

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ



**PATLICANDA (*Solanum melongena* L.) VERTICILLIUM SOLGUNLUĞUNA
DAYANIKLILIĞIN KALİTİMİ ÜZERİNE ARAŞTIRMALAR**

Görkem SÜLÜ

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

BAHÇE BİTKİLERİ

ANABİLİM DALI

DOKTORA TEZİ

ŞUBAT 2025

ANTALYA

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ



**PATLICANDA (*Solanum melongena* L.) VERTICILLIUM SOLGUNLUĞUNA
DAYANIKLILIĞIN KALITIMI ÜZERİNE ARAŞTIRMALAR**

Görkem SÜLÜ

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

BAHÇE BİTKİLERİ

ANABİLİM DALI

DOKTORA TEZİ

ŞUBAT 2025

ANTALYA

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

**PATLICANDA (*Solanum melongena* L.) VERTICILLIUM SOLGUNLUĞUNA
DAYANIKLILIĞIN KALITIMI ÜZERİNE ARAŞTIRMALAR**

**Görkem SÜLÜ
BAHÇE BİTKİLERİ
ANABİLİM DALI
DOKTORA TEZİ**

**Bu tez, Akdeniz Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi
tarafından FBA-2022-5951 proje numarası ile desteklenmiştir.**

ŞUBAT 2025

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**PATLICANDA (*Solanum melongena* L.) VERTICILLIUM SOLGUNLUĞUNA
DAYANIKLILIĞIN KALITIMI ÜZERİNE ARAŞTIRMALAR**

Görkem SÜLÜ
BAHÇE BİTKİLERİ
ANABİLİM DALI
DOKTORA TEZİ

Bu tez 07 / 05 / 2025 tarihinde jüri tarafından Oybirliği / ~~Oyçokluğu~~ ile kabul edilmiştir.

Prof. Dr. Ahmet Naci ONUS (Danışman)
Prof. Dr. Kenan TURGUT
Prof. Dr. İlknur POLAT
Prof. Dr. Halime ÜNLÜ
Doç. Dr. Hatice Filiz BOYACI

ÖZET

PATLICANDA (*Solanum melongena* L.) VERTICILLIUM SOLGUNLUĞUNA DAYANIKLILIĞIN KALITIMI ÜZERİNE ARAŞTIRMALAR

Görkem SÜLÜ

Doktora Tezi, Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı

Danışman: Prof. Dr. Ahmet Naci ONUS

Şubat 2025; 52 sayfa

Patlıcan, dünyada ve Türkiye’de tarımsal üretim içerisinde önemli bir paya sahiptir. Türkiye, dünya patlıcan üretiminde dördüncü sırada yer almaktadır. Örtüaltı patlıcan yetiştiriciliğini sınırlandıran pek çok biyotik stres faktörü bulunmaktadır. Toprak kökenli solgunluk patojeni *Verticillium dahliae* Kleb.’in neden olduğu meydana getirilen *Verticillium* solgunluğu, ülkemiz patlıcan üretim alanlarında üretimi sınırlandıran en önemli bitki hastalıklarından biridir. Patojen, uzun yıllar boyunca toprakta canlı olarak kalabilmekte ve çevre koşulları hastalık için uygun olduğunda sonraki yıl ekilen yeni bitkide de solgunluk gözlenebilmektedir.

Patojen ile mücadeleye yönelik olarak, kültürel ve kimyasal mücadele yöntemleri kullanılmaktadır. Ancak bu yöntemler, hastalık etmenine karşı etkisiz olduğu gibi ekonomik de değildir. Yetiştiricilik esnasında üreticiler tarafından uygulanan kültürel mücadele yöntemleri hastalığın çıkışını ve yayılmasını yavaşlatıcı rol oynamakta ancak hastalık ile etkin mücadelede yetersiz kalmaktadır. Bu durum, patojene karşı dayanıklı çeşitlerin geliştirilmesine yönelik çalışmaların yapılmasını zorunlu kılmaktadır. Bu nedenle, hem dünyada hem de ülkemizde patlıcan yetiştiriciliğinde önemli bir sorun olan *Verticillium dahliae* etmenine karşı dayanıklı çeşitler elde etmek amacıyla ülkemizde ıslah programları başlatılmıştır.

Çalışmamızda, *Verticillium*’a dayanıklı LS2436’nolu saf hat ile LS1934’nolu saf hat resiprokal melezleme yapılarak iki farklı F₂ popülasyonu elde edilmiştir. Proje kapsamında LS2436xLS1934 ve LS1934xLS2436 melez kombinasyonlarından elde edilen 300 adet F₂ birey klasik olarak testlenerek dayanıklı ve hassas bireyler belirlenmiştir. QTL haritalama çalışmalarında kullanılmak üzere 350 SSR primeri denenmiş ve toplam 33 primer ebeveynlerde polimorfik bulunmuştur. QTL analizleri sonucunda sadece bir markırın en yüksek LOD değerinde (LOD =2.494) *Verticillium*’a dayanıklılıkla ilişkili olduğu belirlenmiştir. Haritalama çalışmalarında kullanılmak üzere markır geliştirme amacıyla haritalama popülasyonunun ebeveynleri yeni nesil dizileme teknolojisi kullanılarak dizilenmiş ve toplam ebeveynler arasında polimorfik 1,039,550 adet SNP bulunmuştur. Bu SNP markırlarına ek olarak ayrıca 221,764 adet InDel markırı geliştirilmiştir. InDel markırlarının 4,249 adedi ebeveynler arasında en az 30 nükleotit alel farkına sahip olup agaroz jel elektroforezi analizlerine uygundur. Bu markırlar, patlıcan genomunda fiziksel olarak haritalanmış ve genom içerisinde homojen olarak dağılmaktadır. Genom haritası yüksek çözünürlükte olup (0.27 Mb/InDel) geliştirilen

markırlar patlıcan genomik alıřmaları iin deęerli bir molekler ara konumunda olup Verticillium dayanıklılıęı alıřmalarında kullanılabilir.

ANAHTAR KELİMELEER: Dayanıklılık, Haritalama, Indel, SNP, *Solanum melongena* L, SSR, *Verticillium dahliae* Kleb.

JRİ: Prof. Dr. Ahmet Naci ONUS

Prof. Dr. Kenan TURGUT

Prof. Dr. İlknur POLAT

Prof. Dr. Halime NL

Do. Dr. Hatice Filiz BOYACI



ABSTRACT

STUDIES ON THE INHERITANCE OF RESISTANCE TO VERTICILLIUM WILT IN EGGPLANT (*Solanum melongena* L.)

Görkem SÜLÜ

PhD Thesis in Department of Horticulture

Supervisor: Prof. Dr. Ahmet Naci ONUS

February 2025; 52 pages

Eggplant has an important role in agricultural production in the world and Türkiye. Türkiye is 4th in eggplant production in the world. There are many biotic stress factors that limit greenhouse eggplant cultivation. Verticillium wilt caused by soil-borne wilt pathogen *Verticillium dahliae* Kleb., is one of the most important plant diseases that limits production in eggplant production areas of our country. The pathogen can survive in the soil for many years, and when environmental conditions are suitable for the disease, wilting can be observed in the new plant planted the following year.

Cultural and chemical methods are used to control the pathogen. However, these methods are not only ineffective against the disease agent but also uneconomical. Cultural control methods applied by producers during cultivation play a role in slowing down the emergence and spread of the disease, but are insufficient in effective control of the disease. For this reason, this situation necessitates studies to develop pathogen-resistant varieties. Breeding programs have been initiated in our country to obtain varieties resistant to *Verticillium dahliae*, which is an important problem in eggplant cultivation both in the world and in our country.

In our study, two different F₂ populations were obtained by reciprocal crossbreeding of pure line LS2436 resistant to Verticillium and pure line LS1934. Within the scope of the project, 300 genotypes consisting of LS2436xLS1934 and LS1934xLS2436 hybrid combinations were tested classically and resistant and susceptible individuals were determined. 350 SSR primers were tested for use in QTL mapping studies and a total of 33 primers were found to be polymorphic in the parents. As a result of QTL analyses, it was determined that only one marker was associated with Verticillium resistance at the highest LOD value (LOD = 2.494). For the purpose of developing markers to be used in mapping studies, the parents of the mapping population were sequenced using next-generation sequencing technology and a total of 1,039,550 polymorphic SNPs were found among the parents. In addition to these SNP markers, 221,764 InDel markers were also developed. 4,249 of the InDel markers have at least 30 nucleotide allelic differences between the parents and are suitable for agarose gel electrophoresis analysis. These markers have been physically mapped in the eggplant genome and are distributed homogeneously in the genome. The genome map is high resolution (0.27 Mb/InDel) and the developed markers are a valuable molecular tool for eggplant genomic studies and can be used in Verticillium resistance studies.

KEYWORDS: Indel, Mapping, Resistance, SNP, *Solanum melongena* L., SSR, *Verticillium dahliae* Kleb.

COMMITTEE: Prof. Dr. Ahmet Naci ONUS

Prof. Dr. Kenan TURGUT

Prof. Dr. İlknur POLAT

Prof. Dr. Halime ÜNLÜ

Assoc.Prof. Dr. Hatice Filiz BOYACI



ÖNSÖZ

Bu uzun soluklu sürecin başından sonuna dek ilgisini ve desteğini her daim hissettiğim, çalışmalarımı yürütürken zaman zaman yorulsam da samimiyetle bana zaman ayırıp elimden tutarak güven ve cesaret veren, kıymetli tecrübeleri, nasihatleri ve bilgi birikimi ile beni yönlendiren ve yolumu aydınlatan saygıdeğer danışman hocam Sayın Prof. Dr. A. Naci ONUS'a sonsuz saygı, minnet ve şükranlarımı arz ederim.

Tez izleme komitesinde yer alan, değerli bilimsel katkılarıyla çalışmamın her aşamasında ilgi ve desteğini esirgemeyen saygıdeğer hocam Sayın Prof. Dr. Kenan TURGUT'a ve beraber uzun yıllar çalışma şansı elde ettiğim, akademik hayatımın her aşamasında kıymetli desteğini ve tecrübelerini her daim yanıbaşında hissettiğim saygıdeğer hocam Sayın Prof. Dr. İlknur POLAT'a sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Çalışmalarım süresince bana her türlü imkanı sunan, kapılarını samimiyetle ardına kadar açarak ihtiyaç duyduğum her an desteklerini esirgemeyen Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölüm Başkanlığı'na ve Bahçe Bitkileri Bölümü'nde görevli değerli hocalarıma sonsuz teşekkür ederim.

Çalışmamın başından sonuna dek, her ihtiyaç duyduğumda güler yüzü ve dostluğu ile yanımda olan, hakkını ödeyemeyeceğim çok kıymetli hocam, arkadaşım Sayın Doç. Dr. Tuğçe ÖZSAN KILIÇ'a desteği için çok teşekkür ederim.

Çalışmalarımı yürütebilmem için olanaklarını ve desteklerini sunan Batı Akdeniz Tarımsal Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü'ne çok teşekkür ederim.

Çalışmalarım süresince ihtiyaç duyduğum her zaman kıymetli zamanını ayırarak çok büyük destek veren ve birçok değerli çalışmada kendisiyle çalışma şansı edindiğim saygıdeğer hocam Sayın Doç. Dr. Hatice Filiz BOYACI'ya; gerçekten samimiyeti ve canayakınlığı ile çalışmalarım süresince her ihtiyaç duyduğumda bana değerli zamanını ayırarak ilgisini ve desteğini esirgemeyen Sayın Dr. Esra CEBECİ'ye çok teşekkür ederim.

Tez Savunma Jürisinde yer almayı içtenlikle kabul eden, kıymetli vaktini ayırarak değerli katkılarını esirgemeyen saygıdeğer hocalarım Sayın Prof. Dr. Halime ÜNLÜ ve Sayın Doç. Dr. Hatice Filiz BOYACI'ya teşekkürlerimi sunarım.

Tez çalışmam boyunca desteğini her zaman yanımda hissettiğim, değerli tecrübelerinden faydalandığım saygıdeğer hocam Sayın Prof. Dr. Ömür BAYSAL'a ve çok büyük desteklerini gördüğüm, samimiyetle kıymetli zamanını ayırarak ihtiyaç duyduğum zaman içtenlikle elimden tutan saygıdeğer hocam Sayın Doç. Dr. İbrahim ÇELİK'e şükranlarımı sunarım.

Tez çalışmamda yer alan analizlerimin başından sonuna dek takibini benimle birlikte yapan ve desteğini her zaman hissettiğim Sayın Gürcan ERENKUŞ'a çok teşekkür ederim.

İhtiyaç duyduğum her an manevi desteği ile sevgisini yanımda hissettiğim, tez çalışmamın başından sonuna kadar bilimsel katkıları ve tecrübesiyle de yanımda olan

sevgili eřim Dr. Serap Melike SÜLÜ'ye; manevi desteęi ve gösterdięi sonsuz sevgisi ile bana ve ailemize güç veren kayıinvalidem, sevgili annem Gülten İÇÖZ'e; sevgisini ve manevi desteęini benden hiç eksik etmeyen sevgili kızım Melek Dora SÜLÜ'ye minnettirim. Onlara ne kadar teşekkür etsem azdır.

Bugünlere gelmemde en büyük katkıları olan, ilgisi, sevgisi, maddi-manevi her daim verdięi destekler ile her durumda yanımda olan, bugünlerimin mimarı sevgili annem Nazik SÜLÜ, sevgili babam Seyfettin SÜLÜ ve kardeşim Melike BAKIR'a sonsuz minnet, şükran ve teşekkürlerimi sunarım.

Doktora uzun soluklu bir maraton koşusuymuş. Ben bu süreçte gördüm ki, finale erişmek için iyi bir koşucu olmak gerekiyor. Doktora eğitimimin başından sonuna kadar geçen zamana şöyle bir dönüp baktığımda, bu sürecin sonsuz emek, sabır ve özveri gerektirdiğini görüyorum. Bunu zaman zaman başarabildim ancak motivasyonumun azaldığı, moralimin bozulduğu zamanlar da oldu. Bu yolda yürürken başarısızlık ve hayal kırıklıkları da var. Ancak inişli çıkışlı bu yolda yanınızda birilerinin size manevi anlamda destek olması şarttır. Eğer ki bu kişiler sizin "aileniz" ise gerçekten çok şanslısınız. Belki tümüyle iyi maraton koşucusu değilim ama şanslı olduğumu düşünüyorum.

Bu sebeple, ilgi, sevgi ve destekleriyle nihayete erdirebildiğim bu tez çalışmasını çok kıymetli aileme ithaf ediyorum.

İÇİNDEKİLER

ÖZET	i
ABSTRACT	iii
ÖNSÖZ	v
AKADEMİK BEYAN	ix
SİMGELER VE KISALTMALAR	x
ŞEKİLLER DİZİNİ	xii
ÇİZELGELER DİZİNİ	xiii
1. GİRİŞ	1
2. KAYNAK TARAMASI	6
2.1. Verticillium Solgunluğuna Dayanıklılık İle İlgili Çalışmalar	6
2.2. Patlıcanda Verticillium Solgunluğuna Dayanıklılık İle İlgili Çalışmalar	8
2.3. QTL Haritalama Çalışmaları	10
2.4. Bitki Islahında Tüm Genom Analizi Çalışmaları	13
3. MATERYAL VE METOT	15
3.1. Materyal	15
3.1.1. Bitkisel materyal	15
3.1.2. Çalışmada kullanılan besiyerleri ve içerikleri	15
3.1.3. Diğer kimyasallar, cihazlar ve alet ekipmanlar	15
3.2. Metot	15
3.2.1. Populasyonun oluşturulması	15
3.2.2. F ₂ populasyonunun Verticillium'a karşı reaksiyonlarının belirlenmesi	16
3.2.3. Genomik DNA izolasyonu	17
3.2.4. SSR analizleri	18
3.2.5. Genetik bağlantı analizi	22
3.2.6. Kantitatif karakter lokusu analizi	22
3.3. Tüm Genom Analizi	22
4. BULGULAR ve TARTIŞMA	23
4.1. F ₂ Populasyonlarının Verticillium'a Karşı Reaksiyonlarının Belirlenmesi	23
4.2. Genomik DNA İzolasyonu	25
4.3. SSR ve QTL Analizleri	25
4.4. Tüm Genom Analizi Çalışmaları	34

5. SONUÇLAR	40
6. KAYNAKLAR	42
7. EKLER.....	51
ÖZGEÇMİŞ	



AKADEMİK BEYAN

Doktora Tezi olarak sunduğum ‘‘Patlıcanda (*Solanum melongena* L.) *Verticillium* Solgunluğuna Dayanıklılığın Kalıtımı Üzerine Araştırmalar’’ adlı bu çalışmanın, akademik kurallar ve etik değerlere uygun olarak yazıldığını belirtir, bu tez çalışmasında bana ait olmayan tüm bilgilerin kaynağını gösterdiğimi beyan ederim.

07 / 05 /2025

Görkem SÜLÜ



SİMGELER VE KISALTMALAR

Simgeler

mg	: Miligram
g	: Gram
kg	: Kilogram
L	: Litre
ml	: Mililitre
µl	: Mikrolitre
µM	: Mikromolar
ng	: Nanogram
%	: Yüzde
°C	: Santrigrat derece
M	: Molarite
ha	: Hektar
M	: Metre
cm	: Santimetre
cM	: Santimorgan
rpm	: Dakikadaki devir sayısı

Kısaltmalar

AÜ : Akdeniz Üniversitesi

AFLP : Çoğaltılmış Parça Uzunluk Polimorfizmi (Amplified Fragment Length Polymorphism)

BATEM : Batı Akdeniz Tarımsal Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü

CTAB : Cetyltrimethylammonium bromide

DNA : Deoxyribonucleic Acid

FAO : Food and Agriculture Organization

GBS : Genotyping by Sequencing

NGS : Next Generation Sequencing

MAS : Markır Aracılığıyla Seleksiyon

PCR : Polimeraz Zincir Reaksiyonu

PDA : Patates Dekstroz Agar

RAPD : Randomly Amplified Polymorphic DNA

RNA : Ribo Nükleik Asit

SNP : Simple Nucleotide Polymorphism

YND : Yeni Nesil Dizileme

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 1.1. Dünya patlıcan üretim verileri	1
Şekil 1.2. Bölgelere ait patlıcan üretim miktarları	2
Şekil 1.3. <i>V. dahliae</i> 'nin, a. yaprakta; b. gövdede oluşturduğu belirtiler	3
Şekil 3.1. <i>V. dahliae</i> izolatının, a. katı besi ortamında; b. sıvı besi ortamındaki görünümü	16
Şekil 3.2. Testleme çalışmalarına ait görüntüler	16
Şekil 3.3. F ₂ populasyonuna ait fidelerin testleme sonrası görünümleri	17
Şekil 3.4. a. Yaprak örneklerinin parçalanması; b. örneklerin inkübe edilmesi.....	18
Şekil 3.5. a. PCR analizi; b. PCR ürünlerinin jele yüklenmesi	18
Şekil 4.1. <i>V. dahliae</i> inokulasyonu sonrası meydana gelen hastalık belirtileri.....	23
Şekil 4.2. EM114 primerinin jel görüntüsü	26
Şekil 4.3. Emb01A21 primerinin jel görüntüsü	26
Şekil 4.4. Emf1I02 primerinin jel görüntüsü	27
Şekil 4.5 Emh21J12 primerinin jel görüntüsü	27
Şekil 4.6. CSM21 primerinin jel görüntüsü	28
Şekil 4.7. Emh02E08 primerinin jel görüntüsü	28
Şekil 4.8. Emg01B17 primerinin jel görüntüsü	29
Şekil 4.9. Emh05B02 primerinin jel görüntüsü	29
Şekil 4.10. LS1934xLS2436 populasyonu için yapılan QTL analiz sonuçları	32
Şekil 4.11. LS2436xLS1934 populasyonu için yapılan QTL analiz sonuçları	32
Şekil 4.12. Tüm genom analizi sonucunda oluşturulan genom haritası	37
Şekil 4.13. Indel markırların kromozom üzerindeki dağılımı (Dayanıklı-LS2436)	39
Şekil 4.14. Indel markırların kromozom üzerindeki dağılımı (Hassas-LS1934).....	39
Şekil 4.15. SNP markırların kromozom üzerindeki dağılımı (Dayanıklı-LS2436)	40
Şekil 4.16. SNP markırların kromozom üzerindeki dağılımı (Hassas-LS1934)	40

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 3.1. Projede kullanılan melez populasyonlar	15
Çizelge 3.2. Hastalık belirtilerinin değerlendirilmesinde kullanılan 0-4 skalası	17
Çizelge 3.3. SSR analizleri için uygulanan PCR içeriği ve döngü koşulları	19
Çizelge 3.4. SSR primerlerinin sekans dizilimi	20
Çizelge 4.1. LS1934xLS2436 populasyonu için oluşturulan LOD skor değerleri	33
Çizelge 4.2. LS2436xLS1934 populasyonu için oluşturulan LOD skor değerleri	34



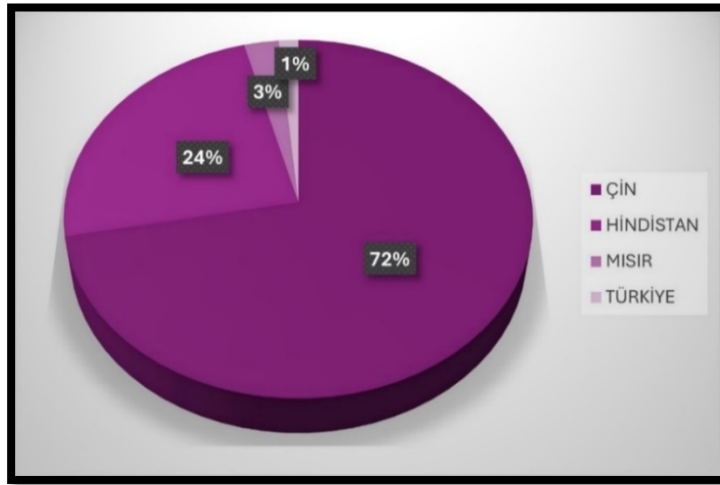
1. GİRİŞ

Patlıcan, Solanaceae familyası içerisinde *Solanum melongena* L. adıyla isimlendirilen, patates ve domatesten sonra üçüncü önemli sebzedir (Doğanlar vd., 2002). İklim şartlarına göre ılıman iklimlerde tek yıllık, tropik bölgelerde ise ufak ağaç formunda gelişim gösteren ve çok yıllık bir sebze türü olan patlıcan bitkisinin yetiştiriciliği genellikle 15-35°C arasında yapılmaktadır (Anonymous, 2000).

Patlıcan bitkisinin menşei hakkında farklı kaynaklar mevcuttur. İlk kez milattan önce 5.yy'da Hindistan'da kültüre alındığı ve buradan dünyaya yayıldığı belirtilmekte ise de, bazı kaynaklar tarafından 2.yy'da Çin'de üretiminin yapıldığı ve buradan dünyaya yayıldığı bildirilmektedir. Dolayısıyla, patlıcan bitkisinin kaynağı konusunda henüz fikir birliği yoktur. Anadolu'ya girişinin ise, 16. ve 17 yy.'da Hindistan'a ticaret yapmak amacıyla giden Avrupalılar aracılığıyla gerçekleştirildiği düşünülmektedir (Chapman, 2000).

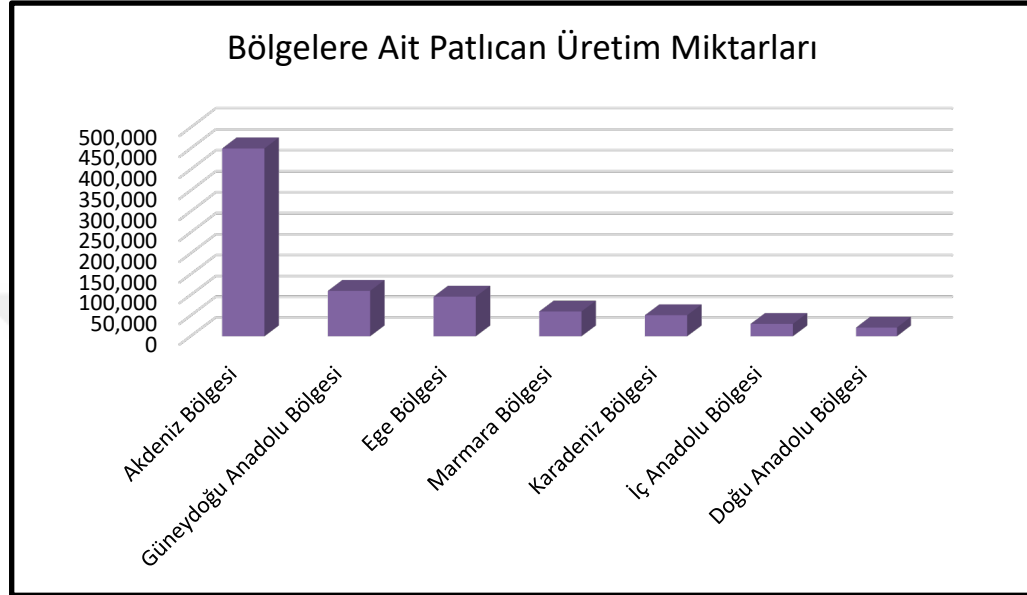
Patlıcan, Solanaceae familyasında patates ve domatesten sonra en çok yetiştiriciliği yapılan türdür. Patlıcanın çok zengin besin içeriğine sahip bir sebze türü olduğu bilinmektedir. Kültüre alınan patlıcan türleri içerisinde yemeklik patlıcan olarak en çok üretimi yapılan tür, *Solanum melongena* L.'dir. Ülkemizde kuru ve taze olarak kullanılarak farklı şekillerde tüketimi yapılmaktadır. Turşusu ve reçeli yapılarak yemeklik haricinde de tüketilmektedir. Ayrıca, içeriğinde yüksek lif ve antioksidan bulunması nedeniyle son yıllarda popüler olan vegan tipi beslenmede de yaygın olarak kullanılmaktadır (Anonymous, 2000).

Birleşmiş Milletler Gıda ve Tarım Örgütü (FAO) tarafından yayınlanmış olan verilere göre, dünyada 2022 yılında 1.793.98 hektar alanda, 59.346.227 ton patlıcan üretilmiştir. Çin, ekim alanı ve patlıcan üretimi bakımından lider ülke konumunda olup, 780.675 hektar alanda 38.318.000 ton patlıcan üretimi gerçekleştirmektedir. Dünya patlıcan üretiminin % 64,6'sı Çin'den karşılanmaktadır. Hindistan 664.000 hektar üretim alanı ve 12.765.000 ton üretim miktarıyla dünya patlıcan üretiminde ikinci sıradadır. Çin ve Hindistan, dünya patlıcan üretiminde % 86,8'lik bir paya sahiptir (FAO, 2022) (Şekil 1.1).



Şekil 1.1. Dünya patlıcan üretim verileri (FAO, 2022)

Türkiye, 781.242 ton patlıcan üretimiyle Çin, Hindistan ve Mısır'dan sonra dördüncü sırada yer almaktadır (FAO, 2022). 2022 yılında, Türkiye'de 781.242 ton patlıcan üretimi gerçekleşmiştir. Bölgesel açıdan incelendiğinde, en çok patlıcan üretimi 450.140 ton ile Akdeniz Bölgesi'ne aittir. Bunun yanı sıra, Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nde 110 bin ton, Ege Bölgesi'nde 96 bin ton, Marmara Bölgesi'nde 60 bin ton, Karadeniz Bölgesi'nde 51 bin ton, İç Anadolu Bölgesi'nde 30 bin ton ve Doğu Anadolu Bölgesi'nde yaklaşık 21 bin ton patlıcan üretimi gerçekleşmiştir (Şekil 1.2).



Şekil 1.2. Bölgelere ait patlıcan üretim miktarları (TÜİK, 2023)

İller bazında Antalya, 202.601 ton üretim miktarı ile ülkemiz patlıcan üretiminde en büyük paya sahip olup, 181.493 ton üretim ile Mersin ikinci sıradadır. Bu iki ilin toplam patlıcan üretimindeki payı % 43,4'tür. Ayrıca patlıcan üretimi, Samsun, Balıkesir, Muğla, Adana, Bursa, Gaziantep, Hatay, İzmir ve Şanlıurfa'da da gerçekleştirilmektedir. Üretimin % 46,7'si örtü altında yapılmakta olup, yetiştiricilik sahil kesiminde yoğunlaşmıştır (TÜİK, 2023).

Ülkemiz örtüaltı patlıcan yetiştiriciliğini sınırlandıran en önemli sorunların başında, biyotik stres faktörleri gelmektedir. Toprak kökenli solgunluk patojeni *Verticillium dahliae* Kleb. (Bhat ve Subbarao, 1999)'nin neden olduğu Verticillium solgunluğu, ülkemiz patlıcan üretim alanlarında üretimi sınırlayan en önemli bitki hastalıklarından biridir (Altınok vd., 2012, Derviş vd., 2009).

V. dahliae, 200'den fazla dikotiledon türde hastalık yapabilen oldukça geniş konukçu dizisine sahip fungal bir patojendir (Inderbitzin ve Subbarao, 2014; Berg vd., 2001; Land., 2017). İlk olarak 1970 yılında Türkiye'de patlıcan bitkisinin solgunluk patojeni olarak rapor edilmiştir (Kamal ve Saydam, 1970). Patojen, toprakta canlılığını uzun süre koruyabilmekte ve ortam koşulları etmen için uygun olduğunda ekimi yapılan bitkilerde hastalık belirtileri gözlenebilmektedir. Hastalık etmeninin enfeksiyona neden olan mikrosklerotlarının olumsuz çevre koşullarında 6 yıldan fazla dormant olarak kalabildiği rapor edilmiştir (Pegg ve Brady, 2002). Patojen, solgunluk belirtileri gösteren bitkilerden sulama yolu ile diğer sağlıklı bitkilere, dolayısıyla geniş alanlara yayılmakta

ve ciddi verim kayıplarına neden olmaktadır. Hastalık, ülkemiz dışında da patlıcan üretimini önemli ölçüde kısıtlamakta olup hem açıkta hem de örtüaltı yetiştiriciliğinde zarar oluşturmaktadır. Bletsos vd., (2003) ve Tani vd., (2018), *V. dahliae*'nin görüldüğü üretim alanlarında % 50'nin üzerinde ürün kaybı olabileceğini belirtmişlerdir.

Verticillium dahliae ilk kez 1816'da Hypomycetes sınıfı içinde tanımlanmıştır. Patojenin yaşam döngüsü dormant, parazitik ve saprofitik olmak üzere 3'e ayrılır. Çevre koşullarının olumsuz olduğu kış aylarında toprakta ya da bitki artıklarında mikrosklerot formundadır. Uygun ortam şartlarının oluşması halinde mikrosklerot formundan çıkarak bitkiyi enfekte edebilecek seviyede virulent hale gelmektedir. Mikrosklerot yapısından gelişen hifler, bitkinin kök kısmından giriş yapar. Meristeme giriş yapan patojen hücre içi ve hücreler arasında ilerleyerek iletim demetlerine ulaşır ve ksilem dokusunda kolonize olduktan sonra üretmiş olduğu konidiler ksilem akımı içinde bitkinin diğer kısımlarına taşınır. *Verticillium dahliae*'nin iletim dokusunda kolonize olmasından sonra, bitki etmeninin daha fazla ilerlemesini önlemek amacıyla tylose maddesini salgılar. Bunun sonucunda iletim demetleri tıkanır ve bitki odun dokusu renk değiştirirerek, kahverengileşir. Su ve bitki besin elementlerinin taşınamamasına bağlı olarak yaprakların solmasına ve en nihayetinde bitkinin kurumasına neden olur (Şekil 1.3).



Şekil 1.3. *V. dahliae*'nin, **a.** yaprakta; **b.** gövdede oluşturduğu belirtiler

Verticillium solgunluğunun belirtileri, yaprağın alt kısımlarından başlayarak yaprağın üst kısımlarına doğru ilerleyen solgunluk şeklinde görülmektedir. *Fusarium* solgunluğu belirtisi ise, yalnızca patlıcan bitkisinde alt yapraklardan üst yapraklara doğru gerçekleşmekte olup bu yönüyle *Verticillium* solgunluk belirtileriyle karıştırılmaktadır (Miller vd., 1996). Bu sebeple, belirtilerin tipi iki patojenin ayrımını zorlaştırmaktadır. *V. dahliae*'nin *Fusarium* solgunluk belirtileri ile kolayca karıştırılmasının bir diğer sebebi

de hastalık belirtilerinin belirlenmesinin zor olmasıdır. Bu etmenleri birbirinden ayıran en karakteristik özellik, iletim demetlerinde oluşturdıkları belirtilerdir (Snyder ve Smith, 1981; Stravato vd., 1993). Hastalıklı bitkilerin yaprağında görülen kahverengileşme, *Fusarium* solgunluğunda floem dokusunda meydana gelirken, *Verticillium* solgunluğunda ise iletim demetlerinde sınırlıdır (Stravato vd., 1993; Altınok ve Kamberoğlu, 2005).

Patojenin kontrolünde, enfekteli olmayan toprak ve bitki ile düzenli sulama yapmak suretiyle toprakta ani sıcaklık düşüşlerinin engellenmesi, sıcaklığın yüksek olduğu ve yetiştiriciliğin yapılamadığı dönemde solarizasyon uygulamaları, patojen ile enfekte olmuş bitkilerin üretim alanından uzaklaştırılması, sıra ekim nöbeti ve dayanıklı çeşit kullanımı kullanılan başlıca kültürel yöntemler arasındadır.

Bitki hastalık etmenleri ile mücadele kapsamında kullanılan kimyasalların çevre, insan ve hayvan sağlığını olumsuz yönde etkilemesinin yanı sıra, özellikle toprak kökenli patojenlerin kontrolünde kullanılan toksik kimyasalların kullanımı topraktaki mikrobiyolojik dengeye zarar vermektedir. Esasında en etkili ve kolay yöntem olarak görülmekle birlikte, kimyasalların uygulama zamanlarının doğru belirlenememesi, gereksiz ve aşırı dozda kullanımı, patojenlerin kontrolünü güçleştirmekte, bu da kalıntı sorununa ve pestisitlere dirençli patojen ırklarının ortaya çıkmasına neden olmaktadır.

V. dahliae'ye karşı etkili bir mücadele yöntemi yoktur. Kültürel yöntemlerle veya tarım ilaçları kullanarak yapılan mücadele hastalık etmenine karşı etkin olmadığı gibi kalıcı ve ekonomik de değildir. Yetiştiricilik esnasında üreticiler tarafından alınan kültürel önlemler de hastalığın çıkışını ve yayılmasını yavaşlatıcı rol oynamakta ancak hastalık ile etkin mücadelede yetersiz kalmaktadır. Bu durum, patojene karşı dayanıklı çeşitlerin geliştirilmesini ve biyolojik dengeyi korumaya yönelik araştırmalar yapılmasını zorunlu kılmaktadır (Yücel, 1989).

Gerek dünyada gerekse ülkemizde patlıcan yetiştiriciliğinde önemli ekonomik kayıplara neden olan *V. dahliae* etmenine yönelik dayanıklı çeşitler elde etmek amacıyla ıslah çalışmaları başlatılmıştır. Kimyasal kontrolün olumsuz etkileri nedeniyle güvenilir bir direnç kaynağına derhal ihtiyaç duyulmuştur (Scott, 2005). Yapılan çalışmalar kapsamında, bazı yabancı *Solanum* türlerinde (*S. linnaeanum*, *S. aculeatissimum*, *S. sisymbriifolium*) patojene karşı dayanıklılık tespit edilmiştir (Collonnier vd., 2001) fakat patlıcanda *Verticillium* solgunluğuna dayanıklı bir kültür çeşidi bulunmamaktadır.

Kültüre alınmış patlıcan genotiplerinin *Verticillium* solgunluğuna karşı reaksiyonlarının belirlenmesine yönelik yapılan başka bir çalışmada ise, aynı zamanda tez çalışmamızda da genitör olarak kullanılan LS2436 genotipinin *V. dahliae*'ye karşı dayanıklı olduğu rapor edilmiştir (Sakata vd., 1986).

Dayanıklılık ıslahı çalışmalarında, *Verticillium* solgunluğuna karşı yapılan klasik testlemelerin uzun zaman alması, çevre koşullarından etkilenmesi ve yapılacak çalışmalar süresince etmenin virulensliğinin korunması uzmanlık gerektirmektedir. Dolayısıyla, dayanıklılık ıslahı çalışmalarında klasik testlemeler tek başına güvenilir olmamakla birlikte, bu yöntem ile alınacak verilerin moleküler yöntemlerle doğrulanması önem arz etmektedir.

Dayanıklılık ıslahı çalışmalarında, MAS (Markır Aracılığıyla Seleksiyon) kullanımıyla kısa zamanda güvenilir sonuçlar elde edilebilmektedir. Moleküler markırlar, genetik farklılığın belirlenmesinde kullanılabilirler ancak markır bilgisi fenotipik ve fizyolojik karakterlerle ilişkilendirilmediğinde ıslah çalışmalarında kullanımı yetersizdir (Paterson, 1996). Literatürde, *V. dahliae* etmenine karşı dayanıklılık ile ilişkili markır geliştirmeye yönelik farklı çalışmalar mevcuttur (Sciancalepore vd., 2002; Liu vd., 2015; Toppino vd., 2016). Bu konuda yürütmüş olduğumuz **TAGEM/BBAD/B/20/A1/P1/1524** no'lu proje kapsamında, Liu vd. (2015), tarafından geliştirilen SIVR844 markırı BATEM (Batı Akdeniz Tarımsal Araştırma Enstitüsü) gen havuzunda yer alan 50 adet patlıcan genotipine denenmiştir. Klasik ve moleküler testleme sonuçları karşılaştırıldığında, bazı dayanıklı ve hassas genotiplerin ayrımı yapılamamıştır. Dolayısıyla, *Verticillium* solgunluğuna karşı gen havuzundaki ıslah hatlarına özgü yeni markır/markırların geliştirilmesi büyük önem arz etmektedir.

Bu doğrultuda ve bu yaklaşım ile hazırlanan ve burada sonuçları sunulan tez çalışmasında, patlıcanda *Verticillium* solgunluğuna karşı dayanıklı çeşit geliştirme çalışmalarında dayanıklı bireylerin belirlenmesinde kullanılabilecek yeni markır(lar)ın geliştirilmesi hedeflenmiştir.

Bu hedefe yönelik yapılan çalışmanın amacı; (i) *Verticillium* solgunluğuna dayanıklılık özelliklerini kontrol eden genlerin SSR markırları kullanılarak lokuslarda taranması ve QTL haritalamasının yapılması, (ii) MAS amaçlı kullanılmak üzere *Verticillium* solgunluğuna dayanıklılık ile ilişkili markır/markırların geliştirilmesi, (iii) dayanıklı ve hassas olarak kullanılan ebeveynlerin tüm genom analizi yapılarak SNP ve Indel markırların haritalamasının yapılmasıdır.

2. KAYNAK TARAMASI

2.1. Verticillium Solgunluğuna Dayanıklılık İle İlgili Çalışmalar

Tjamos ve Beckman (1989), Verticillium solgunluğu hastalığının *V. dahliae*'nin neden olduğu, toprak kaynaklı bir hastalık olduğunu ve domates (*S. lycopersicum*), patates (*S. tuberosum*), pamuk (*Gossypium* türleri), yonca (*Medicago sativa*) ve nane (*Mentha piperita*) gibi ekonomik açıdan önemli ürünlerde de ekonomik kayıplara neden olduğunu bildirmişlerdir.

Verticillium solgunluğuna karşı etkin bir kimyasal mücadele yöntemi bulunmamaktadır. Dolayısıyla, mücadele kapsamında kültürel önlemler öne çıkmaktadır. Ancak, hastalığın engellenmesine yönelik yapılan uygulamalar yeterince etkili olmadığı gibi kalıcı ve ekonomik de değildir. Yetiştiricilik esnasında yapılan kültürel uygulamalar hastalığın çıkışı ve yayılmasında yavaşlatıcı bir etkiye sahip olup, hastalığa karşı dayanıklı çeşit kullanımı kimyasal ve kültürel önlemlere göre daha etkili bir mücadele yöntemidir.

Lopez vd. (2004), 23 önemli zeytin çeşidinin *V. dahliae*'ye dayanıklılığını kontrollü koşullar altında yapılan dört testlemlerle değerlendirmişlerdir. Dokuz aylık zeytin fidanları, *V. dahliae*'nin yaprak döken ve dökmeyen patotipi ile enfekte edilmiştir. Çalışmada, hastalık şiddeti, 0-4 derecelendirme skalası kullanılarak değerlendirilmiştir. Değerlendirilen çeşitlerin çoğu, farklı düzeylerde de olsa, *V. dahliae*'nin her iki izolatına hassas bulunmuştur.

Bolek vd. (2005), tarafından yapılan bir çalışmada, pamukta Verticillium'a karşı dayanıklı Pima S-7, *Gossypium barbadense* cv. ve hassas Acala 44'ün türler arası melezlemesinden F₂ populasyonu elde edilmiştir. SSR markırları kullanılarak 531 cM'yi kapsayan, ortalama mesafesi 15,17 cM olan genetik harita oluşturulmuştur. Sonuç olarak, 15 SSR markırının hastalığa karşı dayanıklılık ile önemli ölçüde ilişkili olduğu ve markırların 10, 11, 12 ve 25 numaralı kromozomlarda dağılım gösterdiği bildirilmiştir.

Markakis vd. (2010), zeytinde Verticillium'a hassas zeytin çeşidi Amfissis ve dayanıklı Koroneiki çeşidinin *V. dahliae* enfeksiyonuna karşı savunma mekanizmalarını araştırmışlardır. Çalışma sonucunda, verbascoside düzeyleri Koroneiki ağaçlarında Amfissis ağaçlarına kıyasla belirgin şekilde daha yüksek bulunmuştur. Literatürde ilk kez, verbascoside'in zeytin ağaçlarının *V. dahliae*'ye karşı savunma mekanizmasında rol oynadığı bildirilmiştir.

Hayes vd. (2011) tarafından, *V. dahliae*'nin Irk 2 izolatlarına dayanıklı marul genotiplerini belirlemek için iki bağımsız populasyondan oluşan toplam 314 bitkinin testlemesi yapılarak hastalık şiddeti değerlendirilmiştir. Sonuçlar incelendiğinde, dört marul genotipinin (PI-169511, PI-171674, PI-204707 ve PI-226641) patojene karşı kısmi dayanıklı olduğu bulunmuştur. Kısmi dayanıklılığa sahip genotiplerin *V. dahliae*'nin Irk 2 izolatına karşı dayanıklı çeşitlerin geliştirilmesi amacıyla dayanıklı genitör olarak kullanılabileceği önerilmiştir.

Trapero vd. (2015), zeytinde açık tozlaşma ile elde edilen *Olea* türleri ve *Olea europaea* alt türleri arasındaki melezlemelerden elde edilen 6017 genotipi *Verticillium* solgunluğuna dayanıklılık açısından ayrı ayrı değerlendirmişlerdir. Çalışma sonucunda, belirtilerin oluşmamasına bağlı olarak 800'den fazla genotip hastalığa dayanıklı bulunmuştur.

Shi vd. (2016), toplam 95 ıspanak genotipini *Verticillium* solgunluğuna dayanıklılık açısından değerlendirmişlerdir. Çalışmada, *Verticillium* solgunluğunun hastalık şiddeti 0-4 skalası kullanılarak hesaplanmıştır. Genotipleme, dizileme yoluyla genotipleme (GBS) ile 2.878 SNP kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Beş SNP markırı, % 9,3 ila % 18,2 arasında R kare değerleriyle *Verticillium* solgunluğuna dayanıklılık ile ilişkili olarak tanımlanmıştır. Dayanıklılık ile ilişkilendirilen markırların, ıspanak ıslahı çalışmalarında *Verticillium* solgunluğuna dayanıklı bireylerin belirlenmesi amacıyla kullanılabileceği önerilmektedir.

Song vd. (2017), domatestte *Verticillium* solgunluğuna karşı dayanıklılıkta rol oynayan *Ve1* genlerinin, tütün (*Nicotiana tabacum*) ve pamuk (*Gossypium hirsutum*) bitkilerine aktarıldıktan sonra dayanıklılık sağlanıp sağlanmadığını araştırmışlardır. *Ve1* geni ifade eden transgenik tütün ve pamuk bitkilerinin, *Ave1*'e bağımlı bir şekilde *Verticillium* solgunluğuna karşı dayanıklı bulunmuştur. Bununla birlikte, *Ve1* geni aktarılan transgenik dayanıklı bitkilerin *Verticillium* solgunluğuna karşı ıslah çalışmalarında **donör olarak** kullanılabileceği önerilmiştir.

Li vd. (2019), patatestte *Verticillium* solgunluğuna neden olan *V. dahliae* (Vdp83) ve *Verticillium nonalfalfae* (Vnp24)'ye karşı 30 ticari patates çeşidini klasik olarak testlemişlerdir. Çalışma sonunda, *V. dahliae* (Vdp83)'ye dayanıklı olarak belirlenen çeşitlerin, birkaç istisna dışında *Verticillium* solgunluğuna karşı da dayanıklılık gösterdiği bildirilmiştir.

Zhao vd. (2021), pamukta (*Gossypium hirsutum*) *Verticillium* solgunluğu hastalığına dayanıklılığın genetik temelini anlaşılmamasını kolaylaştırmak için genom çapında bir ilişki çalışması (GWAS), QTL-seq ve transkriptom dizilemesi gerçekleştirmişlerdir. GWAS ile belirlenen 5 QTL'in, daha önce dayanıklılık ile ilişkili olduğu bildirilen QTL'ler ile birebir örtüştüğü bildirilmiştir.

Vermulen vd. (2022), dayanıklı olduğu bildirilen yabancı domates türlerinden (*Solanum pimpinellifolium* ve *Solanum cheesmanii*) RIL populasyonları geliştirmişlerdir. Çalışmanın sonuçlarına göre, G1.1596 RIL populasyonunda hiçbir QTL belirlenememiştir. Dolayısıyla, genotipik veriler ile testleme sonucu elde edilen fenotipik veriler ilişkilendirilememiştir.

Yu vd. (2024), ayçiçeğinde 231 kültür hattında *V. dahliae*'ye karşı ayçiçeği dayanıklılığını kapsamlı bir şekilde araştırmışlardır. *V. dahliae*'ye dayanıklılık ile ilişkili 148 kantitatif özellik lokusu (QTL) ve 23 varsayımsal gen belirlenmiştir. Çalışma sonunda, *V. dahliae*'ye karşı dayanıklılığın poligenik kalıtım gösterdiği ifade edilmiştir.

2.2. Patlıcanda *Verticillium* Solgunluğuna Dayanıklılık İle İlgili Çalışmalar

Gerek dünyada gerekse ülkemizde patlıcan yetiştiriciliğinde önemli bir sorun olan *V. dahliae* etmenine karşı dayanıklı çeşitler geliştirmek amacıyla ıslah programları başlatılmıştır. Klasik testleme yönteminin ıslah çalışmalarında yarattığı bazı dezavantajlar nedeniyle, daha kısa sürede, etkin ve güvenilir sonuçlar elde edilen MAS amaçlı moleküler markırların kullanımı artmıştır. Geçmişten günümüze kadar *Verticillium* solgunluğuna karşı klasik ve moleküler birçok çalışma mevcuttur.

Garibaldi vd. (2005), yapmış oldukları survey çalışmasında anaç *Solanum torvum* üzerine aşılınmış patlıcanlarda solgunluk hastalığını tespit etmişlerdir. İlk yıl solgunluk belirtileri, çeşitli seralarda düşük bir oranda (% 0,01 ile % 0,05) ortaya çıkmıştır. 2004 sonbaharında ise, aynı seralarda hastalık görülme sıklığı yaklaşık on kat artmıştır. *S. torvum*'un nematoda dayanıklı anaçlarına aşılınmış patlıcanın kök-ur nematodunu kontrol etmek için kullanılabileceğini, *V. dahliae* ile bulaşık olan topraklarda ise *Solanum torvum* üzerine aşılınmış patlıcanların kullanımının uygun olmadığını bildirmişlerdir.

Başay (2006) tarafından, K-1 ile DK-5 çeşitlerinin melezlemesi sonucunda elde edilen 390 adet F₂ bitkisi *Verticillium*'a karşı klasik olarak testlenmiştir. Testleme sonucunda, bitkilerin % 55'inde hastalık şiddeti % 2 ile % 6 arasında değişirken, % 45'inde ise hastalık şiddeti % 36 ile % 44 arasında değişim göstermiştir.

Guo vd. (2015) tarafından, patlıcan genetik kaynaklarının *Verticillium* solgunluğuna karşı dayanıklılığını değerlendirmek ve hastalıklara dayanıklı patlıcan ıslahı için temel oluşturmak amacıyla yürütülen bir çalışmada 14 patlıcan genetik materyali toplanmış, daha sonra köklere yapay inokulasyon yapılarak *Verticillium* solgunluğuna karşı dirençleri belirlenmiştir. *Verticillium nigriscens* ile aşılınmış patlıcan genotipleri arasından 11 tanesi bağışıklık ve hastalık dayanıklılığı göstermiş olup, bu rakam toplam genotiplerin % 78,57'sini oluşturmuştur. *V. dahliae* izolatu ile aşılınmış patlıcan genotipleri arasında 5 tanesi yüksek derecede dayanıklılık göstermiş olup, bu da toplam genotiplerin % 38,46'sını oluşturmuştur. Sonuç olarak, *S. sisymbriifolium*, *S. integrifolium* ve *S. melongena*'nın, *Verticillium* solgunluğuna karşı yüksek dayanıklılık gösterdiği ve ıslah çalışmalarında dayanıklılık kaynağı olarak kullanılabileceği sonucuna varılmıştır.

Zhou vd. (2016), *V. dahliae*'ye karşı savunma yanıtını daha iyi anlamak için enfeksiyona yanıt olarak *S. aculeatissimum* köklerinden transkriptom analizi gerçekleştirmişlerdir. *V. dahliae* ile enfekte edilmiş *S. aculeatissimum*'un gen ekspresyon profilleri, enfekte olmamış bitkilerin profilleriyle karşılaştırılmış ve 11,696 yukarı regüle edilmiş ve 5,949 aşağı regüle edilmiş gen tanımlanmıştır. Dayanıklılık genleri (R-genleri), fenilpropanoid yol ile ilişkili genler, patogenez ile ilişkili proteinleri (PR'ler) kodlayan genler ve transkripsiyon faktörleri dahil olmak üzere *V. dahliae* direnci ile ilişkili bazı genler tanımlanmıştır.

Tani vd. (2018) tarafından yapılan bir çalışmada, patlıcan bitkilerinin tek başına bireysel streslerin uygulanması açısından eş zamanlı *V. dahliae* enfeksiyonuna ve kuraklığa verdiği tepkileri incelenmiştir. *V. dahliae*'ye karşı orta düzeyde dayanıklılığa sahip iki patlıcan çeşidi (Skoutari ve EMI), 3 haftalık bir süre boyunca birleşik strese tabi tutulmuştur. Birleşik ve bireysel streslere maruz kalan bitkiler arasında bitki

büyümesinde, çeşitli fizyolojik ve biyokimyasal parametrelerde (fotosentez hızı, yaprak gazı değişimleri, malondialdehit, prolin) ve gen ifadesinde önemli farklılıklar bulunmuştur. Ayrıca, bitki büyümesi ve moleküler (lipit peroksidasyonu, hidrojen peroksit, gen ifadesi seviyeleri) değişiklikler, eş zamanlı *V. dahliae* enfeksiyonu ve kuraklığa yanıt olarak iki kültür çeşidi arasında anlamlı bir fark bulunmuştur.

Yang vd. (2019) tarafından yapılan çalışmada, *Verticillium* etmeni ile enfekte olmuş patlıcanların transkriptom analizi yapılmıştır. Sırasıyla 6. saatte (V6), 12. saatte (V12), 24. saatte (V24) ve 48. saatte (V48) toplam 480, 518, 887 ve 1046 *Verticillium* solgunluğu ile ilişkili farklı şekilde ifade edilen genler belirlenmiştir. Eksprese olan genlerin büyük çoğunluğunun amino asit taşınımı ve metabolizması, sistoskeleton ve hücre hareketliliğinde görev aldığı ortaya konulmuştur.

Çolak Ateş (2020) tarafından, Türkiye’de patlıcan üretimini sınırlayan *Verticillium* solgunluk hastalığına karşı ıslah çalışmalarında kullanılmak üzere 42 patlıcan genotipinin direnç durumlarının belirlenmesine yönelik yapılan bir çalışmada, farklı patlıcan türlerine ait genotipler arasında *Verticillium dahliae*’ye karşı hastalık şiddetinin % 9,04-76,53 arasında değiştiği belirlenmiştir. Yapılan çalışma sonucunda, farklı türlere ait E4, E5, E7, E8, E10, E24, E33, E42 patlıcan genotipleri; *Solanum torvum*, *Solanum incanum*, *Solanum linnaeanum*, *Solanum aethiopicum*, *Solanum sisymbriifolium* ve *Solanum americanum*’un % 7,98-9,87 oranında hastalık şiddetine dayanıklı olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca 22 patlıcan genotipinin orta düzeyde dayanıklı ve 13 patlıcan genotipinin hassas gruplarda olduğu belirlenmiştir.

Pang vd. (2021), *V. dahliae*’ye karşı patlıcanın verdiği yanıt mekanizmalarını araştırmışlardır. Patlıcan fidelerinin 3 yapraklı aşamada *V. dahliae* ile enfekte edilmesinden sonra, bitki büyümesinde önemli bir baskılanma kaydedilmiş ve süperoksit dismutaz, peroksidaz ve polifenoloksidaz aktiviteleri arttığı gözlemlenmiştir. Kantitatif gerçek zamanlı PCR ile elde edilen sonuçlar incelendiğinde, savunmayla ilişkili dört genin enfeksiyondan sonra genel olarak yukarı regüle edildiği tespit edilmiştir.

Sülü vd. (2022) tarafından yapılan çalışmada, *F. oxysporum* f. sp. *melongenae* (FOM), *V. dahliae* ve *R. solanacearum*’a direnç kazandıran başlıca hastalık direnç genlerine özgül olarak bağlı markırlar, dayanıklılığı doğrulamak için ıslah materyalleri içeren bir popülasyonda test edilmiştir. Dirençli *Solanum melongenae* genotipleri LS1934 ve LS2436 ve bunların karşılıklı melezleri bu doğrulama çalışması için direnç kaynağı olarak kullanılmıştır. Çalışma sonucunda, SCAR426, CAPs_903 ve SIVR844 markırları, dayanıklılık genlerinin (Fomg, Ve ve ERs1) belirlenmesi için etkili bulunmuştur.

Doksöz Boncukçu vd. (2023), 4 yabani patlıcan türünün (*Solanum aethiopicum*, *S. incanum*, *S. macrocarpon*, *S. linnaeanum*), 3 kültür patlıcan çeşidinin (Anamur F₁, Pala, Yamula), 1 patlıcan anacının (Köksal F₁) ve 34 türler arası melezin *V. dahliae* ve *Fusarium oxysporum* f. sp. *melongenae*’ye karşı dayanıklılığını araştırmışlardır. Toplam 42 genotip arasında 18 genotipin *Verticillium*’a karşı orta derecede dayanıklı, 1 genotipin ise *Verticillium*’a karşı yüksek derecede dayanıklı olduğu bulunmuştur. Ayrıca, her iki hastalık etmenine karşı yüksek dayanıklılığa sahip *S. linnaeanum*’un hem çeşit hem de anaç geliştirme çalışmalarında dayanıklı genitör olarak kullanılabileceği bildirilmiştir.

Li vd. (2024), *Verticillium solgunluğuna* karşı dayanıklılığın moleküler temelini belirlemek için iki yabancı patlıcan çeşidini (LC-2 (yüksek dayanıklı) ve LC-7 (hassas)) fenotipik, transkriptomik ve metabolomik düzeylerde karşılaştırmışlardır. Bitkilerin *V. dahliae* ile enfekte edilmesinin ardından, LC-2'nin, LC-7'ye kıyasla önemli ölçüde daha yüksek polifenol oksidaz, süperoksit dismutaz, peroksidaz ve kitinaz aktiviteleri gösterdiği bulunmuştur. Bitki savunmasıyla ilgili olarak 13 transkripsiyon faktörü tanımlanmıştır.

2.3. QTL Haritalama Çalışmaları

QTL haritalama, mayoz bölünme esnasında kromozomların crossing-over ile genlerin ayrışması temeline dayanmaktadır. Birbiriyle çok yakın veya bağlı olan genler ebeveynlerden döllerle birlikte aktarılır. QTL haritalamanın ilk basamağı populasyonun oluşturulmasıdır. Populasyonun oluşturulması için birbirinden farklı özelliklere sahip ebeveynler seçilir ve melezleme yapılarak populasyonlar oluşturulur. Genetik haritalama için geri melez populasyonları, kendilenmiş hatlar ve F₂ populasyonları kullanılabilir. Haritalama populasyonu için bitki sayısı en az 100 ve üzerinde olmalıdır (Paterson vd., 1996). Bağlantı haritalarının oluşturulmasında farklı birçok markır sistemi (RFLP, AFLP, SSR, ISSR ve SNP) yaygın olarak kullanılmaktadır (Semagn vd., 2006). Moleküler markırların etkili olarak kullanıldığı alan, kompleks kalıtıma sahip ve birden çok gen tarafından kontrol edilen kantitatif karakterlerin (quantitative trait locus=QTL) ıslahı olmuştur. Çiçeklenme zamanı, kardeşlenme, bitki boyu, verim ve verim unsurları, bazı zararlı ve hastalıklara karşı dayanıklılık gibi birçok karakter kantitatif olarak kontrol edilmektedir.

Paterson vd. (1988) ve Lander ve Botstein (1989)'e göre, birden çok lokustaki genler tarafından kontrol edilmeleri, bununla birlikte her bir lokusun etki oranının farklı olması ve çevre koşullarından ciddi oranda etkilenmeleri nedeniyle, kantitatif karakterlerin (QTL) ıslah çalışmalarında klasik metotlarla belirlenmesi ve aktarımı oldukça zordur. Markırlar aracılığı ile yapılan yüksek çözünürlüklü genetik haritalar sayesinde rekombinant kendilenmiş ve özellikle katlanmış haploid hatlar gibi homozigot populasyonların farklı çevre koşullarında yetiştirilmesi neticesinde her bir lokusun etki oranı ve lokusların kromozomların üzerindeki olası pozisyonları tespit edilebilmektedir. Ayrıca, her bir QTL'in fenotipik varyans üzerindeki etki dereceleri ve QTL'ler arasındaki epistasi ilişkileri genetik haritalama çalışmaları sayesinde anlaşılabilir.

Tanksley ve Nelson (1996)'a göre, genetik haritaların üretim hızı ve bu bilginin bitki ıslahı programlarında kullanılma sıklığı artmıştır. Basit ve karmaşık kalıtıma sahip genlerin fenotipik karakterler ile ilişkisi, DNA markırları ile kolayca belirlenebilmektedir.

Paterson (1996)'a göre, genetik haritalama, kompleks canlıların genomlarının kromozom olarak adlandırılan doğrusal (linear) üniteler halinde organize olması ve taşınmasının tespit edilmesiyle mümkün olmuştur. Aynı kromozom üzerindeki birbirine çok yakın markırların ebeveynlerden döllerle birlikte hareket etmesi veya genetik bağlantısı, kromozom üzerinde bulunan markırların diziliminin belirlenmesini sağlamıştır.

Ferreira vd. (2006), genetik haritalama çalışmalarında farklı istatistiksel yöntemler ve bilgisayar programlarının kullanıldığını ve her birinin haritalamanın başarısında etkili olabileceğini belirtmişlerdir. QTL'lerin belirlenmesi için geliştirilen istatistiki yöntemler; tek markır analizi, basit aralık analizi ve karışık aralık analizi şeklinde sıralanabilir (Lander ve Botstein, 1989; Tanksley, 1993; Silva vd., 2012). QTL haritalamasında R, QTLNetwork, MapQTL, QGENE ve MapChart gibi istatistiksel programlar kullanılmaktadır (Nadeem vd., 2018).

Wu vd. (1992), bitkilerdeki birçok genetik haritalama populasyonlarının homozigot anaçlar arasında yapılan melezlemeden elde edildiğini bildirmişlerdir. Genetik harita hazırlanmasında ilk aşama uygun ebeveynlerin seçimi ve açılım populasyonunun hazırlanmasıdır. En yaygın olarak kullanılan açılım populasyonları; rekombinant kendilenmiş hatlar (recombinant inbred lines=RILs), yakın isogenik hatlar (near isogenic lines=NILs), katlanmış haploid (DHL), F₂ ve geri melez (backcross or advanced backcross) populasyonlarıdır (Tanksley ve ark., 1993).

Haritalama populasyonlarının kendilerine has avantajı ve dezavantajı vardır. Araştırmacı, populasyonu elde edebilme süresine, kullanacağı markırın dominant veya kodominant olmasına, çalışmanın amacına göre uygun haritalama populasyonuna karar vermek zorundadır. Tez çalışmamızda, resiprokal melezleme yapılarak iki farklı F₂ populasyonu elde edilmiştir. Populasyonlar arasındaki genetik varyasyonun açıklanması amacıyla kodominant markır sistemi olan SSR (simple sequence repeats) markırları kullanılmıştır.

SSR veya mikrosatitler, kısa motifler halinde genomda dağılmış ardışık olarak tekrarlanmakta olan 2-6 nükleotid gruplarından oluşan tekrar dizileridir. Bu tekrar grupları (AT)_n, (GT)_n, (ATT)_n ve (GACA)_n şeklinde gösterilmekte olup 'n' tekrar sayısını ifade etmektedir. SSR dizileri dinükleotid, trinükleotid ve tetranükleotid yapıda olabilir. Mikrosatitler, kloroplast ve mitokondri genomunda çok sayıda bulunması, yüksek polimorfizm göstermesi, kodominantlık ve farklı laboratuvarlarda tekrar üretilip çalışılabilir olması gibi özelliklere sahip olması nedeniyle genetik bağlantı haritalarının oluşturulması çalışmalarında sıkça tercih edilmektedir (Yagi vd., 2017).

Patlıcanda agronomik ve meyve özelliklerini etkileyen QTL'lerin belirlenmesi amacıyla yapılmış birçok çalışma mevcuttur (Doğanlar vd., 2002; Frary vd., 2003; Wu vd., 2009, Gramazio vd., 2014). Fakat *Verticillium solgunluğu* ile ilişkili dayanıklılık özelliklerini etkileyen QTL'leri haritalamayı amaçlayan çalışmalar ise çok sınırlıdır.

Sciancalepore vd. (2003) tarafından, *Verticillium dahliae*'ye karşı dayanıklılık ile ilişkili olarak yapılan ilk haritalama çalışmada, dayanıklı *S. sodomium* ve hassas *S. linneanum* arasında türler arası melezleme ile bir populasyon oluşturulmuş ve dayanıklılık ile ilişkilendirmek için RAPD-AFLP markırları kullanılmıştır.

Fei vd. (2004) tarafından yapılan çalışmada, *Verticillium solgunluğu*na karşı dayanıklılık geni olan *Ve* homolog geni, yabani patlıcan türü *S. torvum*'dan izole edilmiştir.

Boyacı (2007), patlıcanda *Fusarium oxysporum* Schlecht. f. sp. *melongenae* etmenine dayanıklılık kaynakları ve dayanıklılığın kalıtımının araştırıldığı çalışmanın

ilk aşamasında, yabancı genotiplerin bu hastalığa dayanıklı, yerli ve yabancı genotipler ile bazı ıslah hatlarının ise duyarlı olduğu tespit edilmiştir. İkinci aşamada genotip x izolat interaksiyonu araştırılmıştır. Araştırma sonuçlarına göre; izolatlar zayıf ve agresif olarak iki farklı gruba ayrılmış, dayanıklı genotipler tüm izolatlar karşısında dayanıklılık sergilerken, duyarlı genotipler agresif izolatlar karşısında duyarlılık, zayıf izolatlar karşısında ise dayanıklılık sergilemişlerdir. Üçüncü aşamada bulunan dayanıklılık kaynakları içinden, *Solanum melongena* türüne ait dayanıklı genotipler LS1934 ve LS2436 ile duyarlı genotip NSFB-99 arasında resiprokal melezleme yapılarak dayanıklılığın kalıtımı araştırılmış ve dayanıklılığın her iki dayanıklı genotip için de monogenik dominant olduğu tespit edilmiştir. Çalışmanın son aşamasında ise dayanıklı genotip LS 2436 ve duyarlı saf hat NSFB-99 arasında yapılan melezlemelerden elde edilen F₂ ve BC₁ populasyonunda 1200 primerle RAPD kullanılarak genetik haritalama yapılmış, dayanıklılık genine 2,6 cM uzaklıkta olan H-12 primeri markır olarak tespit edilmiştir.

Lebeau vd. (2013) tarafından yapılan çalışmada, *S. melongena* MM738 (duyarlı) ve AG91-25 (dayanıklı) arasındaki tür içi çaprazlamadan elde edilen rekombinant saf hatlara ait (RIL'ler) F₆ populasyonu *Ralstonia solanacearum* filotip I irkına dayanıklılık açısından değerlendirilmiştir. Bu çalışmada, 18 bağlantı grubu (LG) üzerinde konumlandırılmış 119 AFLP, SSR ve SRAP markırı ile toplam 884 cM uzunluğunda bir genetik harita oluşturulmuş ve kantitatif özellik lokusu (QTL) analizi için kullanılmıştır. *ERs1* adlı majör baskın bir gen, CMR134, PSS366 ve GMI1000 suşlarına karşı dayanıklılığı kontrol ettiği tespit edilmiş ancak PSS4 suşuna karşı bu gen tespit edilmemiştir. Bunun yanısıra, hastalık ilerlemesinin gecikmesinde rol oynayan önemli bir QTL başka bir LG'de tespit edilmiştir.

Yang vd. (2013), *Verticillium dahliae*'ye karşı dayanıklılık ile ilişkili küçük RNA'ların dizilenmesinin ardından, *Verticillium* enfeksiyonuna yanıt olarak etki eden bazı miRNA'lar tespit edilmiştir.

Liu vd. (2015) tarafından yapılan çalışmada, *Verticillium solgunluğuna* dayanıklı PI388846 ile kültür patlıcanları arasında türler arası melezleme yapılmıştır. Ardından geriye melezleme yapılarak PI388846'nolu yabancı formdan dayanıklılık ile ilişkili *Ve* genleri kültür bitkilerine aktarılmıştır. Ayrıca gene özel PI388846'daki *Ve* geni için SIVR844 markırı geliştirilerek geriye melez (BC₄) populasyonuna denenmiştir. PCR sonrası sonuçlar karşılaştırıldığında, SIVR844 markırı ile dayanıklı ve hassas genotipler birbirinden ayırt edilebilmiştir. Sonuçlar, *Verticillium solgunluğuna* dayanıklılığın kültür patlıcanlarına başarıyla aktarıldığını ve türler arası melez bireylerin agronomik özelliklerinin kültür patlıcanlarıyla sürekli geri melezleme yoluyla iyileştirildiğini göstermiştir. Ayrıca, geri melezleme populasyonunda *Verticillium solgunluğu* dayanıklılığını tespit etmek için PI388846'daki *Ve* homologu için gene özgü markır geliştirilmiştir.

Miyatake vd. (2016), *Fusarium oxysporum* f. sp. *melongenae* LS1934, LS174 ve LS2436 genotiplerinin patojene karşı dayanıklılık lokuslarının haritalanmasına yönelik yapılan çalışmada, F_{2:3} populasyonlarında kantitatif özellik lokusu analizleri gerçekleştirilmiş ve F₂ populasyonları LWF2 [LS1934 × WCGR112-8 (duyarlı)] ve EWF2'de [EPL-1 (LS174'ten türetilmiş) × WCGR112-8] sırasıyla iki

allel, *Fm1 L* ve *Fm1 E*, ile kromozom 2'nin sonunda bir direnç lokusu, *FMI* tespit edilmiştir. LS1934'ten türetilen *Fm1 E* tarafından açıklanan fenotipik varyans yüzdesi % 92,2 ve LOD değeri ise 65,8 olarak bulunmuştur.

Barchi vd. (2018), agronomik ve biyokimyasal açıdan karakterize edilen 156 bireyden oluşan intraspesifik bir populasyonda *Fusarium* ve *Verticillium*'a karşı dayanıklılıkta rol oynayan QTL'leri belirlemişlerdir. *Fusarium*'a karşı dayanıklılıkta rol oynayan Rfo-Sa1 lokusunun genomik bölgesinde bulunan majör QTL'nin dışında, hem *Fusarium*'a hem de *Verticillium*'a dayanıklılığı etkileyen kromozom 5 ve kromozom 8'de iki adet majör QTL'ler tespit edilmiştir. Sırasıyla bu QTL'ler, populasyonun % 11 ile % 20'sini açıklayabilmektedir.

Toppino vd. (2018), *V. dahliae* etmenine karşı dayanıklılık ile ilişkili markır geliştirmeye yönelik yapılan bir çalışmada, *Verticillium*'a karşı dayanıklılık ile ilgili olarak kromozom 8'de bir QTL tanımlanırken, kromozom 5'te major bir QTL ve kromozom 9'da bir minör QTL tespit edilmiştir. Tespit edilen QTL'lerin LOD skorları sırasıyla 3,70, 7,93 ve 3,14 olarak bulunmuştur.

2.4. Bitki Islahında Tüm Genom Analizi Çalışmaları

Moleküler markırlar bitki ıslahı çalışmalarında yaklaşık 30 yıldır kullanılmaktadır. Ancak Yeni Nesil Dizileme (YND) teknolojilerinin bitki ıslahı çalışmalarında yaygın olarak kullanılmasından sonra ciddi bir ilerleme sağlanmıştır. YND teknolojisi kullanılmadan önce genetik haritalar yaklaşık birkaç yüz moleküler markırdan oluşmaktaydı. YND çalışmalarının yaygınlaşmasından sonra ise, genom bilgisi olmayan veya az çalışma yapılmış türlerde dahil olmak üzere binlerce markırdan oluşan genetik haritalar elde edilebilmektedir (Barabaschi vd., 2016).

Tüm genom dizileme çalışmaları (WGS) Solanaceae familyası içerisinde domates ve biber türlerinde yaygın olarak kullanılırken ekonomik olarak en büyük dördüncü tür olan patlıcanda ise çok az çalışma mevcuttur.

Gramazio vd. (2019), ortalama 19,8x derinlikte yeniden dizileme yaparak ve yüksek kaliteli referans genomu “67/3” ile karşılaştırarak 10 milyondan fazla güvenilir polimorfizm keşfetmişlerdir. Polimorfizm'in 9 milyondan fazlası (% 84,5) tek nükleotid polimorfizmi ve 700.000'den fazlası (% 6,5) InDel'den oluşmuştur. Ancak, *S. melongena* örnekleri için tanımlanan varyantlar 0,8 ila 1,3 milyon arasında değişirken, yabancı *S. incanum* için 9 milyondan fazla varyant tespit edilmiştir. Bu durum patlıcanın dar genetik çeşitliliğini doğrulamakta ve yabancı akrabalar kullanılarak yapılan introgresyon ıslahının genetik temelini genişletmeye etkili bir şekilde katkıda bulunabileceği bildirilmiştir.

Li vd. (2019), PacBio ve Hi-C dizileme verileri birleştirilerek bir araya getirilen, 93,9 Mb ile 1.155,8 Mb'lık yüksek kaliteli, kromozom ölçekli bir patlıcan referans genom dizisi elde etmişlerdir. Tekrarlayan diziler, bir araya getirme uzunluğunun % 70,1'ini oluşturmuştur. Hastalığa dayanıklılık ile ilişkili genlerin genom çapında tanımlanması gerçekleştirilmiştir. Klorojenik asit sentezinde yer alan genler kapsamlı bir şekilde karakterize edilmiştir. Patlıcan, domates ve patates genomlarında polifenol oksidaz genlerinin oldukça benzer kromozomal dağılım desenleri gösterdiği gözlemlenmiştir.

Fang vd. (2023) yapmış oldukları çalışmada, patlıcanda kabuk rengi ile ilişkili markır geliştirmek için "BL01" (yeşil perikarp) ve "B1" (beyaz perikarp) bireylerin melezlenmesi sonucu F₂ popülasyonu elde edilmiştir. Yapılan genetik analizler sonucunda, tek bir baskın genin patlıcan kabuğunun yeşil rengini kontrol edildiği ortaya koyulmuştur. Kabuk renginden sorumlu SmAPRR2 geni ile yakından ilişkili Indel markırlar kullanarak 113 genotipin kabuk rengi % 92,9 doğrulukla tahmin edilmiştir. Yapılan bu çalışma ile patlıcan kabuğu renginin oluşum mekanizmasını analiz etmek için teorik bir temel oluşturulmuştur.



3. MATERYAL VE METOT

Araştırmanın klasik testleme çalışmaları, Batı Akdeniz Tarımsal Araştırma Enstitüsü (BATEM), Bitki Sağlığı Bölümü Mikoloji Laboratuvarı ile Sebzecilik ve Süs Bitkileri Bölümüne ait kompartımanlarda, moleküler haritalama çalışmaları ise BATEM Bitki Sağlığı Bölümü Tarımsal Biyoteknoloji laboratuvarında gerçekleştirilmiştir.

3.1. Materyal

3.1.1. Bitkisel materyal

Çalışmanın ana materyalini, BATEM gen havuzunda yer alan LS1934'nolu saf hat ile LS2436'nolu saf hattın resiprokal melezlemesi sonucu elde edilen 2 farklı F₂ popülasyonu oluşturmuştur.

3.1.2. Çalışmada kullanılan besiyerleri ve içerikleri

Klasik testleme çalışmalarında, inokulum hazırlamak için PDA (Patates dekstroza agar) ve Verticillium spesifik besi ortamı kullanılmıştır. Besi ortamları, kullanım öncesi 121°C'de 15 dk. steril edilmiştir. Çalışmada kullanılan besiyerlerinin içerikleri, EK. 1 ve EK.2'de verilmiştir. Moleküler çalışmalarda ise, agaroz jel kullanılmıştır.

3.1.3. Diğer kimyasallar, cihazlar ve alet-ekipmanlar

Çalışmada, izolatların muhafazası için petri kabı ve cam tüp kullanılmıştır. PCR cihazı, elektroforez seti, güç kaynağı, santrifüj, vortex, UV görüntüleme seti, mikrodalga fırın, buzdolabı, derin dondurucu, Multiskan Go ve sarf malzemeler ise, çalışmamızda kullanılan diğer materyallerdir.

3.2. Metot

3.2.1. Popülasyonun oluşturulması

LS1934'nolu saf hat ile LS2436'nolu saf hat resiprokal melezleme yapılarak 2 farklı F₂ popülasyonu elde edilmiştir. Her popülasyonda 150 melez bitki, toplamda ise 300 melez bitki bulunmaktadır. Projede kullanılan melez popülasyonlar, Çizelge 3.1'de verilmiştir:

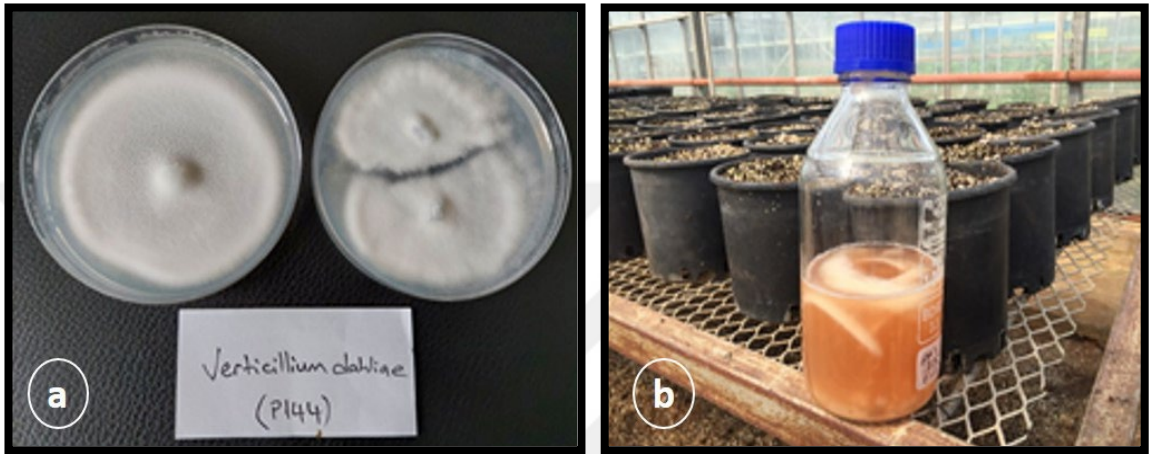
Çizelge 3.1. Projede kullanılan melez popülasyonlar

Ana (♀)	Baba (♂)	Melez Kombinasyon	F ₂ Bitki Sayısı
LS2436	LS1934	LS2436 x LS1934	150 Bitki
LS1934	LS2436	LS1934 x LS2436	150 Bitki

3.2.2. F₂ populasyonlarının *Verticillium*'a karşı reaksiyonlarının belirlenmesi

Verticillium dahliae'ye karşı reaksiyon belirleme çalışmaları kapsamında, hastalık testlemesi için PDA besi ortamında geliştirilmiş olan fungus kolonilerinden korkbor aracılığıyla alınan diskler sıvı sentetik besin ortamı içerisine yerleştirilerek, 23±1°C sıcaklıkta 15 gün süre ile dairesel bir çalkalayıcıda geliştirilmiştir.

Hastalık testlemelerinde, BATEM kültür koleksiyonundan temin edilen P144 kodlu (Acces. No: OM212817) *V. dahliae* izolatu kullanılmıştır. *V. dahliae* izolatının PDA besi ortamı ve sıvı besi ortamındaki görünümü Şekil 3.1'de verilmiştir.



Şekil 3.1. *V. dahliae* izolatının, **a.** katı besi ortamında; **b.** sıvı besi ortamındaki görünümü

Testleme çalışmalarında, inokulasyon yöntemi olarak fide kök daldırma metodu kullanılmıştır. Bitkiler 2-4 yapraklı olunca kökleriyle birlikte çıkartılıp yıkanmış ve kök uçları tıraşlanmıştır. Daha sonra, patojenin 10⁶ konidi/ml konsantrasyonunda hazırlanmış süspansiyona 45 dk. süreyle daldırılarak fideler patojen ile inokule edilmiş ve bu bitkiler “1:1” oranında “torf:perlit” karışımı içeren 180x165 mm boyutlarındaki saksılara dikilmiştir.



Şekil 3.2. Testleme çalışmalarına ait görüntüler



Şekil 3.3. F₂ popülasyonuna ait fidelerin testleme sonrası görünüşleri

In vivo koşullarda yürütülen çalışma kapsamında, F₂ bireylerine ait 150'şer fide hastalık açısından testlenmiş olup, değerlendirme, dikimden 2 ay (60 gün) sonra hassas-dayanıklı olarak Çizelge.3.2'de verilen 0-4 skalasına (Khiareddine vd., 2006) göre skorlanmıştır.

Çizelge 3.2. Hastalık belirtilerinin değerlendirilmesinde kullanılan 0-4 skalası

Skala değeri	Bitkide solgunluk durumu (%)	Hastalık hassasiyet karakteri
0	Simptom yok	Bağıışıklı
1	%1-25 solgunluk	Dayanıklı
2	%26-50 solgunluk	Orta dayanıklı
3	%51-75 solgunluk	Hassas
4	%76-100 solgunluk ve ölü bitki	Çok hassas

3.2.3. Genomik DNA izolasyonu

Genomik DNA'nın elde edilmesi çalışmaları CTAB metoduna göre yapılmıştır. Buna göre, bitkilerden alınan taze yaprak parçaları doku parçalayıcı cihazında mekanik olarak parçalanmış ve 65°C'de önceden ısıtılmış 0,8 ml CTAB ekstraksiyon buffer'ında süspanse edilerek 65°C'de 1 saat inkübe edilmiştir (Şekil 3.4). Bu süreçte, tüpler ters çevrilerek hafifçe karıştırılmıştır. Daha sonra, bu şekilde 1 saat inkübe edilen tüplere 0,8 ml kloroform/izoamil alkol (24:1) eklenmiştir.

Tüpler ters çevrilerek hafifçe 2 dk. karıştırılmış ve 14,000 rpm'de 10 dk. santrifüj edilmiştir. Süpernatant alınarak, temiz eppendorf tüplerine aktarılmıştır. Karışıma 1,5 µL RNase eklenerek 37°C'de 45 dakika inkübasyona bırakılmış, daha sonra ise 0,6 ml izopropanol eklenmiştir. Bu aşamada, tüpler yavaşça ters çevrilerek karışması sağlanmıştır. Bu işlemten sonra tüpler oda sıcaklığında 2 saat boyunca karışımın çökmesi için bekletilmiştir. DNA'nın çökmesi amacıyla, tüpler 14,000 rpm'de 15 dk. santrifüj edilmiştir. Süpernatant alınarak, pellet 1-2 kez soğuk etanol ile yıkanmış ve tekrar 14,000 rpm'de 15 dk. santrifüj edilmiştir. Bu aşamada tekrar süpernatant alınarak pellet oda sıcaklığında kurutulmuştur. Kurutulan pellet distile su içerisinde yeniden süspanse

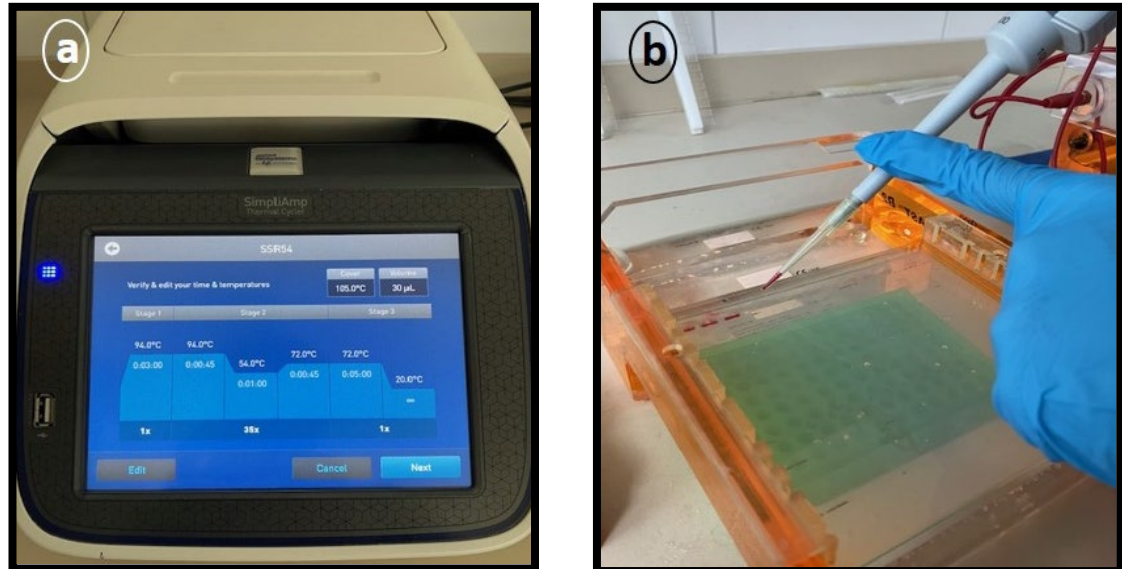
edilerek -20°C 'ye alınmıştır. Elde edilen DNA'lar, muhafaza edilmek üzere -80°C 'de saklanmıştır.



Şekil 3.4. a. Yaprak örneklerinin parçalanması; b. örneklerin inkübe edilmesi

3.2.4. SSR analizleri

SSR analizleri çalışması kapsamında, Vilonova vd. (2011), Adenji vd. (2012), Ge vd. (2013) ve Ezio vd. (2018) tarafından kullanılmış ve polimorfizm oranı yüksek bulunmuş olan 350 adet SSR primeri ebeveynlere denenmiştir. PCR aşaması sonrası % 2'lik agaroz jel içerisinde 110 volt elektrik akımı altında 1,5 saat koşturulmuştur (Şekil 3.5).



Şekil 3.5. a. PCR analizi; b. PCR ürünlerinin jele yüklenmesi

SSR analizleri için uygulanan PCR içeriği ve döngü koşulları Çizelge.3.3'de, primerlere ait sekans dizilimi ise Çizelge.3.4'te verilmiştir.

Çizelge 3.3. SSR analizleri için uygulanan PCR içeriği ve döngü koşulları

Kullanılan kimyasal	Her örnek için kullanılan miktar
2X PCR master mix	16 µl
Forward Primer (20 µM) (5 µl)	0,5 µl
Revers Primer (20 µM) (5 µl)	0,5 µl
ddH ₂ O	2 µl
DNA (50 ng/µl)	3 µl
Toplam Hacim	22 µl

94°	→	3 dk ön denatürasyon	
94°	→	30 sn denatürasyon	
50-62°	→	30 sn bağlanma	} 35 döngü
72°	→	1 dk polimerizasyon	
72°	→	10 dk son uzama	

Çizelge 3.4. SSR primerlerinin sekans dizilimi

Lokus	Kod	Forward (5'-3')	Reverse (3'-5')
1	CSM31	CAACCGATATGCTCAGATGC	GCCCTATGGTCATGTTTTGC
1	Emg11M23	TGCAATGCTTCTCCTT TATCCTGA	TGGTTAAACGCAAGTGTTTCATACAG
1	Emh21J12	ACAGAACAATTCACCAGCAGTCAA	GTTTAGGAACAGGGAAAATCGTATCGGT
2	EEMS12	CGGGCAACTCTTCACATTTT	ATTGGTTTGCTATCGAATTTCT
2	Eme08D09	GTCAATGACACCCCAAAACCCATTT	GGTGAAAACCCAATACAAATCCGA
2	Em4-1a-f	GCATACAGCAAATCCCAGCAAATA	TGTGAGTATGGGATTCTGGTCGTT
2	Emh02E08	CGGCGTTCAGCAGAGAAGAAATTA	CGGCGTTCAGCAGAGAAGAAATTA
3	EmsatP20441	TGAGGTTGAATGGTTGTTG	CATGAATTTGTACCCGATG
3	Emsat-P-20420	TCAATTTGCACCCAAAAACCT	TGCGAAGATCACGAGCATGA
3	Emh05B02	TGATGATGGAAAGAAAAGGACGAGA	TCCTTCTTGTTTGGGGTACGTTCT
4	Emsat-P-4	TCTATGCTGTGGTGAAGTTG	AAGGAGGAGCCTAAAAGAGA
4	Emg01B17	ACAAGGCTCAAAGTCACAAGTCAA	GTTTGGCTCTGCCCCTAACATCTACAAA
4	EmsatP29196	GGTACCCCAAGAAAATAAAGGGC	TTAGATGCTGCCTTTGCCCA
4	Emsat29232	GCTTTTGGCCTTTGTCTGT	TTGATGTGCCCCTTTCTTGA
5	NBS 1CAPS	GGAGAGATGGATGCCGAATA	TCTCGACCTTAGCCTGCATT
5	EmsatP38355	ATTATCAAGGCCGCCTGAGG	TCACCCAAACAGCAGACAGC
6	Emx50804	TTCCTCAACTAAAATATTAATCGCAT	TGTGTCTACTTCAATTTTGAATCTCTC
6	EmsatP.6	AGCAGGCCTACCTCTAGGTC	TACCCCTCCTTTCCACACA
6	EmsatP43086	TCAGTTTCAGGACCCACACG	GGGTTGCGAGTTCCTGAAGA
7	Emx11402	GTCAATGACACCCAAAACCCATTT	GGTGAAAACCCAATACAAATCCGA
7	emh11H03	ATAACTACCTCAGCCTGTCCCCCT	GTTTGCACCTATTTCCTTTTCCATTAGCTC
7	emb01A21	GTAATGTCTGGTGGCTTGATGACTG	ACTCGGATTTCAGGAGCCACAATA
8	EM114	AGCCTAACTTGGTTGGTTTTTGC	GAAGCTTTAAGAGCCTTCTATGCA
8	emf21I02	GTCAATGACACCCAAAACCCATTT	GGTGAAAACCCAATACAAATCCGA
8	emsat65648	GGAGGATCAGACGGATGAGG	CCCCCTCCTTCCAGTATCA
9	SSR107	GGCCCTAGACTGAGCTGAAATGTT	TGCTACAACCAACACAACCCTCAA

Çizelge 3.4.'ün devamı

9	emsatP74631	CAACGGAAGCAACATTCTC	ACCTACTCAACCTCTTCATCC
10	emi02F16	ACAAGCTTGAACATCCTTCGGGTA	TGAAATCACATCATGTCCTCACTC
10	emsat-P-79407	CGAATGACTTGTTGAGTGAGGT	ACCACTCTGCCATTTTGTGCT
11	emx80801	TACCCCTTTTTATTTCGCTTGA	TGGTGTGTGTGATAGTGATTGTG
11	emsat89661	ACAGCTCCTTTACCCTTTGT	CTTGAGCTCTTTCTGCTTGT
12	emsat-P-38468	AAGTTGTCTTCAGCTTGTCC	TTAGTCTTTACCTCCCGTGT
12	emsatP96874	TACTACTCCTGCTCCTGCTC	TTGCAGCTTCCTTCTCATC

3.2.5 Genetik bağlantı analizi

Çalışma kapsamında, ebeveynler ve haritalama popülasyonunda testlenen genotiplerin SSR markırlarına vermiş olduğu allel verileri genetik bağlı analizlerinde kullanılmıştır.

Genetik bağlantı analizlerinin gerçekleştirilebilmesi için haritalama popülasyonunun her bir bireyi allelin anne ya da babadan gelmesine göre skorlanmıştır. Bu bağlamda bitki, allelini anneden alıyorsa A, babadan alıyorsa B ve heterozigotsa H harfleri kullanılarak skorlanmıştır. Her iki markır için tüm bu skorları içeren bir dosya oluşturulmuş ve dosya Joinmap 4.0 (Van Ooijen, 2006) paket programı kullanılarak analiz edilmiştir. Bağlantı grupları **3'den büyük LOD değeri** kullanılarak belirlenmiştir. Markırlar arası uzaklık kosambi haritalama fonksiyonu kullanılarak hesaplanmıştır.

3.2.6 Kantitatif karakter lokusu (QTL) analizi

Kantitatif karakter lokusu analizleri Qgene ve MapQTL paket programları kullanılarak yapılmış olup (Nelson, 1997; Van Ooijen ve Kyazma, 2009), analizlerde kompozit aralık haritalaması (Composite Interval Mapping, CIM) yöntemleri kullanılmıştır. Verticillium'a dayanıklılığı kontrol eden kantitatif karakter lokuslarını (QTLs) belirlemek için yapılan klasik testleme sonuçları (3.2.2'deki sonuçlar) elde edilen SSR verileriyle ilişkilendirilmiştir. QTL'lerin belirlenmesi için analizlerin 1000 kez tekrarlandığı permütasyon testi uygulanarak LOD skoru için eşik değer belirlenmiştir. QTL kofaktörü kullanılarak yapılan CIM analizinde, bu eşik değerden yüksek LOD değerlerine sahip QTL'ler anlamlı olarak kabul edilmiştir.

3.3 Tüm Genom Analizi

Tüm genom analizi çalışmalarının birinci aşaması kütüphane ön hazırlık aşamasıdır. Örneklerin degradasyonu ve kontamine olup olmadığı % 1'lik agaroz jelde görüntülenerek tespit edilmiştir. Daha sonra örneklerin saflığını belirlemek amacıyla NanoPhotometer®(IMPLEN, CA, ABD) spektrofotometresi kullanılmıştır. DNA konsantrasyonu ise Qubit® 2.0 Fluorometre'de (Life Technologies, CA, ABD) Qubit® DNA Assay Kiti kullanılarak ölçümü gerçekleştirilmiştir. Yeterli saflık ve konsantrasyonda olan örnekler analize alınmıştır.

Tüm genom analizi çalışmalarının ikinci aşaması ise kütüphane oluşturma aşamasıdır. Örnek başına toplam 1,0 µg DNA olacak şekilde örnekler seyreltilmiştir. Dizileme kütüphaneleri, NEBNext® DNA Kütüphane Hazırlık Kiti kullanılarak oluşturulmuştur. Genomik DNA, kesim enzimleriyle 350 bp boyutuna gelecek şekilde rastgele parçalanmıştır. Ardından, Illumina dizilemesi için NEBNext adaptörüyle bağlanmış ve P5 ve endeksli P7 oligoları PCR ile zenginleştirilmiştir. PCR ürünleri saflaştırılmış (AMPure XP sistemi) ve elde edilen kütüphaneler Agilent 2100 Bioanalyzer ile boyut dağılımı açısından analiz edilmiştir. Genom analizinin son aşaması örneklerin sekanslamasıdır. Oluşturulan kütüphaneler Illumina Novaseq 6000 platformu kullanılarak dizilenmiştir.

4. BULGULAR VE TARTIŞMA

4.1. F2 Populasyonlarının *Verticillium*'a Karşı Reaksiyonlarının Belirlenmesi

Çalışma kapsamında, patojene karşı reaksiyonlarının belirlenmesi amacıyla LS2436xLS1934 ve LS1934xLS2436 melez kombinasyonlarından üretilen 300 adet F₂ bireye patojen süspansiyonuna daldırmak suretiyle inokulasyon gerçekleştirilmiştir.

Değerlendirme, dikimden 2 ay (60 gün) sonra 0-4 skalasına göre yapılmıştır (Khiareddine vd., 2006). Deneme sonucunda, enfekte olan patlıcan bitkilerinde *Verticillium* solgunluğu hastalığına bağlı olarak yaşlı yapraklarda yaprakçık kenarlarında başlayan solgunluk, sararma ve bitkide genel bir kuruma gözlenmiştir. Enfekteli bitkilerin gövdesi kesildiğinde, iletim demetlerinde belirli bir şekilde renk değişimi meydana gelmiştir. Tüm bitkiler, *V. dahliae* enfeksiyonu sonucu yapraklar ve gövdede solgunluk ve iletim demetlerindeki renk değişimi açısından incelenmiş ve değerlendirilmiştir. Bitkilerin patojene verdiği reaksiyonlara ait görüntü Şekil 4.1'de verilmiştir.



Şekil 4.1. *V. dahliae* inokulasyonu sonrası meydana gelen hastalık belirtileri

Deneme sonucunda, her iki melez populasyonuna ait 150'şer adet F₂ bitkisi fide döneminde testlenmiş ve *V. dahliae* izolatına bitkiler farklı düzeyde reaksiyon göstermiştir. LS2436 x LS1934 populasyonuna ait 150 bitkiden 77'si **hassas**, 35'i **orta dayanıklı**, 32'si patojene karşı en ileri düzeyde reaksiyon göstererek **çok hassas** olarak

değerlendirilmiş olup, 6 bitkinin ise patojene karşı **dayanıklı** seviyede olduğu belirlenmiştir. LS1934 x LS2436 melezinden üretilen F₂ popülasyonuna ait 150 bitkiden 88'si **hassas**, 35'i **orta dayanıklı**, 14'ü patojene karşı en ileri düzeyde reaksiyon göstererek **çok hassas** olarak değerlendirilmiş, 13 bitkinin ise patojene karşı “dayanıklı” olduğu belirlenmiştir. Dayanıklı olan materyaller kademe ilerlemesi yapılarak ileriki yıllarda yapılacak ıslah çalışmalarında dayanıklılık kaynağı olarak kullanılabilir.

Verticillium solgunluğuna karşı dayanıklılığın aktarılmasında maternal kalıtımın rol oynayıp oynamadığının belirlenmesi amacıyla resiprokal melezleme yapılarak iki farklı popülasyon oluşturulmuştur. Her iki popülasyon açısından klasik testleme sonuçları karşılaştırıldığında popülasyonlardaki dayanıklı bireylerin sayısında anlamlı bir farkın olmayışı, kalıtım mekanizmasında maternal etkinin rol oynamadığını gösterdiği sonucuna varılmıştır.

Klasik testlemelerde alınan sonuçlar değerlendirildiğinde, dayanıklı ve hassas bireylerin dağılımının mendel kalıtımına uygun olmaması dayanıklılık mekanizmasında birden çok genin rol oynadığını doğrulamaktadır. *V. dahliae* ile ilgili olarak yapılan birçok çalışmada dayanıklılığın poligenik kalıtım gösterdiği ifade edilmektedir (Palloix vd.,1990; Janksy vd., 2004; Negahi vd., 2013; Sandoya vd., 2021). *V. dahliae* ile ilgili olarak yapılan QTL çalışmalarında da dayanıklılığın birden fazla QTL tarafından (kromozom 5 ve kromozom 8) kontrol edildiği bildirilmiştir (Toppino vd., 2016; Barchi vd., 2018).

Tez çalışmamıza yakın benzer bir çalışmada, Verticillium solgunluğuna dayanıklı PI388846 ile kültür patlıcanları arasında türler arası melezleme yapılmış, ardından geriye melezleme yapılarak PI388846'nolu yabani formdan dayanıklılık ile ilişkili *Ve* genleri kültür bitkilerine aktarılmıştır. Klasik testlemeler sonucunda BC₁ popülasyonunda hassas ve dayanıklı bireylerin dağılım oranı 32 dayanıklı, 65 hassas olarak bulunmuştur. Dayanıklı ve hassas bireylerin dağılımının klasik mendel kalıtımına uygun olmadığı, dayanıklılığın poligenik kalıtım gösterdiği bildirilmiştir. Ancak, dayanıklılık aktarılan bitkilerde dört nesil geri melezlemeden sonra, tarımsal özellikler önemli ölçüde iyileşmiştir. Bu bilgilere ek olarak, geliştirilen SIVR844 markırı *S. melongena*'nın 21 Çin yerel çeşidinin hiçbirinde tespit edilememiştir. SIVR844'ün PI388846'daki *Ve* homologu için gen spesifik bir markır olduğu ve PI388846'nın dayanıklılık kaynağı olarak kullanılan popülasyonlarda SIVR844 markırının kullanılmasının uygun olacağı önerilmiştir (Liu ve ark., 2015).

Klasik ıslah çalışmalarında dayanıklılığı ve varyasyonu arttırmak için yabani formlar sıkça kullanılmaktadır. Fakat, yabani formlardan kültür formlarına aktarılan dayanıklılık sonrası tarımsal açıdan istenmeyen özellikler de aktarılabilir. Nitekim, Liu ve ark. (2015) yapmış oldukları çalışmada, yabani formdan aktarılan dayanıklılık sonrası iki jenerasyon boyunca (BC₁;BC₂) dayanıklı bitki meyvelerinin küçük ve çizgili olduğunu gözlemlemişlerdir. Tarımsal açıdan istenmeyen özelliklerin dört nesil geriye melezlemesi yapıldıktan sonra meyve kalitesi iyileştirilebilmiştir. Çalışmamızda ise, dayanıklılık kaynağı olarak LS2436 kültür formu kullanılmıştır. Yabani formlardan kültür formlarına dayanıklılık aktarılırken tarımsal açıdan istenmeyen özellikler de aktarılabilir. Dolayısıyla, bitki özelliklerini ve meyve kalitesini iyileştirmek için ekstra geriye melezlemeye ihtiyaç duyulmaktadır. Bu durum, ıslah çalışmalarının uzamasına ve maliyetlerin artmasına neden olmaktadır.

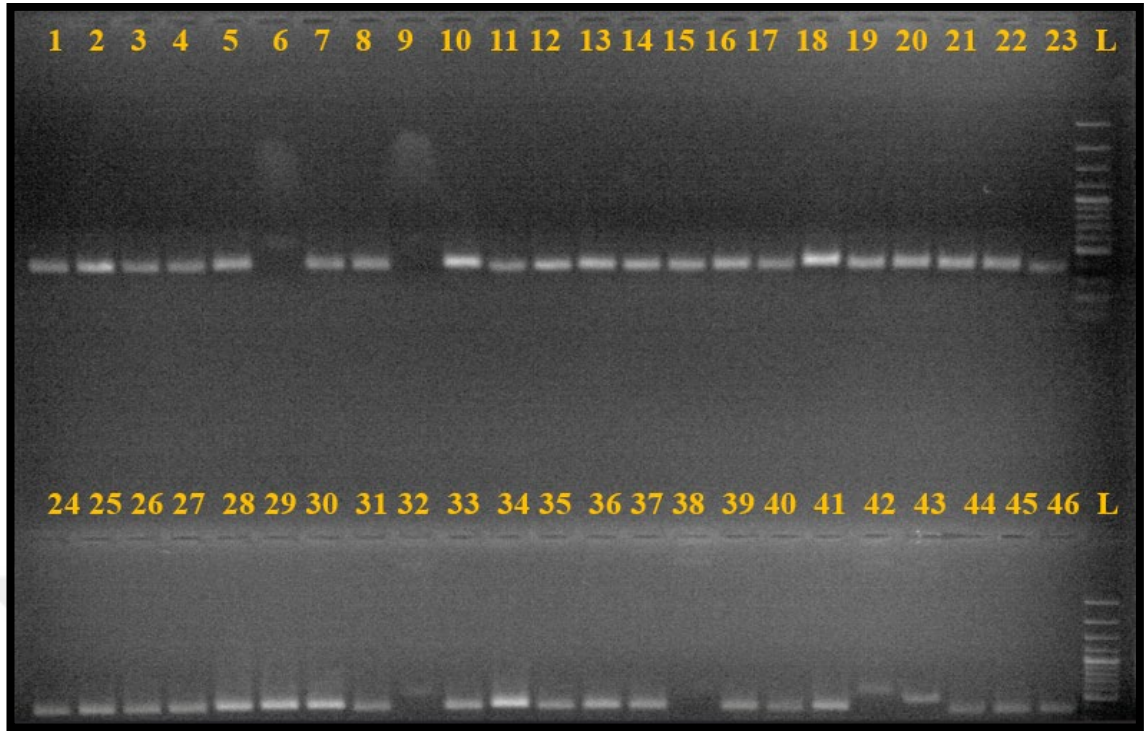
Çalışmamızda dayanıklılığın kültür formlarından aktarılmış olması, klasik ıslah çalışmalarını kolaylaştırması açısından oldukça önemlidir.

4.2. Genomik DNA İzolasyonu

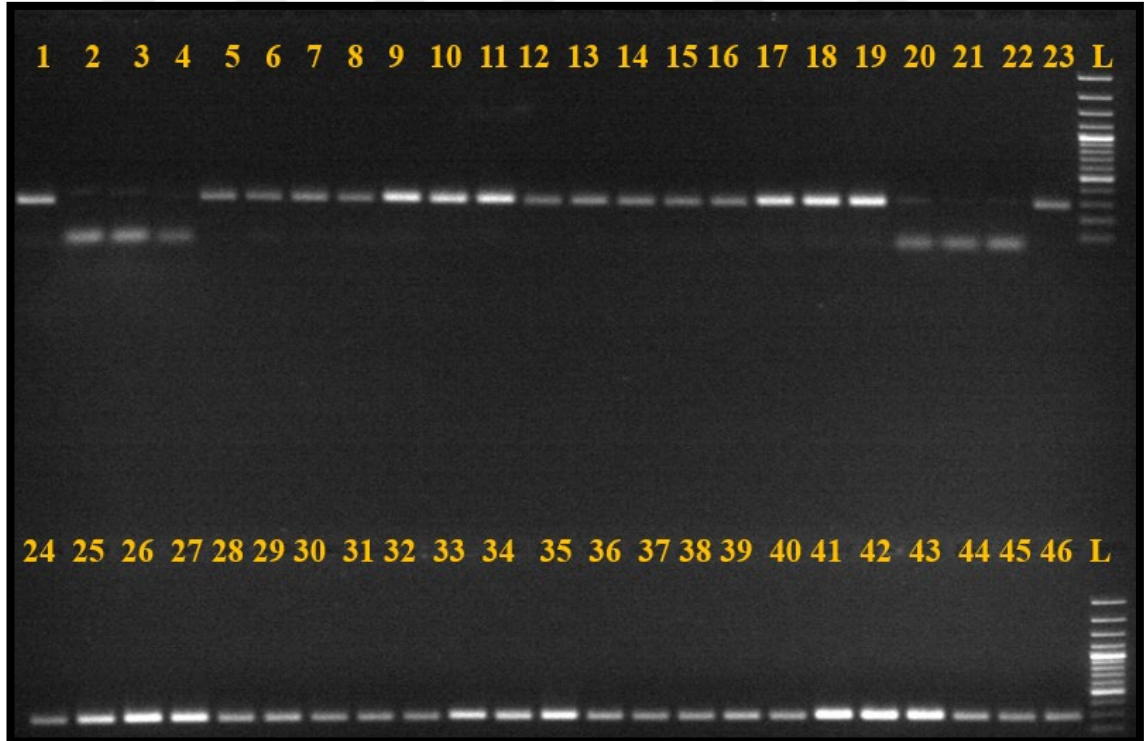
Moleküler biyoloji çalışmalarında PCR aşamasından önce kaliteli ve yeterli saflıkta DNA'nın izole edilmesi son derece önemlidir. DNA'nın saflığı, 260/280 nm dalga boyundaki absorpsiyon değerleri ölçülerek belirlenmektedir. Absorpsiyon değerleri 1,80-2,00 arasında ise DNA'nın saflığı yüksek olarak kabul edilir (Ergül, 2000). DNA izolasyonları gerçekleştirilen örneklerin saflık oranları 1.80-2.05 arasında bulunmuştur. Bitki materyallerinden izole edilmiş tüm DNA'lar yeterli miktarda ve kalitede bulunarak PCR aşamasına geçilmiştir.

4.3. SSR ve QTL Analizleri

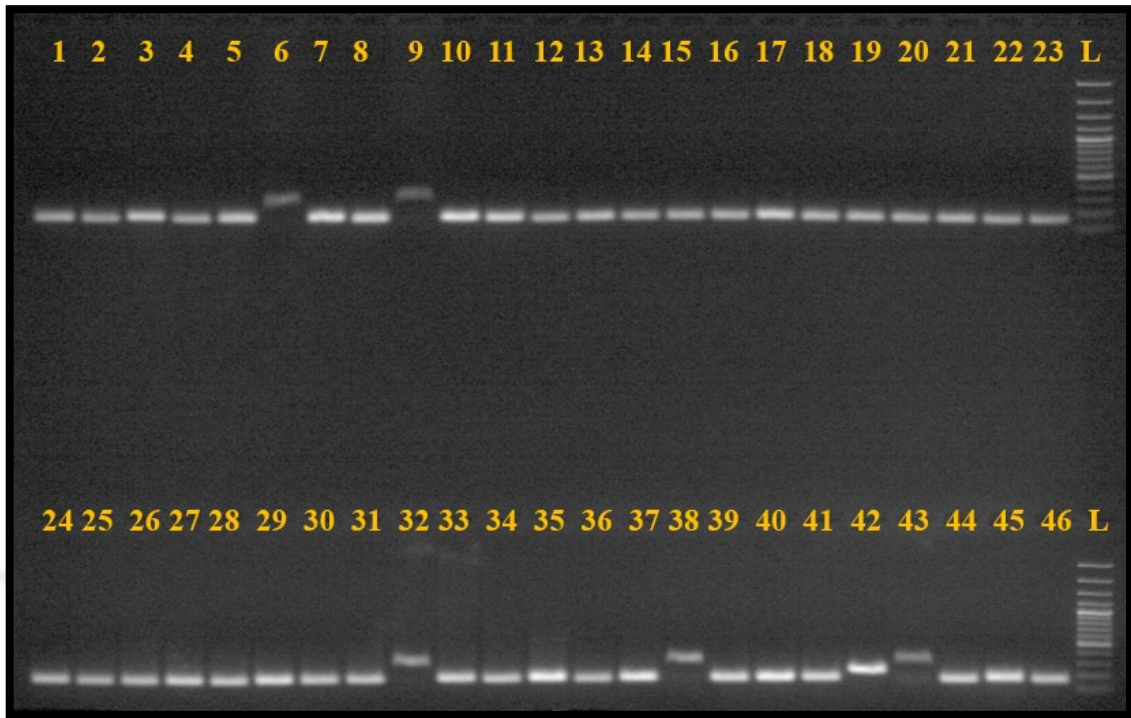
Verticillium solgunluğuna dayanıklılık özelliklerini kontrol eden kantitatif karakter lokuslarının (QTLs) haritalanması amacıyla 250 adet SSR primeri kullanılmıştır. Ezio vd. (2018) tarafından yapılan çalışmada kullanılmış olan ve polimorfizm oranı yüksek olduğu belirlenen 250 adet SSR primeri ebeveynlere denenmiştir. Polimorfik markır sayısının düşük çıkmasından dolayı, farklı çalışmalarda polimorfik olduğu belirlenen 100 SSR markırı çalışmamıza dahil edilmiştir (Vilonova vd., 2011, Adenji vd., 2012 ve Ge vd., 2013). Analiz çalışmalarında kullanılan 350 adet primerden 33'ünün polimorfik, 310'unun ise monomorfik olduğu tespit edilmiştir. Geriye kalan 7 SSR primeri ise amplifikasyon alınamadığı için çalışmaya dahil edilememiştir. SSR primerlerine ait jel görüntüleri Şekil 4.2, Şekil 4.3, Şekil 4.4, Şekil 4.5, Şekil 4.6, Şekil 4.7, Şekil 4.8 ve Şekil 4.9'da verilmiştir.



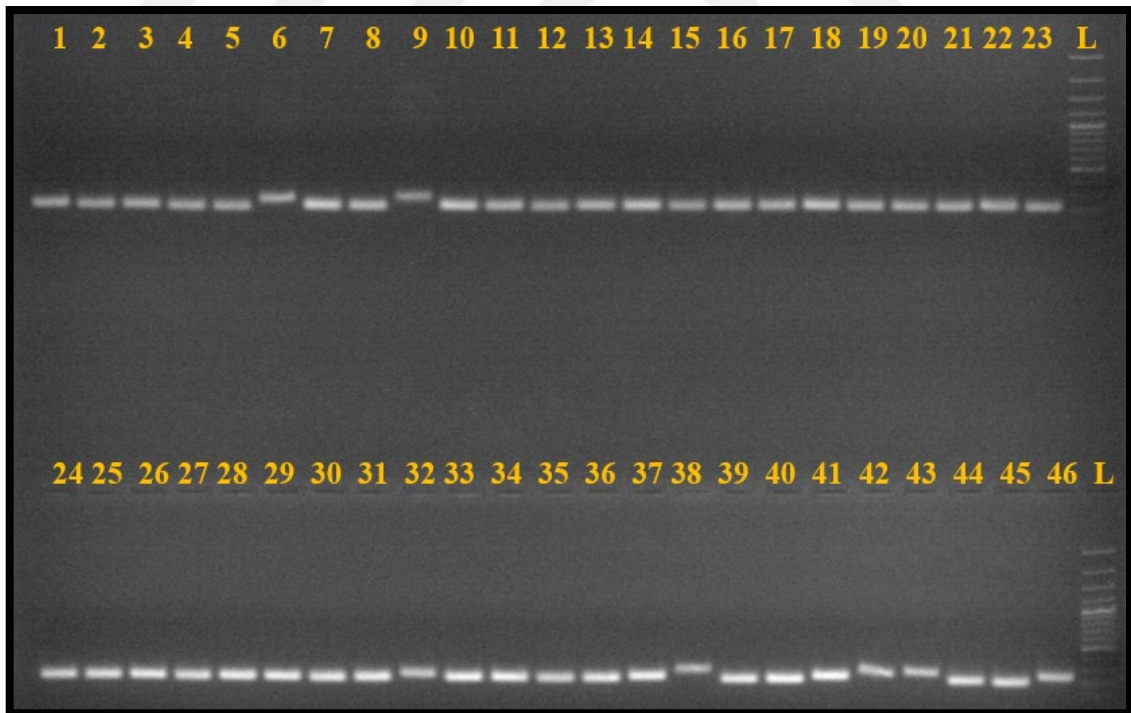
Şekil 4.2. EM114 primerinin jel görüntüsü. L: 100 bp'lik DNA Ladder



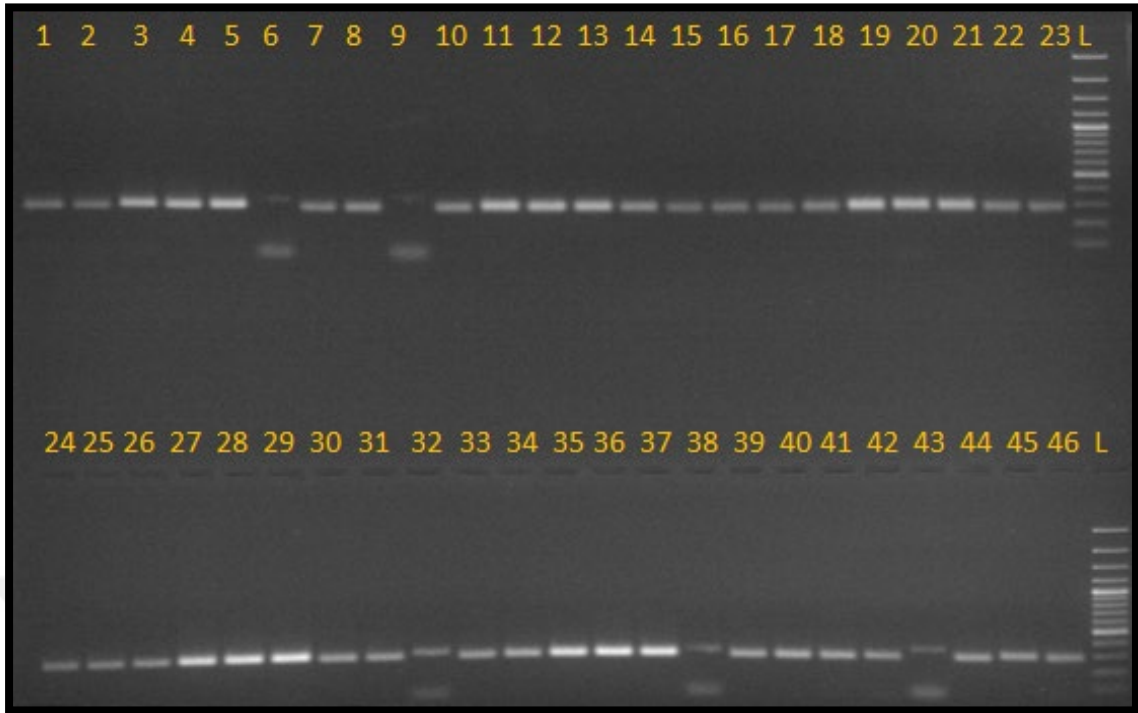
Şekil 4.3. Emb01A21 primerinin jel görüntüsü. L: 100 bp'lik DNA Ladder



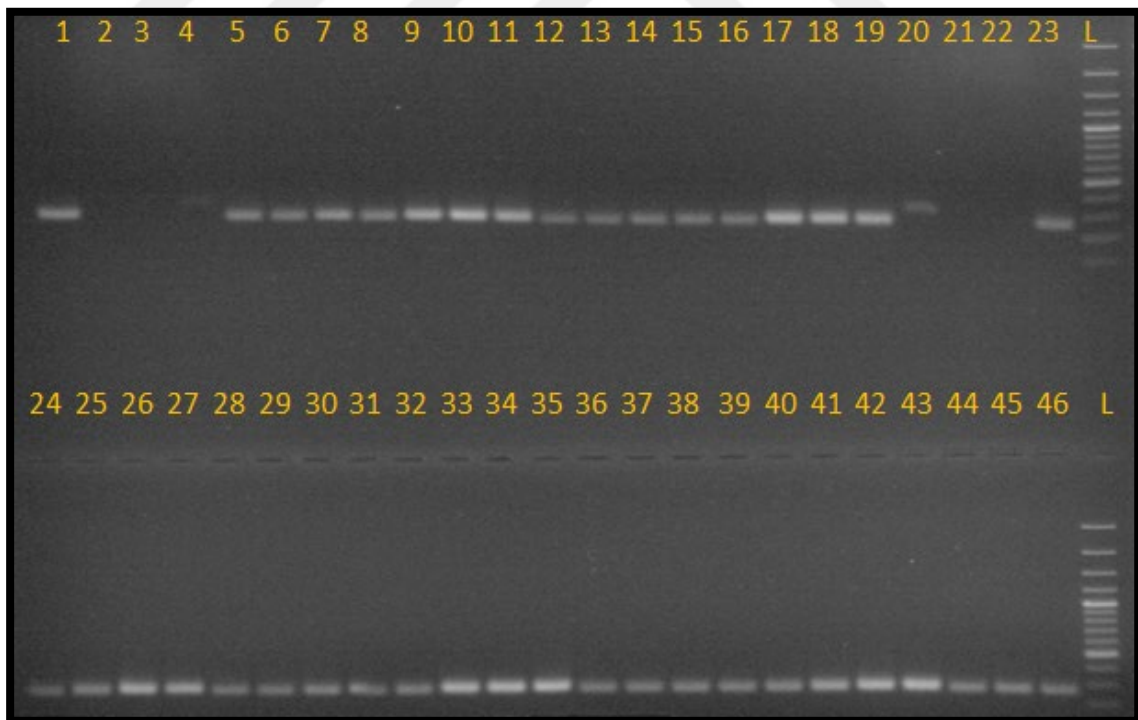
Şekil 4.4. Emf1I02 primerinin jel görüntüsü. L: 100 bp'lik DNA ladder



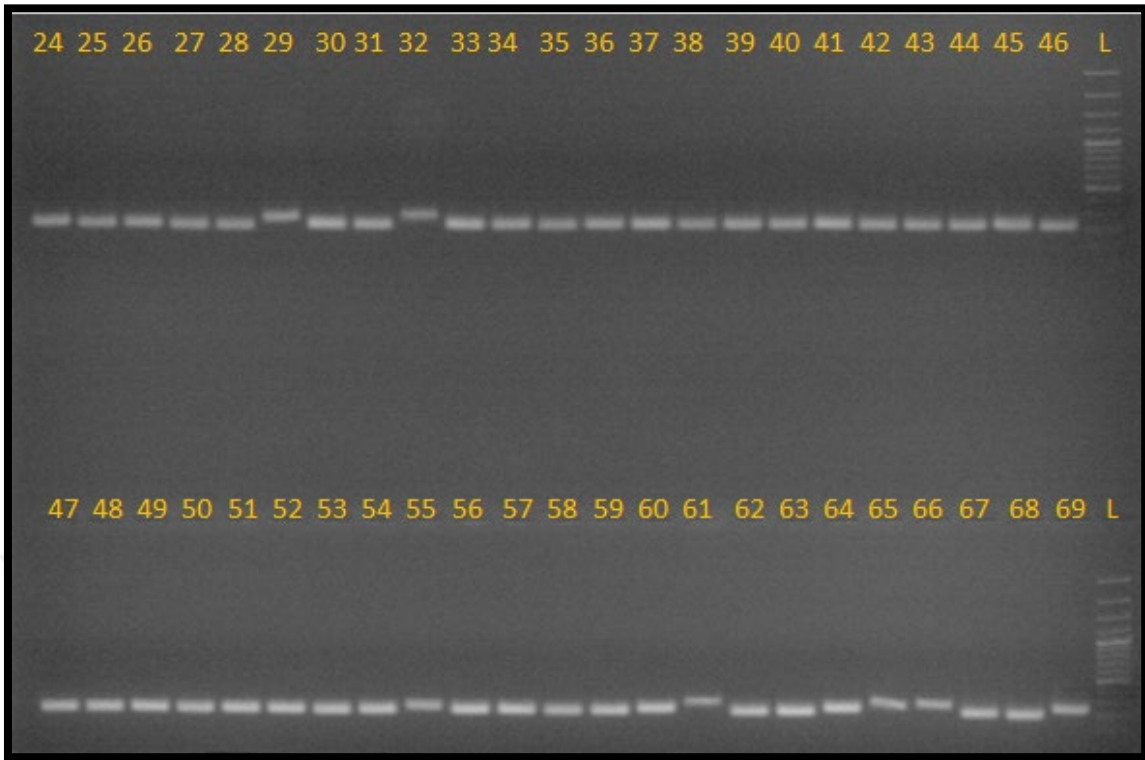
Şekil 4.5. Emh21J12 primerinin jel görüntüsü. L: 100 bp'lik DNA ladder



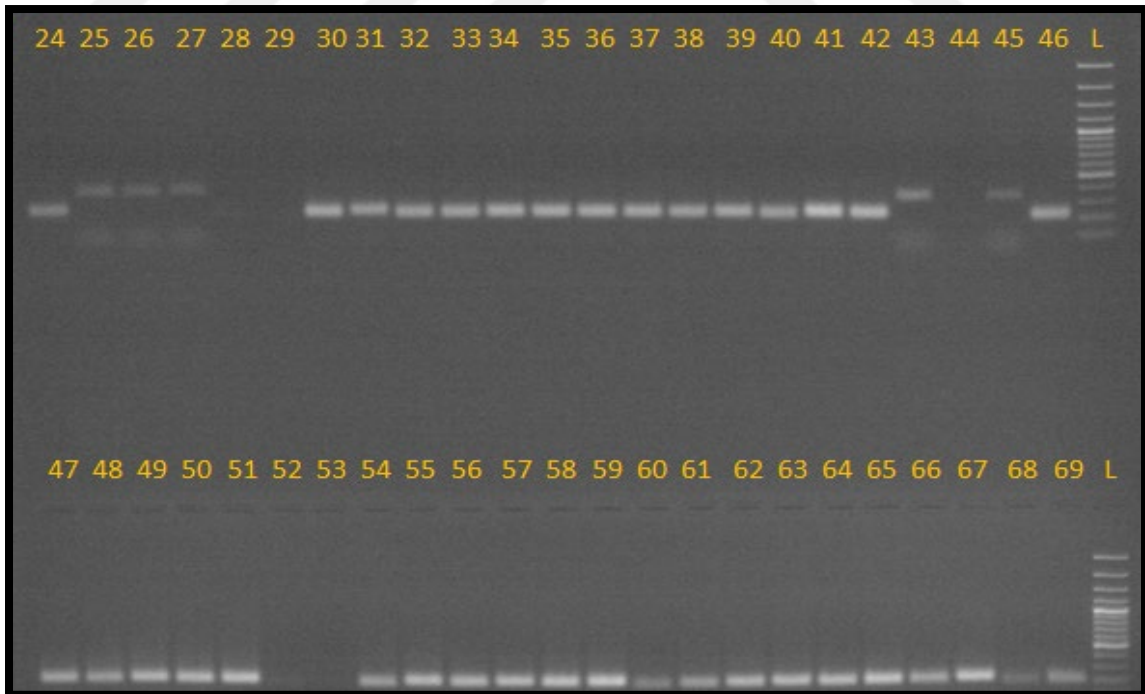
Şekil 4.6. CSM21 primerinin jel görüntüsü. L: 100 bp'lik DNA ladder



Şekil 4.7. Emh02E08 primerinin jel görüntüsü. L: 100 bp'lik DNA ladder



řekil 4.8 Emg01B17 primerinin jel görüntüsü. L: 100 bp'lik DNA ladder



řekil 4.9. Emh05B02 primerinin jel görüntüsü. L: 100 bp'lik DNA ladder

SSR markırlar, moleküler ıslah ve populasyon genetiği çalışmaları için oldukça kullanışlı bir tekniktir. Patlıcan bitkisinde, birçok SSR markırı geliştirilmiş ve bağlantı gruplarında haritalanmıştır (Nunome vd., 2009; Hirakawa vd., 2014). Çalışmamızda, Vilonova vd. (2011), Adenji vd. (2012), Ge vd. (2013) ve Ezio vd. (2018), tarafından kullanılmış ve polimorfizm oranı yüksek 350 SSR markırı her iki F₂ populasyonuna denenmiştir. Fakat, 350 SSR primerinden yalnızca 33 tanesi polimorfizm göstermiştir. Patlıcanda geçmiş yıllarda SSR tekniği kullanılarak yapılan hem genetik akrabalık hem de haritalama çalışmaları incelendiğinde polimorfik primer sayısı düşük, monomorfik primer sayısı ise oldukça yüksek bulunmuştur. Monomorfik primer sayısının yüksek olmasının nedenleri şu şekilde açıklanabilir:

- A) Monomorfik bant veren SSR primerlerinin bir kısmı türler arasındaki farklılıkları belirlemede ve türler arası melez populasyondaki genotiplerin ayırt edilmesinde kullanılmıştır (Vilonova vd., 2011; Adenji vd., 2012; Ge vd., 2013). Çalışmamızda ise tür içi melez populasyon kullanıldığı için genetik varyasyon türler arası melezlemeye göre düşük kalmış olabilir. Dolayısıyla, bu durum polimorfik primer sayısının düşük kalmasına neden olmuş olabilir.
- B) Laboratuvar altyapısına uygun olarak PCR ürünlerinin görüntülenmesi amacıyla, çalışmamızda yüksek çözünürlüklü agaroz jel kullanılarak PCR ürünleri birbirinden ayırt edilmiştir. Yüksek çözünürlüklü agaroz jel 50 bp-1000 bp arasındaki fragmentleri birbirinden ayırt edebilmektedir. Agaroz jelde fragmentler arası minimum 5-10 bp kadar fark olan fragmentlerin ayrımı yapılabilir (Lee vd., 2012). Çalışmada kullandığımız bazı SSR primerlerinin fragmentlerine ait allel büyüklüklerinin birbirine yakın olması (2-4 bp), yüksek çözünürlüklü agaroz jelde ayrımının yapılmasını engellemiş olabilir.
- C) Laboratuvar alt yapısına uygun olarak, yüksek çözünürlüklü agaroz jel zorunlu olarak çalışmada kullanılmıştır. Polimorfik primer sayısını arttırmak için agaroz jelden daha hassas sonuçlar veren kapiler elektroforez sistemi kullanılabilir. Kapiler elektroforez ile aralarında 1-2 bp fark olan fragmentlerin ayrımı yapılabilir. Fakat, bu sistemin en büyük dezavantajı görüntüleme maliyetlerinin yüksek olmasıdır.

SSR primerlerinin populasyonlara denenmesi sonucunda polimorfizm elde edilen 33 primerin genetik bağlantı ve QTL analiz çalışmalarına geçilmiştir. Genetik bağlantı analizlerinde testlenen genotiplerin vermiş olduğu allel verileri kullanılmıştır. Genetik bağlantı analizlerinde haritalama populasyonunun için her bir birey allelin anne ya da babadan gelmesine göre skorlanmıştır. Bu bağlamda, bitki allelini anneden alıyorsa A, babadan alıyorsa B ve heterozigot H harfleri kullanarak skorlanmıştır. Her iki populasyon için tüm bu skorları içeren bir dosya oluşturulmuş ve dosya Joinmap 4.0 (Van Ooijen, 2006) paket programları kullanılarak analiz edilmiştir. QTL analizlerinde ise, haritalanan her bir SSR markırının çalışmanın ilk döneminde gerçekleştirilen hastalık testlemesi sonuçlarıyla olan ilişkileri değerlendirilmiş ve anlamlı ilişkide olan markırların yer aldığı lokus/lokuslar QTL olarak haritalanmıştır. QTL'lerin belirlenmesi için analizlerin 1000 kez tekrarlandığı permütasyon testi uygulanmış ve LOD skoru için eşik değerler bulunmuştur.

Komşu iki gen lokusunun genetik olarak birbirine bağlı ya da bağlı olmaması istatistiksel açıdan LOD skor olarak ifade edilmektedir. Eğer iki lokus arasında LOD skor '2' ise iki lokusun bağlı olma olasılığı bağlı olamama olasılığından 100 kez daha fazla olduğu anlamına gelmektedir. LOD skor, 3 veya 3'ten büyükse istatistiksel açıdan anlamlı kabul edilmektedir (Jamieson vd., 2010). LOD skorun hesaplanmasında kullanılan formül aşağıda verilmiştir.

$$LR = [\theta r (1-\theta) n - r] / 0,5n \quad (4.3)$$

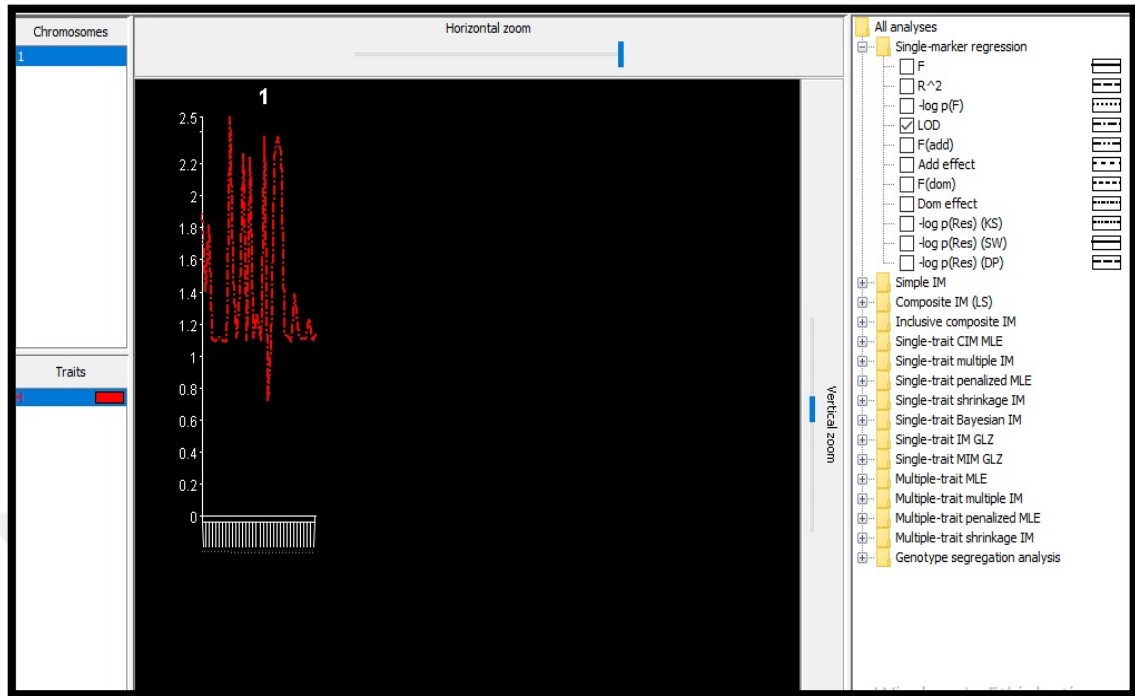
Formüldeki LR= 10'luk tabanda LOD skorunu, r= rekombinant sayısını, θ = iki lokus arasında rekombinasyon sayısını ve n= mayoz sayısını ifade etmektedir. Rekombinasyon frekansı <%50 ise iki lokusun birbirine bağlı olduğu ve aynı linkage grubunda yer aldıkları kabul edilir. Dolayısıyla, lokusların arasında bağlantı olması için elde edilen sonuç 0.5'e bölünür.

QTL analizlerinde, haritalanan her bir SSR markırının patolojik test sonuçlarıyla olan ilişkileri değerlendirilmiştir. Kantitatif karakter lokusu analizleri Qgene ve MapQTL paket programları kullanılarak yapılmış olup, populasyonlara ait QTL analiz sonuçları Şekil 4.10 ve Şekil 4.11'de verilmiştir.

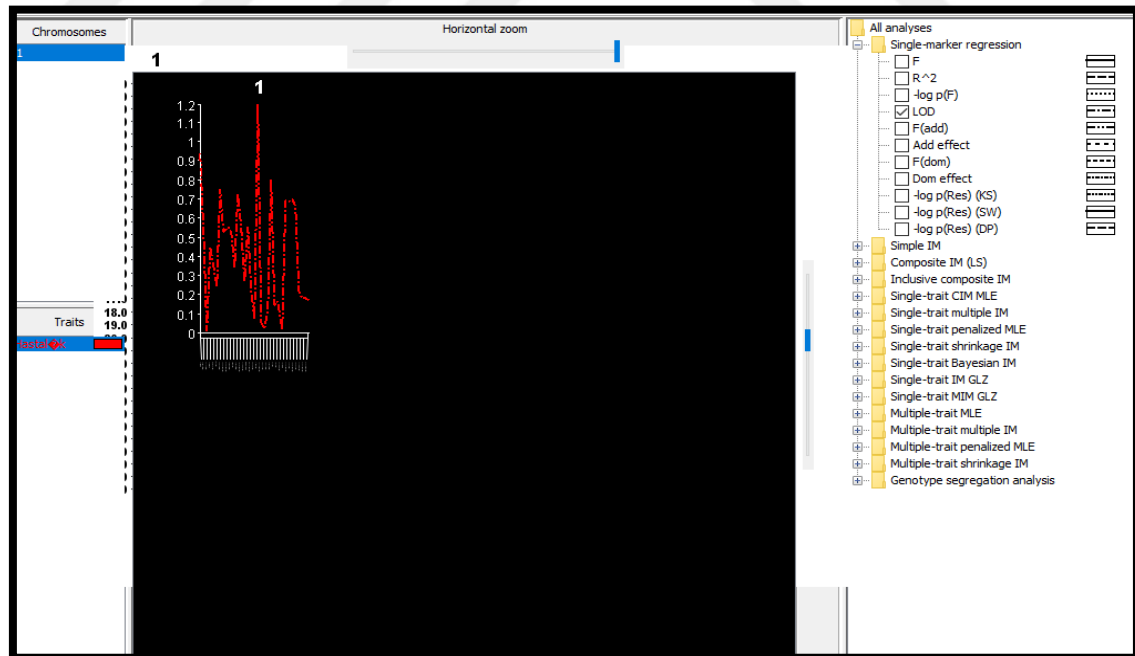
Anlamlı ilişkide olan markırların yer aldığı lokus QTL olarak haritalanmıştır. LS1934xLS2436 ve LS2436xLS1934 melezlerinden üretilen F₂ populasyonları için oluşturulan LOD skor değerleri Çizelge 4.1 ve Çizelge 4.2'de verilmiştir. Skor değerleri incelendiğinde, ilk populasyon için polimorfizm gösteren 33 primerin LOD skorları 0.71-2.494 değerleri arasında değişim gösterirken, ikinci populasyonda bu değer 0.00-0.037 arasında değişim göstermiştir. Her iki populasyonda LOD skoru için eşik değerler 3'ün altında bulunmuştur. Dolayısıyla, hastalık ile ilişkilendirilen QTL'lerin LOD skoru 3'ün altında olduğu için anlamlı bulunamamıştır.

Literatür taramaları sonucunda, *V. dahliae* etmenine karşı dayanıklılık ile ilişkili markır geliştirmeye yönelik benzer bir çalışmada, *Verticillium*'a karşı dayanıklılık ile ilgili olarak, kromozom 8'de bir QTL tanımlanırken, kromozom 5'te major bir QTL ve kromozom 9'da bir minör QTL tespit edilmiştir. Tespit edilen QTL'lerin LOD skorları sırasıyla 3,70, 7,93 ve 3,14 olarak bulunmuştur (Toppino vd., 2018). Çalışmamızda, literatür çalışmasından farklı olarak tür içi melez populasyonlar kullanılmıştır. Türler arası melezleme ile oluşturulan populasyonlarda genetik farklılıkların yüksek olması nedeniyle polimorfik markır sayısının da yüksek çıkması beklenmektedir. Tez çalışmamızda tür içi melez populasyon kullanılmış olmasının, hem polimorfizm oranına hem de LOD skor değerlerine olumsuz yönde etki ettiği düşünülmektedir. Kullanılmış olduğumuz SSR markırlarının polimorfizm oranının düşük olması, polimorfizm gösteren primerlerin kromozomlarda homojen bir şekilde dağılmaması ve ilişkilendirilen QTL'lerin LOD skorunun düşük çıkması nedeniyle yüksek çözünürlüklü bir harita elde edilememiştir.

Bulgular değerlendirildiğinde, *Verticillium* solgunluğuna dayanıklılığın yüksek çözünürlüklü haritalar kullanılarak ilişkili bölge/bölgelerin tespit edilebileceği sonucuna varılmıştır.



Şekil 4.10 LS1934xLS2436 popülasyonu için yapılan QTL analiz sonuçları



Şekil 4.11. LS2436xLS1934 popülasyonu için yapılan QTL analiz sonuçları

Çizelge 4.1. LS1934xLS2436 populasyonu için oluşturulan LOD skor değerleri

Kromozom	Lokus	Pozisyon	SMR (LOD)	SMR (R²)
1	CSM31	0.0	1,885	0,082
1	emh21J12	78.0	1,816	0,079
2	EEMS12	0.0	1,103	0,049
2	eme08D09	42.7	1,089	0,048
2	em4-1a-f	56.3	1,123	0,049
2	emh02E08	62.0	1,092	0,048
3	emsatP20441	0.0	1,089	0,048
3	emsat-P-20420	49.0	2,494	0,106
3	emh05B02	105.0	1,474	0,064
4	emsat-P-4	0.0	1,103	0,049
4	emg01B17	41.3	1,429	0,063
4	emsatP29196	66.4	2,26	0,097
4	emsat29232	90.0	1,089	0,048
5	NBS_1CAPS	0.0	2,239	0,096
5	emsatP38355	26.0	1,106	0,049
6	emx50804	0.0	1,266	0,056
6	emsatP.6	41.3	1,089	0,048
6	emsatP43086	65.0	2,372	0,102
7	emx11402	0.0	0,71	0,032
7	emh11H03	25.0	1,103	0,049
7	emb01A21	37.2	2,256	0,097
8	EM114	0.0	2,37	0,101
8	emf21I02	12.0	2,265	0,097
8	emsat65648	41.7	1,137	0,05
9	SSR107	0.0	1,123	0,049
9	emsatP74631	42.7	1,089	0,048
10	emi02F16	0.0	1,392	0,061
10	emsat-P-79407	47.0	1,11	0,049
11	emx80801	0.0	1,103	0,049
11	emsat89661	39.0	1,106	0,049
12	emsat-P-38468	0.0	1,235	0,054
12	emsatP96874	23.0	1,089	0,048

Çizelge 4.2. LS2436xLS1934 populasyonu için oluşturulan LOD skor değerleri

Kromozom	Lokus	Pozisyon	SMR (LOD)	SMR (R ²)
1	CSM31	0.0	0	0
1	emg11M23	45.8	0.26	0
1	emh21J12	78.0	0	0
2	EEMS12	0.0	0.22	0
2	eme08D09	42.7	0.017	0
2	em4-1a-f	56.3	0.012	0
2	emh02E08	62.0	0.037	0
3	emsatP20441	0.0	0.026	0
3	emsat-P-20420	49.0	0.027	0
3	emh05B02	105.0	0.026	0
4	emsat-P-4	0.0	0.017	0
4	emg01B17	41.3	0.036	0
4	emsatP29196	66.4	0.027	0
4	emsat29232	90.0	0.013	0
5	NBS_1CAPS	0.0	0.027	0
5	emsatP38355	26.0	0.011	0
6	emx50804	0.0	0.004	0
6	emsatP.6	41.3	0.058	0
6	emsatP43086	65.0	0.003	0
7	emx11402	0.0	0.001	0
7	emh11H03	25.0	0.006	0
7	emb01A21	37.2	0.039	0
8	EM114	0.0	0	0
8	emf21I02	12.0	0.008	0
8	emsat65648	41.7	0.001	0
9	SSR107	0.0	0	0
9	emsatP74631	42.7	0.034	0
10	emi02F16	0.0	0.034	0
10	emsat-P-79407	47.0	0.032	0
11	emx80801	0.0	0.011	0
11	emsat89661	39.0	0.009	0
12	emsat-P-38468	0.0	0.009	0
12	emsatP96874	23.0	0.008	0

Verticillium solgunluğuna karşı dayanıklılıkla ilişkili yüksek çözünürlüklü harita elde etmek amacıyla öncelikle ebeveynlerde tüm genom analizi yapılmıştır. Tüm genom analizinin sadece ebeveynlerde yapılmasının amacı öncelikle ebeveynler arasındaki genetik farklılıkları ortaya koyabilmek, daha sonrasında ise bu farklılıkları elde edilen fenotipik verilerle ilişkilendirmektir.

4.4 Tüm Genom Analizi Çalışmaları

Haritalama popülasyonunun ebeveynleri, yeni nesil dizileme teknolojisi kullanılarak dizinlenmiştir. Dizileme sonucunda hassas (LS1934) ve dayanıklı (LS2436) için sırasıyla 351,410,108 ve 311,760,498 adet okuma oluşturulmuştur. Bu okumalardan hassas (LS1934) ve dayanıklı (LS2436) ebeveynler için sırasıyla 349,833,347 ve 308,634,342 adedi patlıcan genomunda haritalanmıştır. Okumaların büyük bir çoğunluğu hassas (LS1934) ve dayanıklı (LS2436) için sırasıyla, %99,55 ve %99'dur.

Hizalama sonucunda hassas (LS1934) ve dayanıklı (LS2436) ebeveynler için sırasıyla, 1,943,491 ve 1,957,973 adet SNP markırı geliştirilmiştir. Bu markırlardan 1,039,550 adedinin ebeveynler arasında polimorfik olduğu belirlenmiştir. Gramazio vd. (2019), yapmış oldukları çalışmada ortalama 19,8x derinlikte yeniden dizileme yaparak ve yüksek kaliteli referans genomu “67/3” ile karşılaştırarak 10 milyondan fazla güvenilir polimorfizm keşfetmişlerdir. Polimorfizm'in 9 milyondan fazlası (%84,5) tek nükleotid polimorfizmi ve 700,000'den fazlası (%6,5) InDel'den oluşmuştur. Ancak *S. melongena* örnekleri için tanımlanan varyantlar 0,8 ila 1,3 milyon arasında değişim gösterirken, yabani *S. incanum* için 9 milyondan fazla varyant tespit edilmiştir. Bu durum patlıcanın dar genetik çeşitliliğini doğrulamaktadır. Çalışmamızda elde edilen polimorfik SNP sayısı literatür ile karşılaştırıldığında ortalama değerler içinde bulunmuştur.

SNP markırlarına ek olarak InDel markırları da tez kapsamında geliştirilmiştir. Ebeveynlere ait okumaların referans genomda haritalanması sonucu hassas (LS1934) ve dayanıklı (LS2436) genotipler için sırasıyla, 173,573 ve 173,728 adet InDel markırı geliştirilmiştir. Bu markırlardan 221,764 adedi, ebeveynler arasında polimorfik olarak bulunmuştur. Bu InDel markırlarının 4,249 adedi ebeveynler arasında en az 30 nükleotid alel farklılığına sahip olup agaroz jel elektroforezi analizlerine uygun olduğu belirlenmiştir. Bu markırlar patlıcan genomunda fiziksel olarak haritalanmış ve patlıcan genomunda homojen olarak dağılım göstermiştir. Genom haritası yüksek çözünürlükte olup (0,27 Mb/InDel) markır olacak şekilde oluşturulmuştur. Şekil 4.12'de 4,249 adet markır ile oluşturulan genom haritası verilmiştir. Şekil 4.13 ve 4.14'de InDel markırların kromozom üzerindeki dağılımı ile Şekil 4.15 ve Şekil 4.16'da SNP markırların kromozom üzerindeki dağılımı verilmiştir.

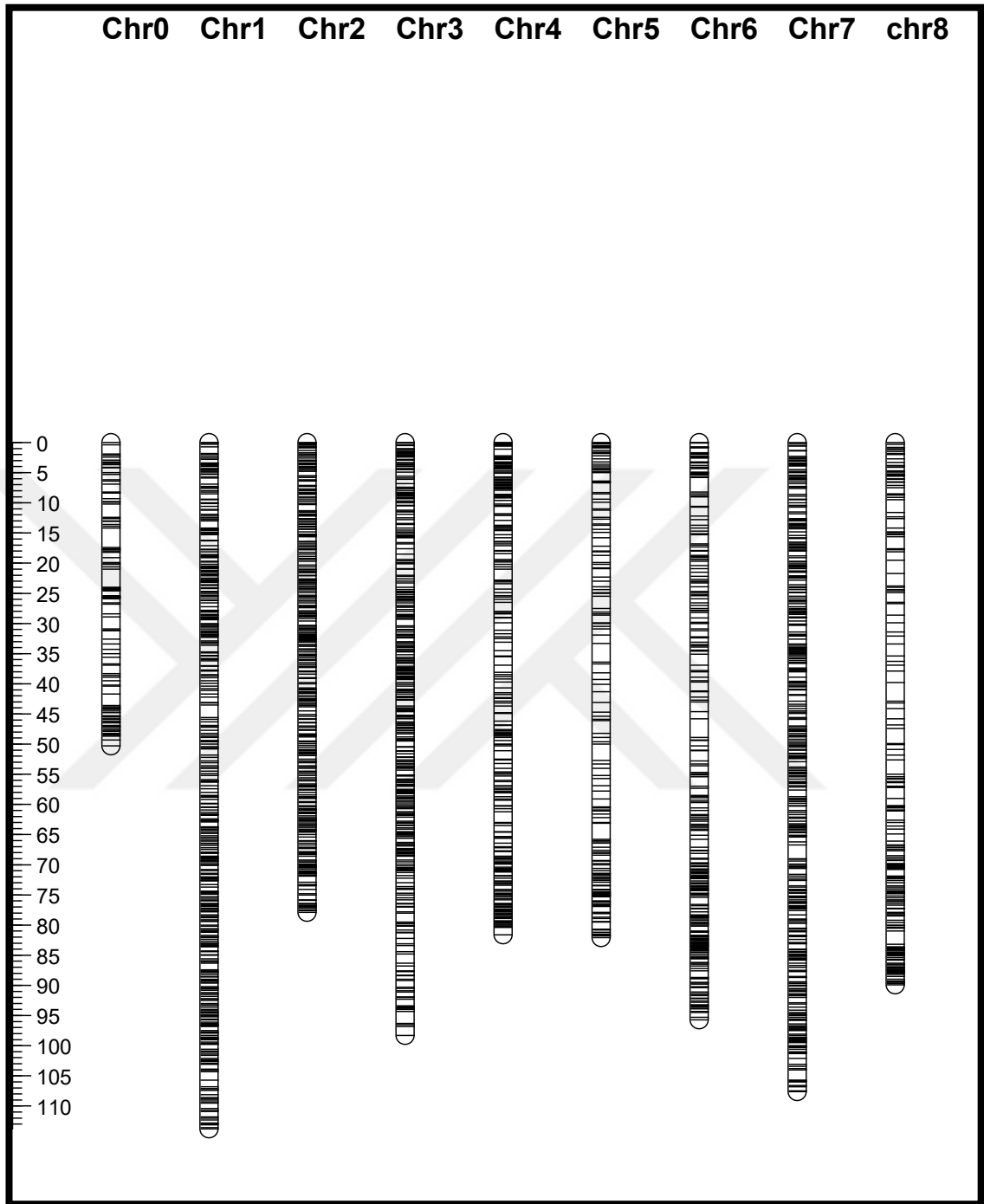
InDel, aynı veya yakın ilişkili türler arasındaki genom dizisindeki aynı bölgede farklı boyutlardaki nükleotid parçalarının eklenmesini veya silinmesini (insersiyon-delesyon) ifade eder. Kısaca homolog dizinin hizalanmasından sonra türetilen bir dizi boşluğudur. InDel, genom boyunca yaygın olarak dağılım göstermektedir. Aynı zamanda genomda yüksek yoğunlukta ve çok sayıda bulunmaktadır. InDel, ekleme/silme dizisinin bölgesinin her iki tarafından tasarlanan spesifik primerlerle PCR'da çoğaltılabilen bir markır çeşididir. InDel markırların genomda bol miktarda bulunması ve diğer avantajları nedeniyle hayvan ve bitki popülasyonlarının genetik analizlerinde, MAS çalışmalarında, adli tıpta ve diğer araştırma alanlarında kullanımı yaygındır (Yang vd., 2016).

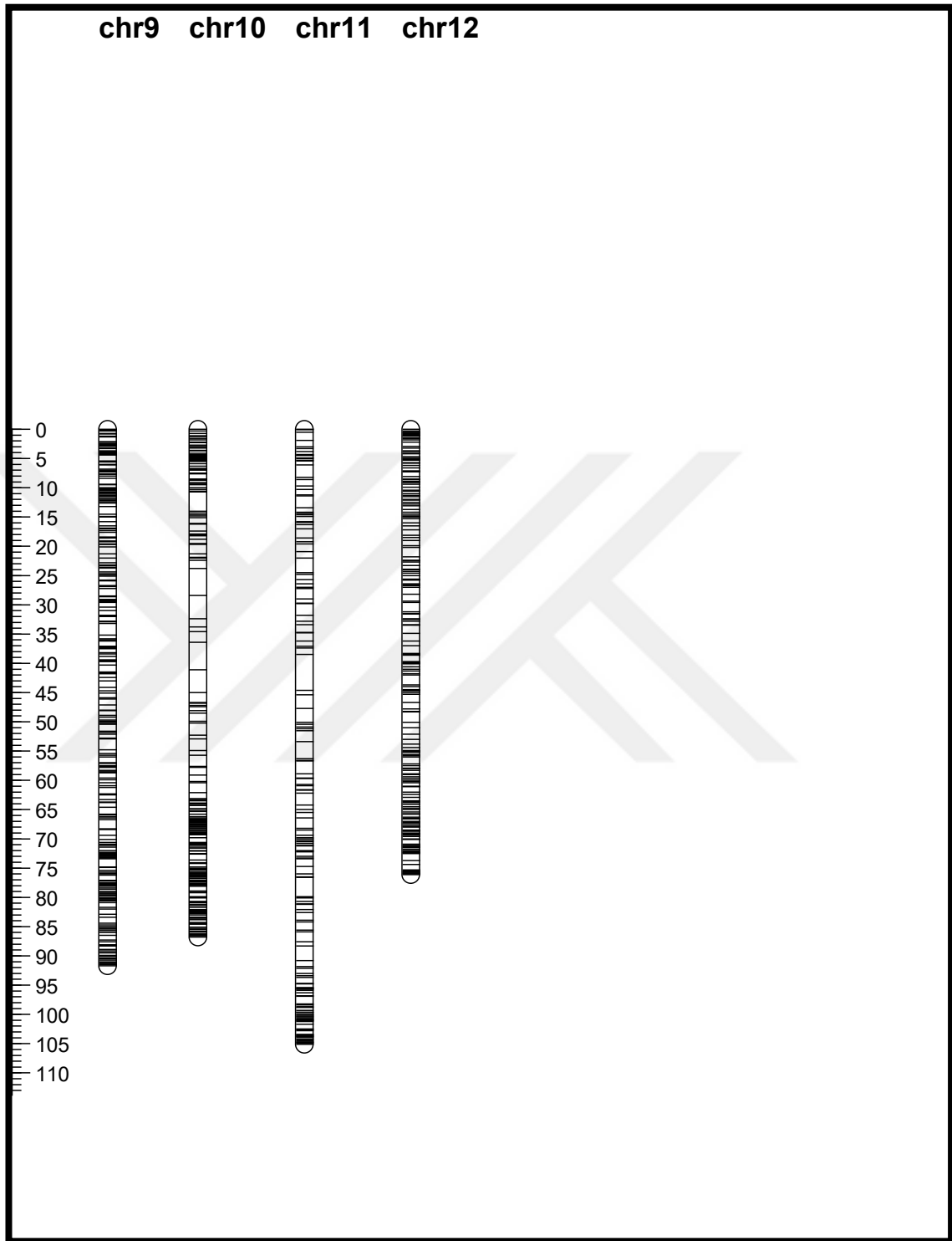
Bitki genomlarının yüksek çözünürlükte genotiplenmesine olanak veren Indel markır yöntemi, kantitatif karakterler lokuslarının (QTLs) haritalanması çalışmalarında başarılı bir şekilde kullanılmaktadır (Gramazio vd., 2019; Jin vd., 2022; Fang vd., 2023)

Tüm genom dizilemesi sonucunda ebeveynler arasında polimorfik olduğu belirlenen 221,764 adet Indel markır elde edilmiştir. InDel markırlarının 4,249 adedi ebeveynler arasında en az 30 nükleotit alel farklılığına sahip olup agaroz jel elektroforezi analizlerine uygun olduğu belirlenmiştir. Elde edilen Indel markırlar, laboratuvar alt yapımıza uygun olduğu için gelecek dönemki dayanıklılık ıslahı çalışmalarında rahatlıkla kullanılabilir. Toplam Indel markır sayısı 4,249 adet olduğu için öncelikle daha önce haritalanması yapılmış ve hastalık ile ilişkilendirilmiş kromozom bölgelerinde bulunan Indel markırlarla çalışılacaktır.

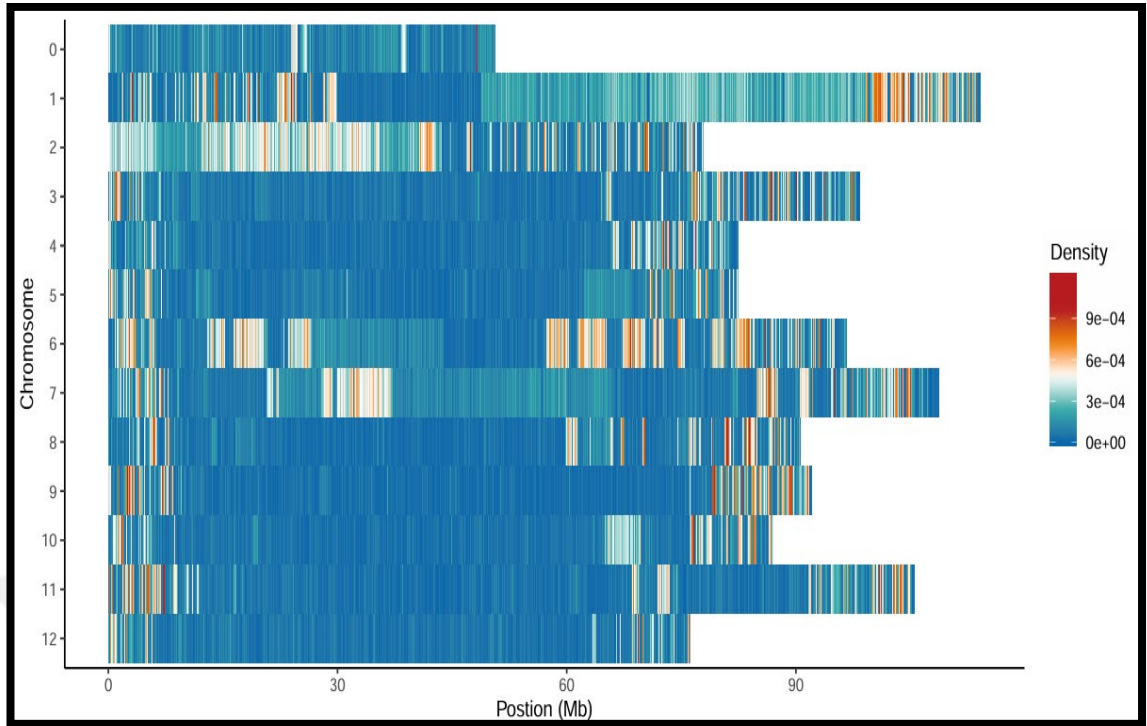
Verticillium solgunluğuna karşı markır geliştirilmesine yönelik çalışmada kromozom 5, kromozom 8'de majör QTL ve kromozom 9'da minör bir QTL tespit edilmiştir. Çalışmada Verticillium'a dayanıklılık kaynağı olarak '67/3' genotipi kullanılmıştır (Barchi vd., 2018; Toppino vd., 2018). Tez çalışmamızda dayanıklılık kaynağı olarak kullanılan genotip (LS2436) farklı olsa da öncelikle kromozom 5 ve kromozom 8'den elde ettiğimiz Indel markırlar populasyonlara denenecek ve hastalıkla ilişkilendirilmeye çalışılacaktır. Ancak kromozom 5 ve kromozom 8'deki Indel markırların ilişkilendirilememesi durumunda ise kromozom 3'deki Indel markırlar sentezletilerek populasyona denenecektir. Kromozom 3'ü referans almamızın nedeni haritalama çalışmalarında en yüksek LOD skorlarının 3. kromozomdan alınmış olmasıdır. Kromozom 3'deki Indel markırların ilişkilendirilememesi durumunda ise diğer kromozomlardan 10 adet Indel markır seçilerek populasyona denenerek ilişkilendirilecektir.

Tüm genom dizilemesi sonucunda ebeveynler arasında polimorfik olduğu belirlenen en az 30 nükleotit alel farklılığına sahip agaroz jel elektroforezine uygun 4,249 adet Indel markır elde edilmiştir. Elde edilen Indel markırlar ve SNP verileri LS1934 ve LS2436 melezlemesiyle oluşturulan populasyonlarda farklı fenotipik karakterlerle ilişkilendirilerek (bitki boyu, meyve rengi, meyve boyu, çiçeklenme dönemi) gelecekteki patlıcan moleküler ıslah araştırmalarında kullanılabilir.

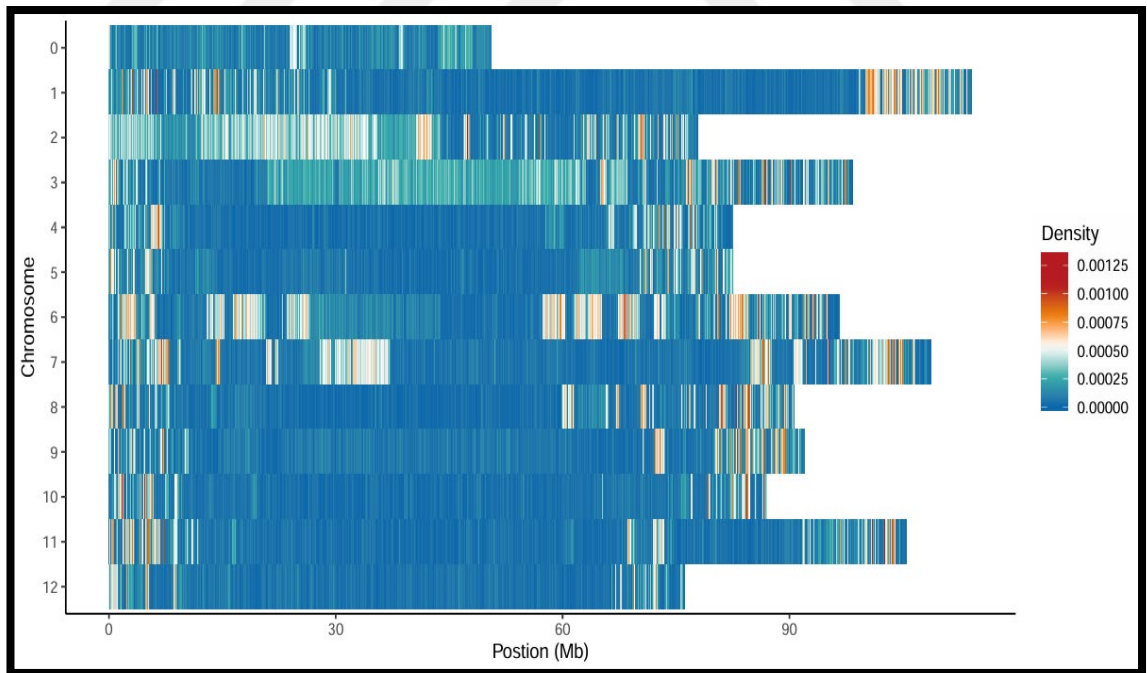




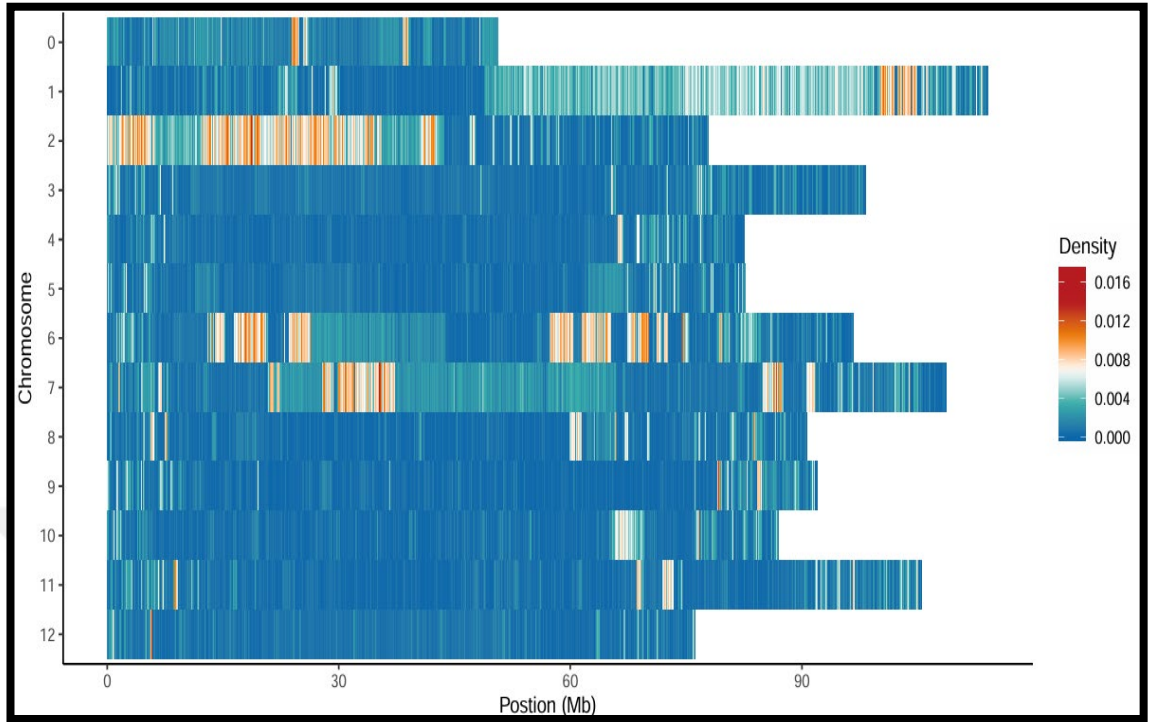
řekil 4.12. Tüm genom analizi sonucunda oluşturulan genom haritası



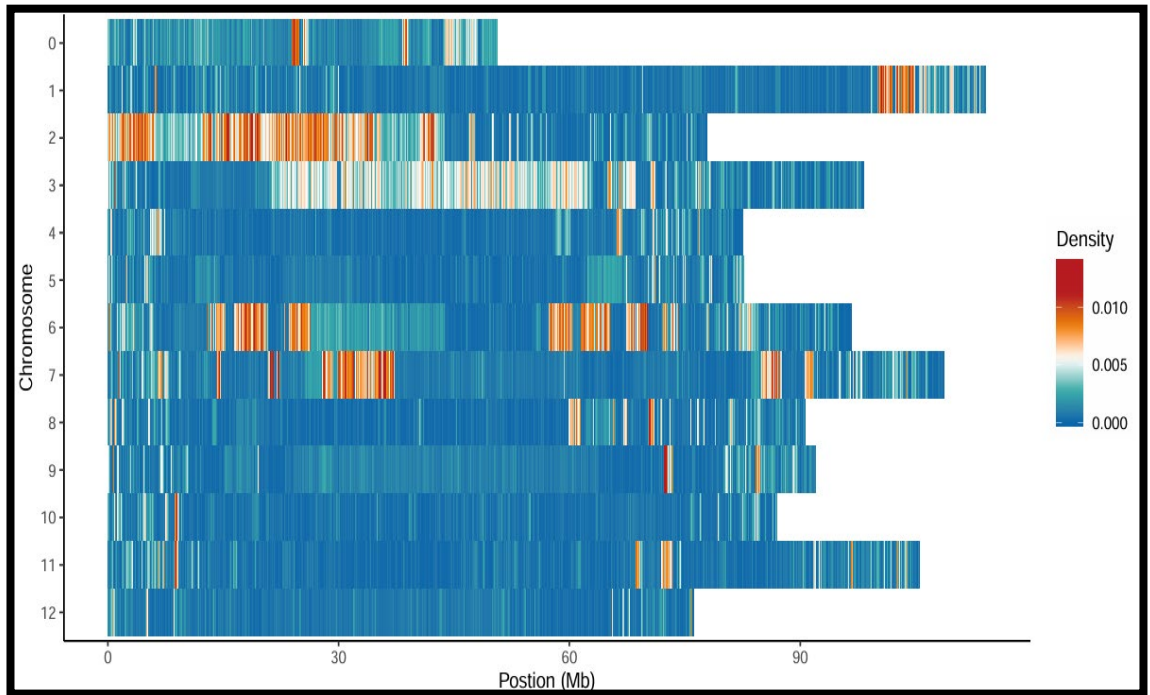
Şekil 4.13. Indel markırların kromozom üzerindeki dağılımı (Dayanıklı-LS2436)



Şekil 4.14. Indel markırların kromozom üzerindeki dağılımı (Hassas-LS1934)



Şekil 4.15. SNP markırların kromozom üzerindeki dağılımı (Dayanıklı-LS2436)



Şekil 4.16. SNP markırların kromozom üzerindeki dağılımı (Hassas-LS1934)

5. SONUÇLAR

Verticillium solgunluğu, patlıcan üretiminde karşılaşılan en önemli hastalıklardan biridir. Hastalığa karşı uygulanan kimyasal mücadelenin etkisiz olması nedeniyle kültürel önlemler ile mücadele edilmektedir. Kültürel yöntemler kullanarak yapılan mücadele, *V. dahliae*'ye karşı etkili olmadığı gibi ekonomik de değildir. *Verticillium solgunluğu* ile en etkili mücadele dayanıklı ıslah hatlarının geliştirilmesidir.

V. dahliae etmenine karşı dayanıklı genotipler elde etmek amacıyla Batı Akdeniz Tarımsal Araştırma Enstitüsünde ıslah programı başlatılarak dayanıklı genotipler elde edilmiştir. Ancak, klasik testleme metotlarıyla dayanıklı genotiplerin geliştirilmesi uzun zaman almakta ve iklim koşulları başarıyı etkilemektedir. Markırların ıslah çalışmalarında kullanımıyla kısa zamanda güvenilir sonuçlar elde edilebilmektedir.

Liu vd. (2015), etmene karşı dayanıklılık ile ilişkili *Ve* genine 2,7 cM uzaklıkta SCAR markırı tasarlayarak geliştirmiştir. TAGEM/BBAD/B/20/A1/P1/1524 no'lu proje kapsamında, Liu vd. (2015), tarafından geliştirilen SIVR844 markırı BATEM (Batı Akdeniz Tarımsal Araştırma Enstitüsü) gen havuzunda yer alan 50 adet patlıcan genotipine denenmiştir. Klasik ve moleküler testleme sonuçları karşılaştırıldığında, bazı dayanıklı ve hassas genotiplerin ayrımı yapılamamıştır. Dolayısıyla, *Verticillium solgunluğu*na karşı BATEM gen havuzundaki ıslah hatlarına özgü yeni markır/markırların geliştirilmesi dayanıklılık ıslahı çalışmaları için büyük önem arz etmektedir.

Tez projesi kapsamında, 350 adet SSR markırı QTL haritalama çalışmalarında kullanılmak üzere ebeveynlere denenmiş polimorfizm oranı düşük çıktığı için yüksek çözünürlüklü bir harita elde edilememiştir. Çalışmamızda polimorfizm oranının düşük çıkmasının, tür içi melez populasyon kullanılmış olmasından kaynaklandığı düşünülmektedir. Nitekim, çalışmamızda elde edilen polimorfizm oranları literatür çalışmasındaki polimorfizm oranlarından düşük bulunmuştur. Polimorfizm yüzdesini artırmak, ebeveynler arasındaki farklılıkları tespit edebilmek ve genomu daha detaylı tarayabilmek amacıyla yeni nesil dizileme teknolojisi kullanılarak ebeveynlere tüm genom analizi yapılmıştır.

Dizileme sonucunda ebeveynler arasında polimorfik olduğu belirlenen 1,039,550 SNP markırı elde edilmiştir. SNP'ler genom çapında oldukça yaygındırlar ve her zaman gözlenebilir bir fenotip ile ilişkili olmayabilirler. Bitkilerde fenotip üzerindeki çevre ilişkisi göz önünde bulundurulduğunda, farklı iklim koşullarında yetiştirilen bitkilerde gözlenen fenotipik değişikliklerle ilişkilendirmesi temeline dayanan genom çapında ilişkilendirme (Genome Wide Association) ve dizileme ile genotipleme (GBS) çalışmaları fenotip ile ilişkili olan SNP'lerin tespitinde güvenilir ve yaygın bir biçimde kullanılmaktadır. Fenotipik verilerle ilişkilendirilen SNP'ler ıslah programlarında seleksiyon amacıyla kullanılabilir. Fakat SNP çalışmaları yüksek maliyetli çalışmalar olup biyoinformatik konusunda derin bir bilgi birikimi gerektirmektedir. Aynı zamanda geliştirilecek olan SNP markırlarının Real time PCR'a uygun özel boyalar içermesi, populasyonlarda yapılacak analiz maliyetlerinin de artmasına neden olacaktır. Dolayısıyla, *Verticillium dahliae*'ye dayanıklılık ile ilişkili düşük maliyetli markır geliştirmek için gelecek yıllarda yapılacak olan çalışmalarda Indel verileri kullanılacaktır. Indel markırlarının 4,249 adedi ebeveynler arasında en az 30 nükleotit alel farklılığına

sahip olup agaroz jel elektroforezi analizlerine uygun olduğu belirlenmiştir. Elde edilen Indel markırlar laboratuvar alt yapımıza uygun olduğu için gelecek dönemki moleküler çalışmalarında rahatlıkla kullanılabilir.

Gelecek dönem, hastalık ile markırların ilişkilendirmesine yönelik yapacağımız çalışmada hastalık ile daha önce ilişkilendirilmiş kromozom bölgeleri çalışılacaktır. Ancak, daha önce ilişkili kromozomlardaki markırların hastalık ile ilişkilendirilememesi durumunda ise her kromozomdan 10 adet Indel markır seçilerek popülasyona denenecektir. Indel markır/markırların dayanıklılık ile ilişkilendirilmesi durumunda ise ilişkilendirilmesi yapılan ilgili kromozom bölgesine ait tüm Indel markırlar sentezletilerek popülasyonlara denenecektir.

BATEM gen havuzunda LS1934 ve LS2436 melezlemesiyle oluşturulan farklı kademelerde popülasyonlar mevcuttur. LS1934 ve LS2436 ebeveynlerinin tüm genom sekanslaması sonrasında büyük bir moleküler veri seti elde edilmiştir. Elde edilmiş olan bu veri seti kullanılarak farklı popülasyonlarda fenotipik veriler ilişkilendirilerek yeni markır/markırlar elde edilebilir.

6. KAYNAKLAR

- Adeniji, O. T., Kusolwa, P., Reuben, S. O. W. M., & Deo, P. (2012). Molecular diversity among seven *Solanum* (eggplant and relatives) species assessed by simple sequence repeats (SSRs) markers. *African Journal of Biotechnology*, 11(90), 15643-15653.
- Anonymous, 2000. Food and Agriculture Organization (FAO). <http://apps.fao.org>
- Altınok, H.H., Kamberoğlu, M.A., 2005. Adana ve Mersin illerinde patlıcan üretim alanlarında *Fusarium* ve *Verticillium* solgunluk hastalıklarının yaygınlığı ve şiddeti. Çukurova Üniv. Ziraat Fak. Derg., 20 (4): 1-8.
- Altınok, H., Boyacı, H.F., Topçu, V. 2012. Prevalence of *Fusarium* and *Verticillium* wilts in greenhouse eggplant production areas of Antalya, Mersin and Samsun provinces and geographical distribution of the virulence of the isolates. Atatürk University Journal of the Agricultural Faculty 43(2): 107-115.
- Barabaschi, D., Tondelli, A., Desiderio, F., Volante, A., Vaccino, P., Valè, G., & Cattivelli, L. 2016. Next generation breeding. *Plant Science*, 242, 3-13.
- Barchi, L., Toppino, L., Valentino, D., Bassolino, L., Portis, E., Lanteri, S., & Rotino, G. L. 2018. QTL analysis reveals new eggplant loci involved in resistance to fungal wilts. *Euphytica*, 214, 1-15.
- Başay, S. (2006). *Patlıcan (Solanum melongena L.)'da Verticillium dahliae kleb.'e dayanıklı hatların geliştirilmesi* (Doctoral dissertation, Bursa Uludağ University ,Turkey.
- Berg, G., Fritze, A., Roskot, N., Smalla, K. 2001. Evaluation of potential biocontrol Rhizobacteria from different host plants of *Verticillium dahliae* Kleb. Journal of Applied Microbiology 91, 963–971.
- Bhat, R.G., Subbarao, K.V., 1999. Host range specifity in *Verticillium dahliae*. Phytopathology, 89, 1218-1225.
- Bletsos F. A., Thanassouloupoulos C., Roupakias D. 2003. Effect of grafting on growth, yield, and *Verticillium* wilt of eggplant. HortScience, 38 (2), 183-186.
- Bolek, Y., El-Zik, K. M., Pepper, A. E., Bell, A. A., Magill, C. W., Thaxton, P. M., & Reddy, O. U. K. (2005). Mapping of *Verticillium* wilt resistance genes in cotton. *Plant Science*, 168(6), 1581-1590.
- Boyacı, F. 2007. Patlıcanlarda *Fusarium* Solgunluğuna Dayanıklılık Kaynakları ve Dayanıklılığın Kalıtımı. Çukurova Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü 96s.

- Chapman, M.A. 2020. Eggplant breeding and improvement for future climates. In *Genomic Designing of Climate-Smart Vegetable Crops*, 257-276.
- Collonnier, C., Fock, I., Kashyap, V., Rotino, G. L., Daunay, M. C., Lian, Y., ... & Sihachakr, D. (2001). Applications of biotechnology in eggplant. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture*, 65, 91-107.
- Çolak Ateş, A. 2020. Investigation of resistance to *Verticillium* wilt disease (*Verticillium dahliae* Kleb.) in eggplant genotypes. *Bitki Koruma Bülteni / Plant Protection Bulletin* 60 (4): 5-11.
- Derviş, S., Yetisir, H., Yıldırım, H., Tok, F.M., Kurt, S., Karaca, F. 2009. Genetic and pathogenic characterization of *Verticillium dahliae* isolates from eggplant in Turkey. *Phytoparasitica* 37: 467-476.
- Doganlar, S., Frary, A., Daunay, M. C., Lester, R. N., & Tanksley, S. D. 2002. A comparative genetic linkage map of eggplant (*Solanum melongena*) and its implications for genome evolution in the Solanaceae. *Genetics*, 161(4), 1697-1711.
- Doksöz Boncukçu, S., Geboloğlu, N., Şahin, F., & Yanar, Y. 2023. Determination of *Verticillium* and *Fusarium* wilt resistance levels of different interspecific hybrid eggplant lines. *Hort. Sci.(Prague)*, 50, 152-158.
- Doyle, J. 1991. DNA protocols for plants. In *Molecular techniques in taxonomy* (pp. 283-293). Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg.
- Ergül, C., DÜLGER, B. 2000. A New Myxomycetes Genus Record for Turkey (Stemonitopsis (Nann.-Brem.) Nann.-Brem.). *Turkish Journal of Botany*, 24(6), 355-357.
- Ezio, P., Segio, L., Lorenzo, B., Flavio, P., Luisa, V., Laura, T.,Guiseppe, L. T. ve Alberto, A. 2018. Comprehensive Characterization of Simple Sequence Repeats in Eggplant (*Solanum melongena* L.) Genome and Construction of a Web.
- Fang, H., Wang, P., Wang, W., Peng, J., Zheng, J., Zhu, G., Yu, W. 2023. Fine mapping and identification of SmAPRR2 regulating rind color in eggplant (*Solanum melongena* L.). *International Journal of Molecular Sciences*, 24(4), 3059.
- FAOSTAT, 2022. Crops and livestock products. www.fao.org/faostat/en/#data/qcl (Erişim: Ekim 2024).
- Fei, J., Chai, Y., Wang, J., Lin, J., Sun, X., Sun, C., Tang, K. (2004). cDNA cloning and characterization of the Ve homologue gene StVe from *Solanum torvum* Swartz. *DNA Sequence*, 15(2), 88-9
- Ferreira, A., Silva MF, Costa e Silva L. ve Cruz C.D. 2006. Estimating the effects of population on the accuracy of genetic maps. *Genet. Mol. Bio.* 129, 182-192

- Frary, A., Doganlar, S., Daunay, M. C., & Tanksley, S. D. 2003. QTL analysis of morphological traits in eggplant and implications for conservation of gene function during evolution of solanaceous species. *Theoretical and Applied Genetics*, 107, 359-370.
- Garibaldi, A., Minuto, A., & Gullino, M. L. 2005. Verticillium wilt incited by *Verticillium dahliae* in eggplant grafted on *Solanum torvum* in Italy. *Plant Disease*, 89(7), 777-777.
- Ge, H. Y., Liu, Y., Zhang, J., Han, H. Q., Li, H. Z., Shao, W. T., & Chen, H. Y. 2013. Simple sequence repeat-based association analysis of fruit traits in eggplant (*Solanum melongena*). *Genet Mol Res*, 12(4), 5651-5663.
- Gramazio, P., Prohens, J., Plazas, M., Andújar, I., Herraiz, F. J., Castillo, E., ... & Vilanova, S. 2014. Location of chlorogenic acid biosynthesis pathway and polyphenol oxidase genes in a new interspecific anchored linkage map of eggplant. *BMC plant Biology*, 14, 1-15.
- Gramazio, P., Yan, H., Hasing, T., Vilanova, S., Prohens, J., & Bombarely, A. 2019. Whole-genome resequencing of seven eggplant (*Solanum melongena*) and one wild relative (*S. incanum*) accessions provides new insights and breeding tools for eggplant enhancement. *Frontiers in plant science*, 10, 1220.
- Guo, T., Wang, Y., Mo, J., Wang, Y., Huang, S., Li, Q., Tang, L. 2015. Resistance identification of eggplant variety resources to *Verticillium* wilt. *Journal of Southern Agriculture* 46(11): 1975-1979.
- Hayes, R. J., Maruthachalam, K., Vallad, G. E., Klosterman, S. J., & Subbarao, K. V. 2011. Selection for resistance to *Verticillium* wilt caused by race 2 isolates of *Verticillium dahliae* in accessions of lettuce (*Lactuca sativa* L.). *HortScience*, 46(2), 201-206.
- Hirakawa, H., Shirasawa, K., Miyatake, K. O. J. I., Nunome, T., Negoro, S., Ohyama, A. K. I. O., Fukuoka, H. 2014. Draft genome sequence of eggplant (*Solanum melongena* L.): the representative solanum species indigenous to the old world. *DNA research*, 21(6), 649-660.
- Inderbitzin, P., Subbarao, K.V. 2014. *Verticillium* systematics and evolution: How confusion impedes *Verticillium* wilt management and how to resolve it. *Phytopathology* 104(6): 564-574.
- Jamieson, S. E., Peixoto-Rangel, A. L., Hargrave, A. C., de Roubaix, L. A., Mui, E. J., Boulter, N. R., ... & Blackwell, J. M. 2010. Evidence for associations between the purinergic receptor P2X7 (P2RX7) and toxoplasmosis. *Genes & Immunity*, 11(5), 374-383.
- Jansky, S., Rouse, D. I., & Kauth, P. J. 2004. Inheritance of resistance to *Verticillium dahliae* in diploid interspecific potato hybrids. *Plant Disease*, 88, 1075-1078.

- Jin, P., Guo, X., Guo, M., Li, R., Li, Q., Cheng, P., & Wang, B. (2022). Genome-wide association mapping of resistance to powdery mildew in regional trials of wheat mainly from China. *Plant Disease*, 106(10), 2701-2710.
- Kamal, M., Saydam, C. 1970. Verticillium wilt of eggplant in Turkey. *Plant Disease Reporter* 54(3): 241-243.
- Khiareddine, H.J., Remadi, M.D., Hibar, K., Ayed, F., and Mahjoub, M.E. 2006. Pathogenecity of Tunisian isolates of tür Verticillium species on Tomato eggplant. *Plant pathology journal* 5(2): 199-207.
- Land, C. J., Lawrence, K. S., Burmester, C. H., Meyer B. 2017. Cultivar irrigation and soil contribution to the enhancement of Verticillium wilt disease in cotton. *Crop Protection*, 96; 1-6.
- Lander, E.S. ve Botstein, D. 1989. Mapping Mendilin factors underlying quantitative traits using RFLP linkage maps. *Genetics*, 121, 185-199.
- Lebeau, A., Gouy, M., Daunay, M.C., Wicker, E., Chiroleu, F., Prior, P., Frary, A., Dintinger, J. 2013. Genetic mapping of a major dominant gene for resistance to *Ralstonia solanacearum* in eggplant. *Theoretical and Applied Genetics* 126: 143-158.
- Lee, P. Y., Costumbrado, J., Hsu, C. Y., & Kim, Y. H. 2012 . Agarose gel electrophoresis for the separation of DNA fragments. *Journal of visualized experiments: JoVE*, (62), 3923.
- Li, D., Qian, J., Li, W., Jiang, Y., Gan, G., Li, W., Wang, Y. 2019. Genome sequence and analysis of the eggplant (*Solanum melongena* L.). *BioRxiv*, 824540.
- Li, H., Wang, Z., Hu, X., Shang, W., Shen, R., Guo, C., Subbarao, K. V. 2019. Assessment of resistance in potato cultivars to Verticillium wilt caused by *Verticillium dahliae* and *Verticillium nonalfalfae*. *Plant disease*, 103(6), 1357-1362.
- Li, Y., Li, Y., Yang, Q., Song, S., Zhang, Y., Zhang, X., ... & Li, Y. 2024. Dual Transcriptome Analysis Reveals the Changes in Gene Expression in Both Cotton and *Verticillium dahliae* During the Infection Process. *Journal of Fungi*, 10(11), 773.
- Liu, J., Zheng, Z., Zhou, X., Feng, C., & Zhuang, Y. 2015. Improving the resistance of eggplant (*Solanum melongena*) to Verticillium wilt using wild species *Solanum linnaeanum*. *Euphytica*, 201, 463-469.
- López-Escudero, F. J., Del Río, C., Caballero, J. M., & Blanco-López, M. A. 2004. Evaluation of olive cultivars for resistance to *Verticillium dahliae*. *European Journal of Plant Pathology*, 110, 79-85.

- Markakis, E. A., Tjamos, S. E., Antoniou, P. P., Roussos, P. A., Paplomatas, E. J., & Tjamos, E. C. 2010. Phenolic responses of resistant and susceptible olive cultivars induced by defoliating and nondefoliating *Verticillium dahliae* pathotypes. *Plant Disease*, 94(9): 1156-1162.
- Miller, A.S., Rowe, C.R., Riedel, M.R. 1996. Fusarium and Verticillium wilts of tomato, potato, pepper and eggplant. The Ohio State University Extension Plant Pathology, HGY-3122-96.
- Miyatake, K., Saito, T., Negoro, S., Yamaguçi, H., Nunome T., Ohyama, A., Fukuoka, H. 2016. Detailed mapping of a resistance locus against *Fusarium* wilt in cultivated eggplant (*Solanum melongena*). *Theor. Appl. Genetic* 129: 357–367.
- Nadeem, M. A., Nawaz, M. A., Shahid, M. Q., Doğan, Y., Comertpay, G., Yıldız, M., Baloch, F. S. 2018. DNA molecular markers in plant breeding: current status and recent advancements in genomic selection and genome editing. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 32(2): 261-285.
- Negahi, A., Sarrafi, A., Ebrahimi, A., Maury, P., Prosperi, J. M., Ben, C., & Rickauer, M. 2013. Genetic variability of tolerance to *Verticillium albo-atrum* and *Verticillium dahliae* in *Medicago truncatula*. *European journal of plant pathology*, 136, 135-143.
- Nelson, J. C. 1997. QGENE: software for marker-based genomic analysis and breeding. *Molecular breeding*, 3(3): 239-245.
- Nunome, T., Negoro, S., Kono, I., Kanamori, H., Miyatake, K., Yamaguchi, H., ... & Fukuoka, H. 2009. Development of SSR markers derived from SSR-enriched genomic library of eggplant (*Solanum melongena* L.). *Theoretical and applied genetics*, 119, 1143-1153.
- Palloix, A., Pochard, E., Phaly, T., & Daubeze, A. M. (1990). Recurrent selection for resistance to *Verticillium dahliae* in pepper. *Euphytica*, 47, 79-89.
- Paterson, A. H., Lander, E. S., Hewitt, J. D., Peterson, S., Lincoln, S. E., & Tanksley, S. D. 1988. Resolution of quantitative traits into Mendelian factors by using a complete linkage map of restriction fragment length polymorphisms. *Nature*, 335(6192), 721-726.
- Paterson, A.H. 1996. Making genetic maps. In: Paterson AH (ed). *Genome mapping in Plants*, p. 23-37, Academic Pres, NY.
- Pang, Y. Z., Wang, Z. H., Guo, S. S., Zhang, S. S., Zheng, L. W., Zhang, J. Z., & Guo, D. P. (2021). *Verticillium dahliae* reduces plant growth, constitutively induces antioxidant metabolism and gene expression in eggplant (*Solanum melongena* L.). *Physiological and Molecular Plant Pathology*, 114, 101641.

- Pegg, G.F., Brady, B.L., 2002. *Verticillium Wilts*. CAB International, UK. 552p.
- Sakata, Y., Monma, S., Narikawa, T., & Kömeci, S. 1986. Evaluation of resistance to bacterial wilt and *Verticillium* wilt in eggplants (*Solanum melongena* L.) collected in Malaysia. *Journal of the Japanese Society for Horticultural Science*, 65(1), 81-88.
- Sandoya, G. V., Truco, M. J., Bertier, L. D., Subbarao, K. V., Simko, I., Hayes, R. J., & Michelmore, R. W. 2021. Genetics of partial resistance against *Verticillium dahliae* race 2 in wild and cultivated lettuce. *Phytopathology*®, 111(5), 842-849.
- Scott, J.W. 2005. Perspective on tomato disease resistance breeding: past, present and future. *Acta Horticulturae* 695.
- Semagn, K., Bjørnstad, Å., & Ndjiondjop, M. N. 2006. An overview of molecular marker methods for plants. *African journal of biotechnology*, 5-25.
- Shi, A., Mou, B., Correll, J., Motes, D., Weng, Y., Qin, J., & Yang, W. 2016. SNP association analysis of resistance to *Verticillium* wilt (*Verticillium dahliae*) in spinach. *Australian Journal of Crop Science*, 10(8), 1188-1196.
- Sciancalepore, A., Martelli, G., Acciarri, N., Rotino, G. L., Valentino, D., Tamietti, G., & Sunseri, F. (2002, August). Development of RAPD-AFLP map of eggplant and improvement of tolerance to *Verticillium* wilt. In XXVI International Horticultural Congress: Biotechnology in Horticultural Crop Improvement: Achievements, Opportunities and 625 (pp. 107-115).
- Silva, L. D. C. E., Wang, S., & Zeng, Z. B. (2012). Composite interval mapping and multiple interval mapping: procedures and guidelines for using Windows QTL Cartographer. *Quantitative Trait Loci (QTL) Methods and Protocols*, 75-119.
- Snyder, W.C., Smith, S.N. 1981. Current Status. In. M.E. Mace, A.A. Bell, C. H. Beckman (Editors) *Fungal Wilt Diseases of Plant*. Academic Press, 25-48.
- Stravato., V.M, Capelli, C., Polverari, A. 1993. *Fusarium oxysporum* f. sp. *melongenae* on the eggplant. *Informatore-Fitopatologica*, 43(10), 51-54.
- Song, R., Li, J., Xie, C., Jian, W., & Yang, X. (2020). An overview of the molecular genetics of plant resistance to the *Verticillium* wilt pathogen *Verticillium dahliae*. *International journal of molecular sciences*, 21(3), 1120.
- Sulu, G., Polat, İ., Boyacı, H. F., Yildirim, A., Gumrukcu E. 2022. Screening and validation of three molecular markers for disease resistance in eggplant. *Czech Journal of Genetics and Plant Breeding* 58(2): 83-92.

- Tani E., Kizis D., Markellou E., Papadakis I., Tsamadia D., Leventis G., Makrogianni D., Karapanos I. 2018. Cultivar dependent responses of eggplant (*Solanum melongena* L.) to simultaneous *Verticillium dahliae* infection and drought. *Frontiers in Plant Science* 9: 1181.
- Tanksley, S.D. 1993. Mapping polygenes. *Annual Rev. Genetic*, 27, 205–233.
- Tanksley, S.D. ve Nelson, J.C. 1996. Advanced backcross QTL analysis: a method for the simultaneous discovery and transfer of valuable QTLs from unadapted germplasm into elite breeding lines. *Theor Appl Genet* 92:191–203.
- Tjamos, E.C., Beckman, C.H 1989. Vascular wilt diseases of plants: Basic studies and control., NATO ASI Series H: Cell BiologySpringer-Verlag, Berlin
- Toppino, L., Barchi, L., Lo Scalzo, R., Palazzolo, E., Francese, G., Fibiani, M., ... & Rotino, G. L. 2016. Mapping quantitative trait loci affecting biochemical and morphological fruit properties in eggplant (*Solanum melongena* L.). *Frontiers in Plant Science*, 7, 256.
- Toppino, L., Ribolzi, S., Shaaf, S., Bassolino, L., Carletti, G., Fadda, S., Rotino, G. L. 2018. Development of an introgression lines population and genetic mapping of novel traits linked to key breeding traits in eggplant. In *Proceedings of the 62th SIGA Congress, Verona, Italy*.
- Trapero, C., Rallo, L., López-Escudero, F. J., Barranco, D., & Díez, C. M. 2015. Variability and selection of *Verticillium* wilt resistant genotypes in cultivated olive and in the *Olea* genus. *Plant Pathology*, 64(4), 890-900.
- TÜİK, 2023. Bitkisel üretim istatistikleri. <https://biruni.tuik.gov.tr/medas/?locde=tr> (Son erişim tarihi: 01.05.2024).
- Van Ooijen, J. W. 2006. JoinMap 4. Software for the calculation of genetic linkage maps in experimental populations. Kyazma BV, Wageningen, Netherlands, 33.
- Van Ooijen, J. W. ve Kyazma, B. V. 2009. MapQTL 6. Software for the mapping of quantitative trait loci in experimental populations of diploid species. Kyazma BV: Wageningen, Netherlands.
- Vilanova, S., Manzur, J. P., & Prohens, J. (2012). Development and characterization of genomic simple sequence repeat markers in eggplant and their application to the study of diversity and relationships in a collection of different cultivar types and origins. *Molecular Breeding*, 30, 647-660.

- Yagi M., Shirasawa K., Waki T., Kume T., Isobe S., Tanase K. ve Yamaguchi H. 2017. Construction of an SSR and RAD marker-based genetic linkage map for carnation (*Dianthus caryophyllus* L.). *Plant Mol. Biol. Rep.* 35: 110–117.
- Yang, L., Jue, D., Li, W., Zhang, R., Chen, M., & Yang, Q. 2013. Identification of MiRNA from eggplant (*Solanum melongena* L.) by small RNA deep sequencing and their response to *Verticillium dahliae* infection. *PloS one*, 8(8), e72840.
- Yang, J., He, J., Wang, D., Shi, E., Yang, W., Geng, Q., & Wang, Z. 2016. Progress in research and application of InDel markers. *Biodiversity Science*, 24(2), 237.
- Yang, X., Zhang, Y., Cheng, Y., Chen, X. 2019. Transcriptome analysis reveals multiple signal network contributing to the *Verticillium* wilt resistance in eggplant. *Scientia Horticulturae*, 256, 108576.
- Yu, Y., Yang, J., Zhang, J., Rieseberg, L. H., & Zhao, J. 2024. Genomic Insights into Disease Resistance in Sunflower (*Helianthus annuus*). Identifying Key Regions and Candidate Genes for *Verticillium dahliae* Resistance. *Plants*, 13(18), 2582.
- Yücel, S. 1989. Domates *Fusarium* Solgunluğuna (*Fusarium oxysporum* Schlecht f. sp. *lycopersici* (Sacc.) Synd. and Hans) Karşı Biyolojik Kontrolde Antagonistlerin ve Toprak Solarizasyon Uygulamasının Karşılıklı Etkileşimlerinden Yararlanma Olanakları Üzerinde Araştırmalar. *Adana Ziraat Mücadele Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü, Araştırma Yayınları Serisi* Yayın No: 64, Ankara.
- Vermeulen, J. P., Hanika, K., Thomma, B. P., Bai, Y., & Schouten, H. J. 2022. Scarcity of major resistance genes against *Verticillium* wilt caused by *Verticillium dahliae*. *Plant Breeding*, 141(5), 681-694.
- Wu, K.K., Burnquist, W., Sorrells, M.E., Tew, T.L., Moore, P.H. ve Tanksley, S.D. 1992. The detection and estimation of linkage in polyploids using single-dose restriction fragments. *Theor Appl Genet* 83: 294-300.
- Wu, J., Gutierrez, O. A., Jenkins, J. N., McCarty, J. C., & Zhu, J. 2009. Quantitative analysis and QTL mapping for agronomic and fiber traits in an RI population of upland cotton. *Euphytica*, 165, 231-245.
- Zhao, Y. L., Zhou, T. T., & Guo, H. S. 2016. Hyphopodium-specific VdNoxB/VdPls1-dependent ROS-Ca²⁺ signaling is required for plant infection by *Verticillium dahliae*. *PLoS pathogens*, 12(7), e1005793.
- Zhao, W., Guo, Q., Li, S., Wang, P., Dong, L., Su, Z., Ma, P. 2021. Effects of *Bacillus subtilis* NCD-2 and broccoli residues return on potato *Verticillium* wilt and soil fungal community structure. *Biological Control*, 159, 104628.

7. EKLER**EK-1. Verticillium Katı Spesifik Besi Ortamı İçeriği**

Kimyasal	Miktarı (1000 ml distile su)
Sucrose	7,5 gr/lt
Potasyum Klorür (KCL)	0,5 gr/lt
Potasyum Fosfat (K ₂ HPO ₄)	1 gr/lt
Sodyum Nitrat (NaNO ₃)	2 gr/lt
Magnezyum Sülfat (MgSO ₄ 7H ₂ O)	0,5 gr/lt
Demir Sülfat (FeSO ₄ 7H ₂ O)	0,01 gr/lt
Ethanol	5 ml/lt
Streptomycin	100 mg/lt
Chloramphenicol	250 mg/lt
Agar	20 gr/lt

EK-2. Verticillium Sıvı Spesifik Besi Ortamı İçeriği

Kimyasal	Miktarı (1000 ml distile su)
Sucrose	7,5 gr/lt
Potasyum Klorür (KCL)	0,5 gr/lt
Potasyum Fosfat (K ₂ HPO ₄)	1 gr/lt
Sodyum Nitrat (NaNO ₃)	2 gr/lt
Magnezyum Sülfat (MgSO ₄ 7H ₂ O)	0,5 gr/lt

ÖZGEÇMİŞ

Görkem SÜLÜ

ÖĞRENİM BİLGİLERİ

Doktora 2018-2024	Akdeniz Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı, Antalya
Yüksek Lisans 2013-2016	Çukurova Üniversitesi Fen Fakültesi, Biyoteknoloji Bölümü, Adana
Lisans 2006-2010	Adnan Menderes Üniversitesi Fen Fakültesi, Biyoloji Bölümü, Aydın

MESLEKİ VE İDARİ GÖREVLER

Uzman 2011-Devam Ediyor	Batı Akdeniz Tarımsal Araştırma Enstitüsü Bitki Sağlığı Bölümü, Antalya
----------------------------	--

ESERLER

Uluslararası hakemli dergilerde yayımlanan makaleler

- 1- Sülü, G., Polat, İ., Boyacı, H. F., & Onus, A. N. (2024). Identification of carrying alien DNA fragments in *Solanum melongena* x *Solanum incanum* interspecific progeny by using COSII marker. *Turkish Journal of Botany*, 48(2), 70-78.
- 2- Cignitas, E., Basbagci, G., Sulu, G., & Kitis, Y. E. (2024). *Fusarium fujikuroi* as a potential biocontrol agent of the parasitic weed *Phelipanche aegyptiaca* in tomato. *Journal of Phytopathology*, 172(3), e13344.
- 3- Sülü, G., Polat, I., Boyacı, H.F., Yildirim, A., Gümrükcü, E. (2022). Screening and validation of three molecular markers for disease resistance in eggplant. *Czech J. Genet. Plant Breed.*, 58: 83–92.
- 4- Aydoğdu, M., Kurbetli, İ., Sülü, G. (2022). Occurrence of Charcoal Rot in Globe Artichoke and Assessment of Inoculation Techniques for Pathogenicity and Management. *Brazilian Archives of Biology and Technology*. 65. <https://doi.org/10.1590/1678-4324-2022210254>
- 5- Aydoğdu, M., Sülü, S.M., Kurbetli, İ., Sülü, G. (2021). In vitro and in vivo biological control of the green mold using different bacteria in button mushroom cultivation. *Egyptian Journal of Biological Pest Control*. 31:70 <https://doi.org/10.1186/s41938-021-00401-w>.
- 6- Sülü, G., Kacar, Y., Polat, İ., Kitapçı, A., Turgutoğlu, E. (2020). Identification of genetic diversity among mutant lemon and mandarin varieties using different molecular markers. *Turkish J. of Agric.* 44: 465-478. doi:10.3906/tar-1909-67
- 7- Kurbetli, İ., Karaca, G., Aydoğdu, M., & Sülü, G. (2020). *Phytophthora* species causing root and collar rot of pomegranate in Turkey. *European Journal of Plant Pathology*, 157(3), 485-496.
- 8- Kurbetli, İ., Aydoğdu, M., Sülü, G., Woodward, S., Demirci, F. (2020). A potential role for *Botryosphaeria parva* (Anamorph *Neofusicoccum parvum*) in plane tree (*Platanus orientalis*) decline in İstanbul, Turkey. *Forest Pathology*. 50: (6) 1-8 DOI: 10.1111/efp.12653
- 9- Aydoğdu, M., Kurbetli, İ., Kitapçı, A., & Sülü, G. (2020). Aggressiveness of green mould on cultivated mushroom (*Agaricus bisporus*) in Turkey. *Journal of Plant Diseases and Protection*, 127(5), 695-708.
- 10- Polat, İ., Baysal, Ö., Gümrükcü, E., Sülü, G., Kitapçı, A., ÖZALP, R., Çelik, İ., Devran, Z. and Polat, E. (2018). Molecular Diversity and assessment of reactions of pepper pure line germplasm to *Botrytis cinerea*. *Plant Protect Sci.* Doi:10.17221/44/2017-PPS.

- 11- Kurbetli, İ., Sülü, G., Aydoğdu, M. (2017). Phytophthora chlamydospora and P. megasperma associated with root and crown rot of sour cherry in Turkey. Journal of Plant Diseases and Protection. 124, 403–406. <https://doi.org/10.1007/s41348-017-0075-y>
- 12- Kurbetli, İ., Sülü, G., Taştekin, E., & Polat, İ. (2016). First report of Phytophthora inundata causing olive tree decline in Turkey. Canadian Journal of Plant Pathology, 38(2), 254-257.
- 13- Icoz, S. M., Polat, I., Sulu, G., Yilmaz, M., Unlu, A., Soylu, S., ... & Baysal, Ö. (2014). First report of bacterial blight of pomegranate caused by Xanthomonas axonopodis pv. punicae in Turkey. Plant disease, 98(10), 1427-1427.

Ulusal bilimsel toplantılarda sunulan ve bildiri kitaplarında basılan bildiriler

- 1- Polat, İ., Gümrükcü, E., Sülü, G., Kitapçı, A., Özalp, R., Çelik, İ., Devran, Z., Polat, E., Baysal, Ö. (2015). Molecular Characterization of Fungicides Resistance of Botrytis cinerea on Pepper and Host-Resistance of Selected Breeding Materials. COST Action SUSTAIN Evolutionary Genomics of Plant Pathogens. (Özet Bildiri)
2. Çelik, İ., Özalp, R., Çelik, N., Polat, İ., Sülü, G. (2015). Achieving long type pepper population resistant to Tomato Spotted Wilt Virus (TSWV). International Plant Breeding Congress. (Özet Bildiri)