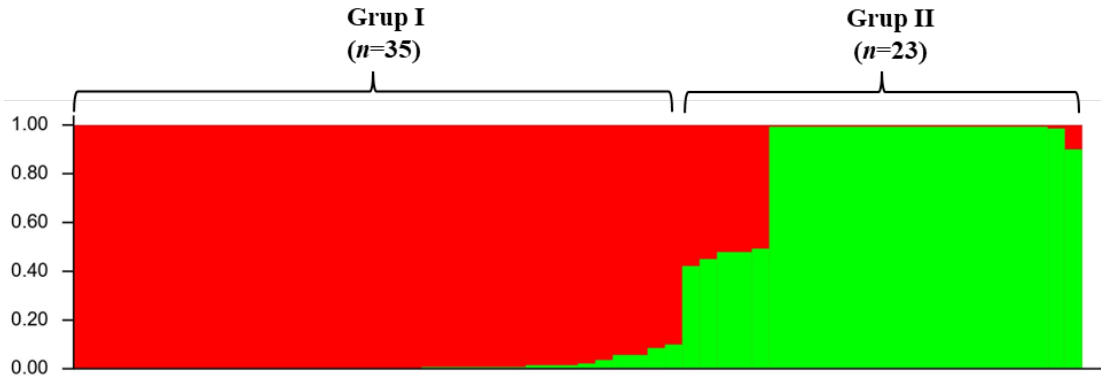
UPGMA dendrogramı toplamda 58 *S. cerevisiae* suşunu iki ana gruba ayırmış olup her bir grup da kendi içinde iki majör gruba ayrılmaktadır (Şekil 4.1). En yüksek ayırım gücü 0.97 değerinde gerçekleşmiştir. Genetik karakterizasyonun toplamda 4 primer ile yapılması yüksek ayırım derecesine sahip sonuçlar elde edilmesini sağlamıştır. Benzer bir ayırım gücü ekşi hamurdan izole edilen *S. cerevisiae* suşlarının RAPD ve ISSR primerleri ile karakterize edilmesi ile de elde edilmiştir (Yang vd., 2020; Aydın vd., 2023). Ayrıca, izolatların izole edildiği coğrafi bölgelere göre ayrılmadığı da belirlenmiştir.



Şekil 4.1. UPGMA dendrogramı.

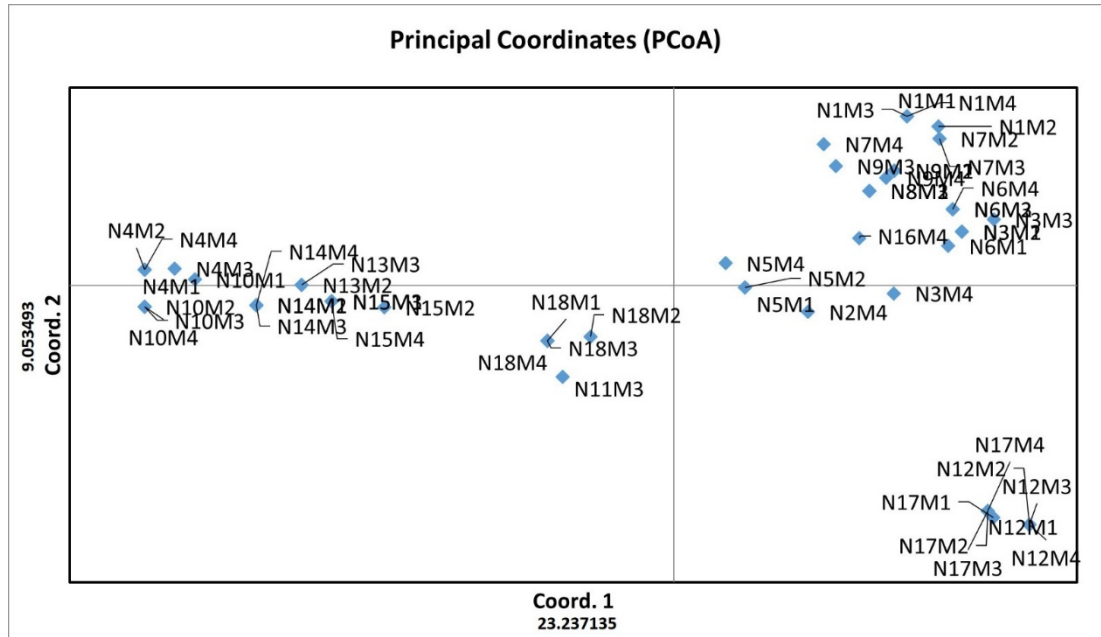
Anlamlı alt popülasyonların sayısı (ΔK) Bayesian kümeleme modeli ile STRUCTURE datalarının STRUCTURE HARVESTER ara yüzü ile işlenmesi ile test edilmiş olup $\Delta K=2$ çıkmıştır. Grupları temsil eden alanlar Şekil 4.2’de verilmiştir. Elde edilen gruplar UPGMA ile uyumlu olup Grup I 35, Grup II ise 23 *S. cerevisiae* suşu içermektedir. Ancak Grup II’de yer alan 5 izolat (N11M3, N18M1;4)

her iki gruba da benzer bir yakınlık göstermiştir. Bu izolatların renk haritasında hem yeşil hem de kırmızı renk ile ifade edildiği görülmektedir.



Şekil 4.2. STRUCTURE analizine göre oluşan gruplar ($\Delta K=2$).

İzolatların PCoA analiz sonuçları dikkate alındığında UPGMA dendrogramı ile uyum içerisinde olduğu görülmektedir (Şekil 4.3). PCoA dendrogramı incelendiğinde grafiğin sağ kısmında toplam 35 adet suşun yer aldığı Grup I, sol tarafında ise 23 izolatın yer aldığı Grup II bulunmaktadır. STRUCTURE sonuçlarına göre grup dışı olarak ifade edilen ve her iki grubada yakın mesafede sonuç veren 5 adet suşun ise koordinatsal düzlemde her iki grubun ortasında yer aldığı görülmektedir.



Şekil 4.3. İzolatların PCoA dendrogramı.

5. SONUÇ VE ÖNERİLER

Bu çalışmada, primerlerin polimorfizm oranını ve genotipleri ayırt etme yeteneğini ortaya çıkarmak için PIC ve RP değerleri belirlenmiştir. Türleri ayırma noktasında her üç primer sistemi de başarılı sonuçlar vermiş olup sonuçlar yüksek PIC ve RP değerleri ile desteklenmiştir. Seçilen primerlerin ayırt etme gücünü gösteren ortalama RP değeri 2,68 ile 4,42 arasında değişmekle birlikte ortalama 3,67'dir. En yüksek PIC değerini 0,39 ile SCoT-13 verirken, en düşük değerini ise 0,23 ile İPBS-2078 vermiştir. Hesaplanan ortalama PIC değeri 4,00'dır. PIC ve RP değeri en yüksek primer SCoT-13 olmuştur. Çalışmaya ait genetik çeşitliliğin ortalama değerleri incelendiğinde ise, alel sayısı (1.625 ± 0.067), etkili alel sayısı (1.445 ± 0.044), Shanon'un bilgi indeksi (0.375 ± 0.032) ve Nei'nin gen çeşitliği (0.254 ± 0.023) en yüksek olan değerlere ait olan il Aksaray olmuştur. En düşük değerler ise Konya iline ait bulunmuştur (Çizelge 4.3). Genetik parametreler ekşi mayadan izole edilen *S. cerevisiae* suşunun en zengin olduğu ilin Aksaray, en az olduğu ilin ise Konya olduğunu göstermektedir. Farklı popülasyonların moleküler varyans analizi (AMOVA) sonucuna göre belirlenen genetik farklılığın %16'sı popülasyonlar arasında bulunurken %84'ü popülasyonlar içinde bulunmuştur (Çizelge 4.5). Popülasyonlar arası ve popülasyon içi tespit edilen genetik varyasyon önemli bulunmuştur ($P < 0.001$). Bu yüksek varyasyon oranı suşlar arasındaki varyasyon derecesini gösteren F_{ST} değeri (0.164) ile de tutarlıdır. UPGMA dendrogramı toplamda 58 *S. cerevisiae* suşunu iki ana gruba ayırmış olup her bir grup da kendi içinde iki majör gruba ayrılmaktadır (Şekil 4.1). En yüksek ayırım gücü 0.97 değerinde gerçekleşmiştir. İzolatların PCoA analiz sonuçları dikkate alındığında UPGMA dendrogramı ile uyum içerisinde olduğu görülmektedir (Şekil 4.3). Her üç markör sistemi kullanılarak gerçekleştirilen *S. cerevisiae* suşlarının popülasyon analizi neticesinde STRUCTURE sonuçlarına göre iki ana genotip ($\Delta K=2$) elde edilmiştir.

Yalnız PCoA dendrogramı STRUCTURE sonuçlarına göre out-group olarak ifade edilen ve her iki grubada yakın mesafede sonuç veren 5 adet suşun ise koordinatsal düzlemde her iki grubun ortasında yer aldığı görülmektedir. Çalışmada elde edilen sonuçların ekşi hamur mayalarının popülasyon genetiklerini inceleyen araştırmacılar

iin nemli bir veri kaynađı oluřturacađı dřnlmektedir. Ayrıca, tr ii farklı polimorfik suřlar ile teknolojik zellikler arasındaki farkın istatistiki aıdan deđerlendirilmesi ile rutin analizlerde ilgili teknolojik zelliđe sahip suřların direkt olarak DNA markr ile belirlenmesi stn suřların tespiti iin nemli bir kilometre tařı olacaktır. İleriki alıřmalarda teknolojik zellikler ile polimorfik suřlar arasındaki iliřki incelenecektir.



KAYNAKLAR

- Andeden, E. E., Baloch, F. S., Derya, M., Kilian, B. ve Özkan, H., 2013. iPBS-Retrotransposonsbased genetic diversity and relationship among wild annual Cicer species. *Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology*, 22, 4, 453-466.
- Arıcı, M., Özülkü, G., Yıldırım, R. M., Sağdıç, O. ve Durak, M. Z., 2018. Biodiversity and technological properties of yeasts from Turkish sourdough. *Food Science and Biotechnology*, 27, 2, 499-508.
- Arora, K., Ameer, H., Polo, A., Di Cagno, R., Rizzello, C. G., ve Gobbetti, M., 2021. Thirty years of knowledge on sourdough fermentation. A systematic review. *Trends in Food Science and Technology*, 108, 71-83.
- Aydın, F., Özer, G., Alkan, M. ve Çakır, İ., 2020. The utility of iPBS retrotransposons markers to analyze genetic variation in yeast. *International Journal of Food Microbiology*, 325, 108647.
- Aydın, F., 2022. Ekşi hamur mikrobiyotasından izole edilen mayaların farklı markör sistemleri ile karakterize edilmesi ve bazı teknolojik özelliklerinin belirlenmesi, Doktora Tezi, Bolu Abant İzzet Baysal Üniversitesi, Lisansüstü Eğitim Enstitüsü, Bolu.
- Aydın, F., Özer, G., Alkan, M. ve Çakır, İ., 2022a. Start Codon Targeted (SCoT) markers for the assessment of genetic diversity in yeast isolated from Turkish sourdough. *Food Microbiology*, 107, 104081.
- Aydın, F., Özer, G., Alkan, M., ve Çakır, İ., 2022b. Genetic diversity and population structure of *Saccharomyces cerevisiae* isolated from Turkish sourdough by iPBS retrotransposons markers. *Archives of Microbiology*, 204, 12, 693.
- Aydın, F., Günen, T. U., Kahve, H. İ., Güler, E., Özer, G., Aktepe, Y. ve Çakır, İ., 2023. Molecular and Technological Characterization of *Saccharomyces cerevisiae* from Sourdough. *Fermentation*, 9, 4, 329.
- Ataman, N., 2014. Ekşi maya florasına ait önemli mikroorganizma gruplarının araştırılması ve bu flora elemanları arasında biyokimyasal davranış farklılıklarının saptanması, Yüksek Lisans Tezi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Çukurova Üniversitesi, Adana.
- Baránek, M., Meszaros, M., Sochorova, J., Cechova, J. ve Roddova, J., 2012. Utility of retrotransposon derived marker systems for differentiation of presumed clones of the apricot cultivar Velkopavlovicka. *Scientia Horticulturae*, 143, 1-6.
- Belge, M., 2016. Tarih Boyunca Yemek Kültürü, İletişim Yayınları, 33, İstanbul.
- Behera, S. S., Ray, R. C., 2015. Sourdough bread. In: Rosell, C.M., Bajerska,J., El Sheikh, Bread Fortification for Nutrition and Health, 55.

- Birch, A. N., Petersen, M. A., Arneborg, N. ve Hansen, Å. S., 2013. Influence of commercial baker's yeasts on bread aroma profiles. *Food Research International*, 52, 1, 160-166.
- Botstein, D., White, R. L., Skolnick, M. ve Davis, R. W., 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American Journal of Human Genetics*, 32, 3, 314-331.
- Boyacı-Gündüz, C. P. ve Erten, H., 2020. Predominant yeasts in the sourdoughs collected from some parts of Turkey. *Yeast*, 37, 9, 449-466.
- Börlin, M., Claisse, O., Albertin, W., Salin, F., Legras, J. L. ve Masneuf-Pomarede, I., 2020. Quantifying the effect of human practices on *S. cerevisiae* vineyard metapopulation diversity. *Scientific Reports*, 10, 1, 16214.
- Chinnappareddy, L. R. D., Khandagale, K., Reddy, S. H. S., Kanupriya, C., Chennareddy, A. ve Singh, T. H., 2012. SSR-Based DNA Barcodes as a Tool for Identification of Eggplant Genotypes, *International Journal of Vegetable Science*, 18, 260–271.
- Collard, B. C. ve Mackill, D. J., 2009. Start codon targeted (SCoT) polymorphism: a simple, novel DNA marker technique for generating gene-targeted markers in plants. *Plant Molecular Biology Reporter*, 27, 86-93.
- Collard, B.C. ve Mackill, D.J., 2009. Start Codon Targeted (SCoT) Polymorphism: A Simple Novel DNA Marker Technique for Generating Gene-Targeted Markers in Plants. *Plant Molecular Biology Reporter*, 27, 86-93.
- Çakır, E., 2020. Siyez buğdayı ve kavuzsuz arpa ekşi hamurlarından laktik asit bakterileri ve mayaların izolasyonu ve karakterizasyonu, Doktora Tezi, Yıldız Teknik Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Ankara.
- D'Alessandro, A. ve De Pergola, G., 2014. Mediterranean diet pyramid: a proposal for Italian people. *Nutrients*, 6, 10, 4302-4316.
- Decock, P. ve Cappelle, S., 2005. Bread technology and sourdough technology, *Trends in Food Science and Technology*, 16, 1, 113-120.
- De Vuyst, L. ve Neysens, P., 2005. “The sourdough microflora: biodiversity and metabolic interactions”, *Trends in Food Science and Technology*, 16, 1, 43-56.
- De Vuyst, L., Harth, H., Van Kerrebroeck, S. ve Leroy, F., 2016. Yeast diversity of sourdoughs and associated metabolic properties and functionalities. *International Journal of Food Microbiology*, 239, 26-34.
- Drumonde-Neves, J., Franco-Duarte, R., Vieira, E., Mendes, I., Lima, T., Schuller, D. ve Pais, C., 2018. Differentiation of *Saccharomyces cerevisiae* populations from vineyards of the Azores Archipelago: Geography vs Ecology. *Food microbiology*, 74, 1, 151-162.

- Earl, D. A. ve VonHoldt, B. M., 2012. Structure Harvester: a website and program for visualizing Structure output and implementing the Evanno method, *Conservation genetics resources*, 4, 2, 359-361.
- Esteve-Zarzoso, B., Belloch, C., Uruburu, F. ve Querol, A., 1999. Identification of yeasts by RFLP analysis of the 5.8 S rRNA gene and the two ribosomal internal transcribed spacers. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 49, 1, 329-337.
- Evanno, G., Regnaut, S. ve Goudet, J., 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software Structure: a simulation study, *Molecular ecology*, 14, 8, 2611-2620.
- Feschotte, C. ve Pritham, E. J., 2007. DNA transposons and the evolution of eukaryotic genomes, *Annual Review of Genetics*, 41, 1, 331-368.
- Gaggiano, M., Cagno, D. R., Angelis, M. D., Arnault, P., Tossut, P. Fox, P. F. ve Gobbetti, M., 2007. Defined multispecies semiliquid ready to use sourdough starter, *Food Microbiology*, 24, 1, 15-24.
- Gailite, A. ve Rungis, D., 2012. An initial investigation of the taxonomic status of *Saussurea esthonica* Baer ex Rupr. utilising DNA markers and sequencing, *Plant Systematics and Evolution*, 298, 5, 913-919.
- Gallardo, G., Ruiz-Moyano, S., Hernández, A., Benito, M. J., Córdoba, M. G., Pérez-Nevado, F. ve Martín, A., 2014. Application of ISSR-PCR for rapid strain typing of *Debaryomyces hansenii* isolated from dry-cured Iberian ham, *Food microbiology*, 42, 205-211.
- Gallego, F. J., Perez, M. A., Núñez, Y. ve Hidalgo, P., 2005. Comparison of RAPDs, AFLPs and SSR markers for the genetic analysis of yeast strains of *Saccharomyces cerevisiae*, *Food Microbiology*, 22, 6, 561-568.
- Georges M., Mishra A., Sargeant L., Steele M. ve Zhao X., 1990. Progress towards a primary DNA marker map in cattle, 4th World Congress Genetics Applied Livestock Production, 13, 107-112.
- Gelinas, P., 2009. Inventions on baker's yeast strains and specialty ingredients. *Recent Pat Food Nutr Agric*, 1, 2, 104-132.
- Gül, H., Özçelik, S., Sağdıç, O. ve Certel, M., 2005. Sourdough bread production with lactobacilli and *S. cerevisiae* isolated from sourdoughs. *Process Biochemistry*, 40, 2, 691-697.
- Güre, S., 2009. Ekşi hamurlardan İzole Edilen Laktik Asit Bakterilerinin Gluten Üzerine Proteolitik Etkilerinin İncelenmesi, Yüksek Lisans Tezi, Süleyman Demirel Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Isparta.

- Hansen, A. ve Schieberle, P., 2005. "Generation of aroma compounds during sourdough fermentation: applied and fundamental aspects", Trends in Food Science & Technology, 16, 1, 85-94.
- Huys, G., Daniel, H. M. ve De Vuyst, L., 2012. Taxonomy and biodiversity of sourdough yeasts and lactic acid bacteria, Handbook on sourdough biotechnology, pp.105-154, in: Gobetti M. ve Ganzle M. (Editor), New York, NY: Springer US.
- Josepa, S., Guillamon, J. M. ve Cano, J., 2000. PCR differentiation of *Saccharomyces cerevisiae* from *Saccharomyces bayanus*/*Saccharomyces pastorianus* using specific primers. FEMS microbiology letters, 193, 2, 255-259.
- Kalendar, R., Antonius, K., Smýkal, P. ve Schulman, A. H., 2010. iPBS: a universal method for DNA fingerprinting and retrotransposon isolation. Theoretical and Applied Genetics, 121, 8, 1419-1430.
- Kalkışım, Ö., Özdemir, M. ve Bayram, O., 2012. Ekmek Yapım Teknolojisi, Gümüşhane Üniversitesi Yayınları.
- Karaman, K., Sagdic, O. ve Durak, M. Z., 2018. Use of phytase active yeasts and lactic acid bacteria isolated from sourdough in the production of whole wheat bread, LWT-Food Science and Technology, 91, 557-567.
- Kelly, C., James, D., Bourguignon, F., McIntyre, I., Smith, J., Connon, R., Morris, S., Cusack, S. ve Casserly, S., 2014. Sourdough Bread, Fermented Foods3.
- Kıran, F. ve Osmanoğlu, Ö., 2011. "Laktik asit bakterilerinin (LAB) identifikasyonunda/tiplendirmesinde kullanılan moleküler yöntemle", Erciyes Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Fen Bilimleri Dergisi, 27, 1, 62-74.
- Kocaadam, B. ve Tek, N. A., 2016. Ekmek, bira, şarap ve yoğurdun orijinleri ve tarihsel süreçleri, Beslenme ve Diyet Dergisi, 44, 3, 272-279.
- Kurtzman C. P. ve Robnett C. J., 1998. Identification and phylogeny of ascomycetous yeasts from analysis of nuclear large subunit (26S) ribosomal DNA partial sequences, Antonie van Leeuwenhoek, 73, 4, 331-371.
- Kurtzman C. P. ve Robnett C. J., 2003. Phylogenetic relationships among yeasts of the '*Saccharomyces* complex' determined from multigene sequence analyses, FEMS Yeast Research, 3, 4, 417-432.
- Lampignano, V., Laverse, J., Mastromatteo, M. ve Del Nobile, M. A., 2013. Microstructure, textural and sensorial properties of durum wheat bread as affected by yeast content, Food Research International, 50, 1, 369-376.

- Lhomme E., Lattanzi A., Dousset X., Minervini F., De Angelis M., Lacaze G., Onno B. ve Gobbetti M., 2015. Lactic acid bacterium and yeast microbiotas of sixteen French traditional sourdoughs. *Int. J. Food Microbiol*, 215, 161–170.
- Liu, T., Li, Y., Sadiq, F. A., Yang, H., Gu, J., Yuan, L., Lee, Y.K. ve He, G., 2018. Predominant yeasts in Chinese traditional sourdough and their influence on aroma formation in Chinese steamed bread, *Food Chemistry*, 242, 404-411.
- Liu, J., Li, X., Liu, Y., Xing, C., Xie, Y., Cai, G. ve Lu, J., 2021. Evaluation of genetic diversity and development of core collections of industrial brewing yeast using ISSR markers, *Archives of Microbiology*, 203, 3, 1001-1008.
- Luan, C., Li, X., Zheng, G., Yao, J. ve Wang, J., 2014. ISSR fingerprint analysis and SCAR marker of 23 strains of *Saccharomyces cerevisiae*, *Food Science*, 35, 163-167.
- Meuser, F. ve Valentin, M., 2004. Fermented doughs in bread production, *Handbook of Food and Beverage Fermentation Technology*, 754-779.
- Minervini F., Di Cagno R., Lattanzi A., De Angelis M., Antonielli L., Cardinali G., Cappelle S. ve Gobbetti M., 2012. Lactic acid bacterium and yeast microbiotas of sourdoughs used for traditional/typical Italian breads: Interactions between ingredients and microbial species diversity, *Environmental Microbiology*, 78, 4, 1251-1264.
- Minervini, F., Lattanzi, A., De Angelis, M., Celano, G. ve Gobbetti, M., 2015. House microbiotas as sources of lactic acid bacteria and yeasts in traditional Italian sourdoughs, *Food Microbiology*, 52, 66-76.
- Nath, V. S., Hegde, V. M., Jeeva, M. L., Misra, R. S., Veena, S. S., Raj, M. ve Nair, S. S. D., 2013. Genetic diversity of *Phytophthora colocasiae* causing taro leaf blight: analysis using start codon targeted (SCoT) polymorphism, *Journal of Root Crops*, 39, 2, 168-177.
- Palla, M., Agnolucci, M., Calzone, A., Giovannetti, M., Di Cagno, R., Gobbetti, M. ve Pontonio, E., 2019. Exploitation of autochthonous Tuscan sourdough yeasts as potential starters, *International Journal of Food Microbiology*, 302, 59-68.
- Pathania, N., Kanwar, S. S., Jhang, T., Koundal, K. R. ve Sharma, T. R., 2010. Application of different molecular techniques for deciphering genetic diversity among yeast isolates of traditional fermented food products of Western Himalayas, *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 26, 9, 1539-1547.
- Peakall, R. ve Smouse, P. E., 2012. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update, *Bioinformatics*, 28, 19, 2537-2539.

- Perricone, M., Bevilacqua, A., Corbo, M. R. ve Sinigaglia, M., 2014. Technological characterization and probiotic traits of yeasts isolated from Altamura sourdough to select promising microorganisms as functional starter cultures for cereal-based products. *Food Microbiology*, 38, 26-35.
- Plessas, S., Alexopoulos, A., Mantzourani, I., Koutinas, A., Voidarou, C., Stavropoulou, E., Bezirtzoglou E.ve Anaerobe, 2011. Application of Novel Starter Cultures for Sourdough Bread Production, 17, 6, 486-489.
- Plessas, S., 2021. Innovations in Sourdough Bread Making. Laboratory of Food Processing, Faculty of Agriculture Development, Democritus University of Thrace, 7, 1, 29.
- Prevost, A. ve Wilkinson, M. J., 1999. A new system of comparing PCR primers applied to ISSR fingerprinting of potato cultivars, *Theoretical and applied Genetics*, 98, 1, 107-112.
- Pritchard, J. K., Stephens, M. ve Donnelly, P., 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data, *Genetics*, 155, 2, 945-959.
- R Studio Team, 2020. RStudio: integrated development for R. RStudio, PBC, Boston, MA.
- Roldan-Ruiz, I., Dendauw, J., Van Bockstaele, E., Depicker, A. ve De Loose, M., 2000. AFLP markers reveal high polymorphic rates in ryegrasses (*Lolium* spp.). *Molecular Breeding*, 6, 2, 125-134.
- Sabreena, Nazir, M., Mahajan, R., Hashim, M. J., Iqbal, J., Alyemeni, M. N., Ganai, B. A. ve Zargar, S. M., 2021. Deciphering allelic variability and population structure in buckwheat: An analogy between the efficiency of ISSR and SSR markers, *Saudi Journal of Biological Sciences*, 28, 11, 6050–6056.
- Sasikumar, A. N., Perez, W. B. ve Kinzy, T. G., 2012. The many roles of the eukaryotic elongation factor 1 complex, *Wiley Interdisciplinary Reviews: RNA*, 3, 4, 543-555.
- Schuller, D. ve Casal, M., 2007. The genetic structure of fermentative vineyard-associated *Saccharomyces cerevisiae* populations revealed by microsatellite analysis, *Antonie van Leeuwenhoek*, 91, 2, 137–150.
- Smýkal, P., Bačová-Kerteszová, N., Kalendar, R., Corander, J., Schulman, A. H. ve Pavelek, M., 2011. Genetic diversity of cultivated flax (*Linum usitatissimum* L.) germplasm assessed by retrotransposon-based markers, *Theoretical and Applied Genetics*, 122, 7, 1385-1397.
- Tello, J., Cordero-Bueso, G., Aporta, I., Cabellos, J. M. ve Arroyo, T., 2012. Genetic diversity in commercial wineries: effects of the farming system and vinification management on wine yeasts, *Journal of applied microbiology*, 112, 2, 302-315.

- Thiele, C., Grassl, S. ve Gänzle, M., 2004. Gluten Hydrolysis and Depolymerization during Sourdough Fermentation, *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 52, 5, 1307–1314.
- Tikendra, L., Potshangbam, A. M., Dey, A., Devi, T. R., Sahoo, M. R. ve Nongdam, P., 2021. RAPD, ISSR and SCoT markers based genetic stability assessment of micropropagated *Dendrobium fimbriatum* Lindl. var. *oculatum* Hk. f.-an important endangered orchid, *Physiology and Molecular Biology of Plants*, 27, 2, 341-357.
- Vernocchi, P., Valmorri, S., Gatto, V., Torriani, S., Gianotti, A., Suzzi, G. ve Gardini, F., 2004. A survey on yeast microbiota associated with an Italian traditional sweet-leavened baked good fermentation. *Food Research International*, 37, 5, 469–476.
- Vrancken, G., De Vuyst, L., Van der Meulen, R., Huys, G., Vandamme, P. ve Daniel, H. M., 2010. Yeast species composition differs between artisan bakery and spontaneous laboratory sourdoughs. *FEMS Yeast Research*, 10, 4, 471–481.
- Yağmur, G., Tanguler, H., Leventdurur, S., Bağder-Elmacı, Simel, Turhan, E., Francesca, N. ve Erten, H., 2016. Identification of predominant lactic acid bacteria and yeasts of Turkish sourdoughs and selection of starter cultures for liquid sourdough production using different flours and dough yields, *Polish Journal of Food and Nutrition Sciences*, 66, 2, 99-107.
- Yang, H., Liu, T., Zhang, G. ve He, G., 2020. Intraspecific diversity and fermentative properties of *Saccharomyces cerevisiae* from Chinese traditional sourdough, *LWT*, 124, 10, 109195.
- Yeh, F. C., 1999. POPGENE (version 1.3.1). Microsoft Window-Bases Freeware for Population Genetic Analysis.
- Yeken, M. Z., Emiralioğlu, O., Çiftçi, V., Bayraktar, H., Palacioğlu, G. ve Özer, G., 2022. Analysis of genetic diversity among common bean germplasm by start codon targeted (SCoT) markers, *Molecular Biology Reports*, 49, 5, 3839-3847.
- Welsh, J. ve McClelland, M., 1990. "Fingerprinting genomes using PCR with arbitrary primers", *Nucleic Acids Research*, 18, 24, 7213-7218.
- Williams, J. G., Kubelik, A. R., Livak, K. J., Rafalski, J. A. ve Tingey, S. V., 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers, *Nucleic Acids Research*, 18, 22, 6531-6535.
- Zhang J., Liu W., Sun Z., Bao Q., Wang F., Yu J., Chen W. ve Zhang H., 2010. Diversity of lactic acid bacteria and yeasts in traditional sourdoughs collected from western region in Inner Mongolia of China, *Food Control*, 2011, 22, 767–774.

Zietkiewicz, E., Rafalski, A. ve Labuda, D., 1994. Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR)-anchored polymerase chain reaction amplification. Genomics, 20, 2, 176-183.

URL-1<<http://cesmegermiyanekmegi.com/cesme-germiyan-ekmegi.html>>, Eriřim Tarihi: 7 Ocak 2020a.

URL-2<<http://www.afyonbld.gov.tr/news/1/5939/patatesliekmegimiztescillendi.aspx>>, Eriřim Tarihi: 7 Ocak 2020b.

URL-3<<https://www.pakmayaprofesyonellerdunyasi.com/koy-ekmegi/>>, Eriřim Tarihi: 7 Ocak 2020c.



ÖZGEÇMİŞ

Adı ve Soyadı : Nilgün KOÇAK

EĞİTİM BİLGİLERİ (Kurum ve Yıl)

Lisans : Çukurova Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Gıda Mühendisliği
Bölümü, 2007-2012

Yüksek Lisans : Aksaray Üniversitesi, Gıda Mühendisliği Anabilim Dalı,
2021-2024

MESLEKİ DENEYİM VE ÖDÜLLERİ

1. Sunar Mısır Entegre Tesisleri San. ve Tic. A.Ş (2012)
2. Palet Pastacılık Gıda Çikolata Turz. San Tic. A.Ş. (2013-2017)
3. Aksaray İl Tarım ve Orman Müdürlüğü (2020 -)

TEZDEN ÜRETİLEN YAYINLAR, SUNUMLAR VE PATENTLER

Uluslararası Hakemli Dergilerde Yayımlanan Makaleler

1. Farklı İllerden Toplanan Ekşi Hamur Örneklerinden *Saccharomyces Cerevisiae* Suşlarının İzolasyonu, Moleküler Karakterizasyonu ve Popülasyon Analizleri (Gıda Dergisi)