

ID: 750

Insights into the Apple Tree Microbiome: Determination of Pathogenic and Beneficial Bacteria

Sukriye Melis OZSARAC¹, Kubilay Kurtulus BASTAS^{1,*}

Dept. of Plant Protection, Faculty of Agriculture, Selcuk University, Campus/Konya, Turkey

*Corresponding author: kbastas@selcuk.edu.tr

Abstract

In this study, the phyllospheric and rhizospheric microbiota of apple trees (*Malus domestica* L.), one of the most significant crops in pome fruit cultivation, were investigated using a standardized sampling methodology. Genomic DNA was extracted from the collected samples utilizing the F-Spin Bacterial Fecal/Soil DNA Isolation Kit. Molecular identification was performed through the amplification of the V4 hypervariable region of the 16S rRNA gene using the primer set 533F-805R. In addition to molecular analyses, soil and leaf samples were cultured under laboratory conditions at the Molecular Plant Bacteriology Laboratory, Department of Plant Protection, Selcuk University, where biochemical characterization and pathogenicity assessments were conducted. According to the findings, the bacterial communities exhibited varying compositions across different orchards, with members of the phyla *Proteobacteria*, *Bacteroidetes*, *Actinobacteria*, and *Firmicutes* being predominant. Importantly, several key apple pathogens were identified, including *Erwinia amylovora*, *Pseudomonas syringae* pv. *syringae*, and *Rhizobium radiobacter*. The results suggest that the interactions between pathogenic and beneficial bacterial agents within the apple microbiota, under natural environmental conditions, differ across regions and climatic zones. These insights are anticipated to provide a foundational basis for the development of novel biological control strategies.

Keywords: apple, biological composition, soil, foliar, identification

Elma Mikrobiyomuna Bakış: Patojenik ve Faydalı Bakterilerin Belirlenmesi Özet

Bu çalışmada, yumuşak çekirdekli meyveciliğinin en önemli ürünlerinden biri olan elma (*Malus domestica* L.) ağaçlarından, standart örnekleme metodu kullanılarak filosferik ve rizosferik mikrobiyotasının incelenmesi amaçlanmıştır. Laboratuvara ulaşan örneklerden genomik DNA, F-Spin Bacterial Fecal/Soil DNA izolasyon kiti kullanılarak elde edilmiş moleküler tanılama 16S rRNA genine ait V4 bölgesi 533F-805R primer dizileri ile amplifiye edilmiştir. Toprak ve yaprak örnekleri aynı zamanda Selçuk Üniversitesi Bitki Koruma Bölümü Moleküler Bitki Bakteriyoloji Laboratuvarında kültüre alınmış, biyokimyasal tanıları ve patolojik özellikleri belirlenmiştir. Elde edilen bulgulara göre; farklı bahçelerde farklı oranlarda *Proteobacteria*, *Bacteroidetes*, *Actinobacteria* ve *Firmicutes*'in hakim olduğu bakteriyel yapıda, başta *Erwinia amylovora*, *Pseudomonas syringae* pv. *syringae*, *Rhizobium radiobacter* olmak üzere önemli elma patojenleri de belirlenmiştir. Çalışma kapsamında, elma mikrobiyotasında belirlenen bakteriyel patojen ve faydalı bakteriyel etmenlerin doğal koşullarda etkileşimleri farklı iller ve iklimsel koşullar düzeyinde belirlenirken yeni biyolojik mücadele olanaklarının araştırılmasına da temel olacak sonuçlara ulaşıldığı düşünülmektedir.

Anahtar kelimeler: elma, biyolojik kompozisyon, toprak, yeşil aksam, teşhis

