



T.C.

SELÇUK ÜNİVERSİTESİ

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

BAZI EKMEKLİK BUĞDAY (*Triticum aestivum* L.) GENOTİPLERİNİN KURAĞA KARŞI TEPKİLERİNİN SSR MARKÖRLERİ İLE BELİRLENMESİ

Enes YAKIŞIR

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Tarla Bitkileri Anabilim Dalı

Aralık-2015
KONYA
Her Hakkı Saklıdır

TEZ BİLDİRİMİ

Bu tezdeki bütün bilgilerin etik davranış ve akademik kurallar çerçevesinde elde edildiğini ve tez yazım kurallarına uygun olarak hazırlanan bu çalışmada bana ait olmayan her türlü ifade ve bilginin kaynağına eksiksiz atıf yapıldığını bildiririm.

DECLARATION PAGE

I hereby declare that all information in this document has been obtained and presented in accordance with academic rules and ethical conduct. I also declare that, as required by these rules and conduct, I have fully cited and referenced all material and results that are not original to this work.

Enes YAKIŞIR

Tarih: 11.12.2015

ÖZET

YÜKSEK LİSANS TEZİ

BAZI EKMEKLİK BUĞDAY (*Triticum aestivum* L.) GENOTİPLERİNİN KURAĞA KARŞI TEPKİLERİNİN SSR MARKÖRLERİ İLE BELİRLENMESİ

Enes YAKIŞIR

Selçuk Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü
Tarla Bitkileri Anabilim Dalı

Danışman: Yrd. Doç. Dr. Mustafa YORGANCILAR

2015, 44 Sayfa

Jüri
Prof. Dr. Bayram SADE
Yrd. Doç. Dr. Mustafa YORGANCILAR
Prof. Dr. Süleyman SOYLU

Bu araştırmada kuraklıkla ilişkili olduğu bilinen SSR markörleri ile 38 adet ekmeklik buğday genotipinin kurağa karşı tepkilerinin belirlenmesi amaçlanmıştır. Araştırmada kuraklıkla ilgili 40 adet polimorfik primerden en iyi sonuç veren 10 adet SSR primeri tüm genotipler için uygulanmış olup; bu araştırmada kullanılan genotipler üzerinde BARC 024, WMC 9 ve WMC 603 primerlerinin monomorfik özellik gösterdiği, diğer 7 adet primerin polimorfik olduğu gözlemlenmiştir. Toplamda 37 adet allel üretilmiş olup, lokus başına düşen allel sayısı 1-7 arasında değerler almış ve ortalama her bir SSR lokusu başına 3.7 allel saptanmıştır. Bu araştırmada PBİ (Polimorfik Bilgi İçeriği) değeri 0.038-0.980 arasında değişmiş olup, ortalama PBİ değeri 0.460 olarak bulunmuştur. Araştırmada kullanılan genotiplerin UPGMA analizi ile dendogramı oluşturulmuş ve ekmeklik buğday genotiplerinin 2 ana grup oluşturduğu gözlemlenmiştir. Aynı zamanda genotipler arasındaki genetik uzaklık değerinin 0.67-1.00 katsayıları arasında olduğu ve ortalama değerin 0.84 olduğu tespit edilmiştir.

Araştırma sonucunda polimorfik bant veren 7 primerden ayırma gücü yüksek olan 4 primer (Barc004, Barc018, Barc108, Wmc596) ile yapılan dendogramda kurağa toleransı yüksek olarak bilinen genotipler açısından daha anlamlı sonuçlar elde edilmiştir. Araştırmada kullanılan genotiplerden Kıraç 66 bir grupta, Sönmez 01 ile 14(Hat) ayrı bir grupta yer almıştır. Ayrıca Ankara 093 44, Yektay 406, Sürak 1593 51, Sertak 52, Kırik, Hansel, 16(Hat), 17(Hat), 18(Hat), Bayraktar 2000, Dağdaş 94, Gerek 79 ve Konya 2002 çeşitleri başka bir grup oluşturmuş ve diğer genotipler dördüncü bir grup içerisinde yer almışlardır.

Sonuç olarak ayırma gücü yüksek olan Barc004, Barc018, Barc108, Wmc596 primerlerinin, ekmeklik buğday genotiplerinin kurağa karşı tepkilerinin belirlenmesinde ve kuraklıkla ilgili yapılacak ıslah çalışmalarında erken generasyonda ön seleksiyonda kullanılabilecek primerler olduğu tespit edilmiştir.

Anahtar Kelimeler: Ekmeklik buğday, ıslah, kuraklık, SSR markörleri

ABSTRACT

MS THESIS

DETERMINATION OF SOME BREAD WHEAT (*Triticum aestivum* L.) GENOTYPES REACTION AGAINST DROUGHT USING SSR MARKERS

Enes YAKIŞIR

THE GRADUATE SCHOOL OF NATURAL AND APPLIED SCIENCE OF SELÇUK UNIVERSITY FIELD CROPS DEPARTMENT THE DEGREE OF MASTER OF SCIENCE

Advisor: Asst.Prof.Dr. Mustafa YORGANCILAR

2015, 44 Pages

Jury
Prof.Dr. Bayram SADE
Asst.Prof.Dr. Mustafa YORGANCILAR
Prof.Dr. Süleyman SOYLU

In this study, it was aimed to determine the reaction of 38 bread wheat genotypes against drought by using SSR markers known as related to drought. In the research, 10 SSR primers out of 40 polymorphic primers that gave the best results were applied to all genotypes, and BARC 024, WMC 9, and WMC 603 primers showed monomorphic characteristic, while 7 primers was observed as polimorphyic. As a result of study, in total 37 alleles were produced and the number of alleles per locus varied between 1-7, the avarage of alleles per SSR locus was calculated as 3.7 allel. In the study, PIC (Polymorphyic Information Content) values varied from 0.038 to 0.980 and the mean of the PIC values was calculated as 0.460. The lowest and highest values obtained from BARC 017 and BARC 012, respectively. The dendogram of genotypes was composed by UPGMA analysis and accroding to analysis, the bread wheat genotypes was divided into two groups. In addition, the distance value between genotypes varied between 0.67-1.00 coefficient and the mean of these values was determined as 0.84.

In the dendogram in terms of drought tolerance, the meaningful results were obtained from highly capable distinguishing 4 primers (Barc004, Barc018, Barc108, Wmc596) out of 7 primers.
Sönmez 01 and 14 (line) was grouped in the same group while Kıraç 66 was taken in other group. In addition, 093 44, Yektay 406, Sürak 1593 51, Sertak 52, Kırik, Hansel, 16 (line), 17 (line), 18 (line), Bayraktar 2000, Dağdaş 94, gerek 78 and Konya 2002 were taken into the same group and rest of genotypes taken to the group 4.
As a result, it was determined that Barc004, Barc018, Barc108, Wmc596 primers can be used for pre-selection of wehat bread genotypes reactions against drought and breeding studies against drought.

Keywords: Bread wheat, breeding, drought, SSR markers

ÖNSÖZ

Küresel iklim değişikliğine bağlı olarak beklenen kuraklık olayları, tarımsal anlamda kullanılan bitkilerin kuraklık toleranslarının arttırılması yolunda ciddi adımların acil olarak atılmasının gerekliliğini bir kez daha gözler önüne sermektedir. Ülkemiz karmaşık iklim yapısı içerisinde, özellikle küresel ısınmaya bağlı olarak, görülebilecek bir iklim değişikliğinden en fazla etkilenecek ülkelerden birisidir.

Bitki ıslahçılarının geleneksel olarak yürüttükleri ıslah prosedürlerine yeni teknolojik yaklaşımları entegre edebilmeleri kuraklığa toleransı yüksek çeşitleri ıslah edebilmeleri açısından oldukça önemlidir.

Bu entegrasyona önemli vurgular yaptığım çalışmam babam ve oğluma ithaf olunur.

Ayrıca yoğun iş tempoma rağmen beni sürekli destekleyen ve her türlü desteğini esirgemeyen, bilgi ve tecrübelerinden faydalandığım danışman hocam Sayın Yrd.Doç.Dr. Mustafa YORGANCILAR'a, meslek hayatımda sürekli bana yol gösteren Sayın Yrd.Doç.Dr. Seyfi TANER'e, tez aşamam süresince katkılarından dolayı Sayın Dr. Emine ATALAY'a, Sayın Biyolog Hasan CAN'a ve Sayın Zir. Müh. Mehmet Akif YAŞAR'a, materyalin temini konusunda destek olan Bahri Dağdaş Uluslararası Tarımsal Araştırma Enstitüsü Müdürlüğüne, mesai arkadaşlarıma ve bu güne kadar her daim yanımda olan, maddi manevi hiçbir desteğini esirgemeyen eşime ve anneme sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Enes YAKIŞIR
KONYA-2015

İÇİNDEKİLER

ÖZET ..... **iv**

ABSTRACT ..... **v**

ÖNSÖZ ..... **vi**

İÇİNDEKİLER ..... **vii**

SİMGELER VE KISALTMALAR ..... **viii**

1. GİRİŞ **1**

2. KAYNAK ARAŞTIRMASI **5**

3. MATERYAL VE YÖNTEM **13**

3.1. Materyal 13
3.2. Yöntem 14
3.2.1. Bitkilerin Yetiştirilmesi, Yaprak Örneklerinin Alınması ve Muhafazası 14
3.2.2. DNA İzolasyonu ve Konsantrasyonunun Belirlenmesi 15
3.2.2.1. DNA İzolasyonu 15
3.2.2.2. DNA Konsantrasyonunun Belirlenmesi 18
3.2.3. SSR-PCR Standardizasyonu 18
3.2.3.1. PCR Koşullarının Optimizasyonu 19
3.2.3.2. Jel Görüntüleme 20
3.2.4. Primerlerin Polimorfizm Oranları, Bilgi İçerikleri ve Ayırma Güçlerinin Belirlenmesi 21
3.2.5.Veri Analizleri 21

4. ARAŞTIRMA SONUÇLARI VE TARTIŞMA **23**

4.1. Moleküler Çalışmalar 23
4.1.1.DNA İzolasyonu Sonuçları 23
4.1.2.SSR-PCR Optimizasyon Sonuçları 24
4.1.3.SSR-PCR Amplifikasyon Sonuçları 25
4.2. Genetik Analizler 26

5. SONUÇLAR VE ÖNERİLER **36**

5.1 Sonuçlar 36
5.2 Öneriler 36

KAYNAKLAR **38**

ÖZGEÇMİŞ **45**

SİMGELER VE KISALTMALAR

µg: Mikrogram

µl: Mikrolitre

^{o}C: Santigrat Derece

A: Adenin

AFLP: Amplified Fragment Length Polymorphism – Çoğaltılmış Parça Uzunluğu Polimotfizmi

dak: dakika

DNA: Deoksiribonükleikasit

dNTP: Deoksinükleotit Trifosfatlar

G: Guanin

g: gram

IWWIP: International Winter Wheat Improvement Program – Uluslararası Kışlık Buğday Geliştirme Programı

IWMN: International Wheat Microsatellites Mapping Network

ITMI: International Triticeae Mapping Initiative

ISSR: Inter Simple Sequence Repeat – Basit Tekrarlı Diziler Arası Polimorfizm

MAS: Marker Assisted Selection – Markör Destekli Seleksiyon

mg: miligram

$MgCl_2$: Magnezyum klorür

ml: mililitre

mM: milimolar

n: Kromozom sayısı

ng: nanogram

nm: nanometre

nM: nanomolar

NTSYS: Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System – Sayısal Taksonomi ve Çok Değişkenli Analiz Sistemi

PCA: Principle Component Analysis – Temel Bileşenler Analizi

PCR: Polymerase Chain Reaction – Polimeraz Zincir Reaksiyonu

PBİ: Polimorfizm Bilgi İçeriği

pmol: pikamol

QTL: Quantitative Trait Loci

rpm: Rotation per minute - dakikada döngü sayısı

RAPD: Random Amplified Polymorphic DNA – Rastgele Çoğaltılmış DNA Polimorfizmi

RFLP: Restriction Fragment Length Polymorphism - Kesilmiş Parça Uzunlukları Polimorfizmi

SSR: Simple Sequence Repeat – Basit Tekrar Dizileri

STS: Sequence-Tagged Site

T: Timin

Taq: *Thermus aquaticus*

T_m: Melting Temperature – Erime Sıcaklığı

UPGMA: Unweighted Pair-Group Method With Arithmetical Averages – Aritmetik Ortalama Kullanarak Ağırlıksız Gruplama Yöntemi

UV: Ultraviyole - Morötesi

V: volt

vb: ve benzeri

WMC: Wheat Microsatellite Consortium

1. GİRİŞ

Buğday, Türkiye'de en fazla ekim alanına ve üretime sahip, insan beslenmesinin esas kaynağı olan bir kültür bitkisidir. Ülkemizde, 11.5 milyon hektarlık tahılların hasat edilen alanları içerisinde, buğday 7.7 milyon hektar ile ilk sırada yer almaktadır. Toplam yıllık üretimimiz 22 milyon ton düzeyinde olup, verim ise 2836 kg/ha ile dünya ortalamasının altında gerçekleşmektedir (FAO, 2014).

Ülkemizde buğday ekiliş alanlarının %84'ünü, üretiminin ise %82'sini ekmeklik buğday oluşturmakta, üretim miktarında yıldan yıla önemli dalgalanmalar görülmektedir (Anonim, 2014). Geniş tüketim yelpazesi ve ürün çeşitliliği ile vazgeçilmez besinlerden olan buğday, beslenme alışkanlıkları ve çevre şartları değişse bile temel besin maddesi olma özelliğini muhafaza etmektedir. Buğday ekim alanlarını arttırma olanağı bulunmadığına göre, sürekli artan nüfusun buğday isteğinin karşılanabilmesi, büyük ölçüde birim alan veriminin yükseltilmesine bağlıdır.

Artan bu buğday ihtiyacını karşılamak amacıyla dünyada, ulusal ve uluslararası araştırma kuruluşları buğday verim ve kalitesini arttırmak amacıyla yoğun çaba göstermektedirler. Bu çabalar sonucu; yatmaya, hastalıklara ve zararlılara dayanıklılık, kışa, kurağa ve sıcağa tolerans, yetiştirme teknikleri açısından önemli gelişmeler kaydedilmiştir. Bunun yanında, yeni teknolojik gelişmelerin buğday ıslahında kullanılabilirliği üzerine çok sayıda çalışma başlatılmış ve çabalar devam etmektedir.

Dünya'nın en önemli kültür bitkisi olan buğday, yeryüzünde marjinal alanlara yayılması, insanların beslenmesinde temel gıda maddesi olması, besinlerden alınan toplam kalorinin % 20'sini tek başına karşılaması gibi özelliklerinden dolayı ıslah çalışmalarında ilk sıralarda yer almaktadır.

Islah çalışmaları çok zaman alan ve oldukça pahalı araştırmalardır. Islahın temel prensibinde iyi bir çeşit çıkarmak için, amacın iyi belirlenmesi; uygun ebeveyn seçimi ve deneme tekniğinin iyi seçilmesi (uygun lokasyon ve iyi gözlem) ilkeleri vardır. Bu amaçla, kombinasyon ıslah çalışmalarında başarı, gerekli varyasyon kaynaklarının varlığı ve bu kaynakların etkin bir şekilde kullanımı ile gerçekleşir. Ebeveynlerin amaca uygun olarak belirlenen özelliklerinin kalıtım derecelerinin bilinmesi, gereksiz kombinasyonları ortadan kaldırmakta ve hangi generasyonda seleksiyona başlanacağı yönünde fikir vermektedir (Toklu ve Yağbasanlar, 2005). Islah kombinasyonuna girecek olan ebeveynlerin genetik yapılarını; genetik yapılarındaki olumlu karakterleriyle bunları döllere aktarabilme yeteneğinin önceden bilinmesi sonuca ulaşmada çok önemlidir.

Buğday kuraklıktan etkilenen dünyanın en önemli bitkilerinden biridir. Yapılan modelleme çalışmalarına göre suyun sınırlı olduğu çevrelerdeki faktörlerden dolayı marjinal buğday yetişme çevrelerindeki buğday verimi sulanan alanlardan elde edilen potansiyel verime kıyasla % 50 ile 90 arasında düşüş göstermektedir (Olivares ve Villages, 2007).

Daha çok yağmur suyunun beslediği topraklarda yetişen buğdayın ekim alanlarının % 37'sini gelişmekte olan ülkelerin yarı kurak çevreleri oluşturmaktadır ki bu bölgelerdeki mevcut nem buğday üretiminde temel bir kısıtlama yaratmaktadır. Bu marjinal çevrelerde oluşan klimatik değişkenlikler buğday veriminde yıllık dalgalanmalara neden olmaktadır (Dhanda ve ark., 2004).

Dünya üzerindeki kullanılabilir alanlar stres faktörlerine göre sınıflandırıldığında doğal bir stres faktörü olan kuraklık stresi % 26'lık payıyla en büyük dilimi içermektedir. Bunu % 20 ile mineral stresi ve % 15 ile soğuk ve don stresi takip etmektedir. Bunların dışında kalan diğer tüm stresler % 29'luk bir pay alırken, yalnızca % 10'luk bir alan herhangi bir stres faktörüne maruz kalmamaktadır (Blum,1986). Bu durumda, kuraklık stresi büyümeyi ve verimi etkileyen en yaygın çevresel streslerden biri olup, bitkilerde birçok fizyolojik, biyokimyasal ve moleküler cevabı indüklemekte ve buna bağlı olarak bitkiler, sınırlı çevresel koşullara adapte olmayı sağlayacak tolerans mekanizmaları geliştirebilmektedirler.

Kuraklığın buğday verimi üzerindeki etkilerini azaltmanın veya yok etmenin en ucuz ve uzun vadeli çözümü kuraklığa toleranslı veya dayanıklı buğday çeşitlerinin geliştirilmesidir. Bu konudaki konvansiyonel ıslah yöntemleri kısmen başarılıdır ancak uzun yıllar almaktadır. Ayrıca, kuraklığa toleranslılığın karmaşık yapısı konvansiyonel ıslah yöntemleri ile çalışmayı daha da sınırlamaktadır. Yenilikçi yaklaşımlarla biyoteknolojik yöntemler bitkilerin kuraklığa tepkilerinin temelini oluşturan süreçlerin moleküler seviyede ve tüm bitki bünyesinde daha iyi anlaşılmasını sağlamaktadır (Gosal ve ark., 2009).

Yapılan ıslah çalışmalarında moleküler teknolojilerin kullanılması, bir taraftan bitkilerin su stresine karşı vermiş oldukları tepkilerin genetik mekanizmalarının daha iyi anlaşılmasına, diğer taraftan konvansiyonel ıslah prosedürlerinin daha hızlı ilerlemesine olanak vermektedir. Moleküler markörleri kullanarak genetik ve genom organizasyonunu anlamak bitki ıslahı amaçları için büyük bir önem taşımaktadır.

Moleküler markör teknolojisi bitki ıslahında seleksiyon stratejilerini geliştirmek için geniş kapsamlı yeni uygulamaların benimsenmesini sağlamıştır. Moleküler

markörlerden genel olarak kalitatif ve kantitatif özelliklerin ıslahında, ıslah projelerinin sürelerini kısaltarak maliyetlerini düşürmekde ve seleksiyonda, genetik ve linkage haritalamalarında, çeşit tanımlaması ve korunmasında, genotipler arası genetik uzaklığın belirlenmesinde de yararlanılmaktadır.

Moleküler markör teknolojisindeki son ilerlemeler kuraklığa tolerans komponentlerinin genetik ayrımlamasını mümkün kılmakta ve bunların ıslah programlarında arzu edilen kuraklığa tolerans özelliklerinin bir araya getirilmesinde etkili ve efektif bir şekilde kullanılmasını sağlamaktadır. Ayrıca, moleküler markörler ile kuraklığa toleransın temelini oluşturan genlerin moleküler yapıları ve mekanizmaları daha iyi anlaşılmaktadır (Nguyen, 2000).

Moleküler markörler son yıllarda küresel düzeyde tehlike olan iklimsel değişikliklere bitkilerin verdiği cevapların araştırılmasında da etkin olarak kullanılmaktadır. Küresel ısınma gibi değişikliklere maruz kalan bitkilerde mikro coğrafik olarak genetik değişikliklerin oluştuğu, markör çalışmalarıyla ortaya çıkarılmıştır. Çevresel ve diğer değişikliklerin meydana getirdiği genetik yapı değişimlerinin ortaya çıkarılmasında da moleküler markörler hayati öneme sahiptir (Jump ve Penuelas, 2005).

Bitki ıslahı çalışmalarında bitkisel kaynakların morfolojik ve genetik olarak tanımlanması gen kaynaklarının daha hızlı ve etkin şekilde kullanılmasına imkân sağlamaktadır. Özellikle çalışılan bitki materyalinin morfolojik olarak benzerliği kullanılan genotiplerin gerçekte farklı olup olmadığı konusunda kişileri yanılgılara düşürmektedir. Bu gibi durumda bitkisel materyallerin DNA parmak izi yöntemleri ile karakterizasyonu önemli faydalar sağlamıştır.

Ekmeklik buğdayda moleküler markörler, moleküler haritaların yapımı, farklılık analizi ve kantitatif karakter bölge analizini içeren gen etiketlemesi, markör yardımıyla seleksiyon (MAS) ve gen piramitlerinin oluşturulması çalışmalarında yaygın olarak kullanılmaktadır (Somers ve ark., 2004; Yıldırım, 2005).

Polimeraz Zincir Reaksiyonunun (PCR-Polymerase Chain Reaction) keşfinden sonra genetik çalışmalarda PCR temelli markörler daha fazla tercih edilmeye başlanmıştır. Karry Mullis tarafından 1985 yılında ilk kez ortaya konulan bu teknoloji sayesinde genomun özgün bölgelerinin *in vitro* şartlarda çoğaltılabilmesi ve elektroforez teknikleri ile görüntülenmesi mümkün hale gelmiştir. Markör sistemlerinde PCR teknolojisi öncesi birçok markör sistemi kullanılırken, PCR teknolojisi ile birlikte SSR markörleri ağırlıklı kullanılmaya başlanmıştır.

Basit Dizi Tekrarları (SSR-Simple Sequence Repeat) (Tautz ve ark., 1986) veya Mikrosatelit (Litt ve Luty, 1989) olarak adlandırılan (GA)n ve (GT)n gibi her birinin uzunluğu 1-10 baz çifti arasında değişen DNA'nın art arda gelen tekrar birimleri ökaryotik genomlarda yaygın bir şekilde mevcuttur.

Mikrosatelitleri çevreleyen DNA dizileri genellikle aynı türün bireyleri arasında korunmuş olduklarından, farklı genotiplerde çakışan SSR'ların PCR primerleri ile çoğaltılarak seçimine izin vermektedir. Ardışık SSR tekrarlarının sayısındaki farklılık PCR sonucu farklı uzunlukta parça çoğaltımı ile sonuçlanır. Bu tekrarlar çok yakın tür ve çeşitler arasında dahi tekrarlanan ünitelerin sayısında değişikliğe yol açan mutasyonlar nedeni ile oldukça polimorfiktir. SSR'ları çevreleyen korunmuş DNA dizileri primer olarak kullanılarak PCR metodu vasıtasıyla bir lokustaki farklı alleller tespit edilebilir. Ancak bu metodun kullanılabilmesi için ilgili lokuslara ait primer sekanslarının önceden bilinmesi gerekir. Ancak kullanılacak primerler belirlendikten sonra farklı araştırmacılar tarafından rahatlıkla kullanılabilmektedir.

DNA markörleri arasında SSR'lar genoma spesifik olmaları, genomun her yerinde oldukça üniform bir dağılım göstermeleri, genotip ve primer başına düşük maliyeti, yüksek derecede çoğalabilirliği, heterozigot ve homozigot genotipleri birbirinden ayırabilecek kodominant kalıtımları, multiallelik olmaları, bol miktarda bulunmaları, yüksek derecede polimorfizm göstermeleri, kolayca skorlanmaları ve kullanım kolaylığından dolayı oldukça fazla tercih edilmektedir.

Son yıllarda dünya çapındaki birçok moleküler genetik laboratuvarında farklı bitki türlerinde örneğin buğday, yabani buğday, soya fasulyesi, mısır, patates ve fasulye gibi bitkilerde SSR'ların başarılı bir şekilde kullanımı hızla artmıştır. Mikrosatelitler ya da SSR markörler bir tür içindeki genotipler arasındaki farklılığı ve benzerliği ortaya koymada kullanılabilecek en ümit verici belirleyicilerden biridir (Röder ve ark., 1995).

Bu çalışma yüksek oranda polimorfik olan, bitkilerde oldukça fazla bilgi verici özelliği ile bitki generasyonlarında üniform bir dağılım gösteren SSR markörleri kullanılarak, bazı ekmeklik buğday genotiplerinin kurağa karşı tepkilerinin kuraklıkla ilgili olduğu bilinen primerler kullanılarak genetik tanımlamaları, aralarındaki farklılık ve benzerlikleri saptamak amacıyla yürütülmüştür. Çalışmada kurağa dayanıklı çeşit geliştirme çalışmalarında melezlemede kullanılacak uygun ebevenylerin belirlenmesi amaçlanmıştır. Hedefe yönelik çeşitlerin oluşturulmasındaki seçimlerde ve yeni popülasyonların oluşturulmasındaki seçimlerde başarı şansının arttırılması imkânının ortaya çıkacak olması çalışmanın önemini ortaya koymaktadır.

2. KAYNAK ARAŞTIRMASI

Kuraklığa adaptasyon sağlayan özelliklerin kantitatif özellik lokusları (QTL) ile ilişkili moleküler markörler kuraklığa tolerans ıslahında ilerlemeleri arttırmaktadır (Kirigwi ve ark., 2007).

Moleküler markörler bitkiler aleminde genetik materyalin karakterizasyonu, genetik teşhis, transformantların karakterize edilmesi ve filogenetik analizlerde yaygın bir biçimde kullanılmaktadır (Rafalski ve ark., 1996). DNA temelli moleküler markörler taksonomi, fizyoloji, embriyoloji, genetik mühendisliği vb. alanlarda kullanılan çok yönlü araçlardır (Schlotterer, 2004).

Genetik çeşitliliğin belirlenmesinde yaygın olarak SSR (Simple Sequence Repeat), RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA), ISSR (Inter Simple Sequence Repeat), ve AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) gibi DNA markör teknikleri kullanılmaktadır.

Günümüzde buğdayda genetik çeşitliliğin saptanmasında; SSR (Röder ve ark., 1995), RFLP (Kim ve Ward, 2000), RAPD (Joshi ve Nguyen, 1993), STS (Burkhamer ve ark., 1998) ve AFLP (Barret ve ark., 1998) belirleyicileri kullanılmaktadır.

Ekmeklik buğday tarımsal açıdan önemli karakterleri içermesi ve en önemli yiyecek maddesi olması nedeniyle çok fazla moleküler haritalama çalışmalarına tabi tutulmuş ve bu haritaların çoğunluğu yabani ve interspesifik melezlerden geliştirilmiştir (Messmer ve ark., 1999). Genetik olarak haritalanan bölgelerin oldukça büyük bir kısmını kapsayan tüm 21 kromozom için fiziksel haritalar da mevcuttur (Varshney ve ark., 2001).

SSR'lar buğdayda agronomik olarak önemli genlerin etiketlenip haritalanması ve DNA parmak izi analizi için (Russell ve ark., 2000; Parker ve ark., 2002), ekmeklik buğday ve akraba türlerinin genetik farklılık çalışmaları için (Röder ve ark., 2002), bir türün hatları arasında genetik akrabalık çalışmaları için (Röder ve ark., 1995), biyofarklılık çalışmaları için (Virk ve ark., 1999), populasyon genetik çalışmaları için (Luikhart ve England, 1999), sitogenetik stokların teşhisinin doğrulanması için (Korzun ve ark., 1997), dayanıklılık genleri için (Börner ve ark., 2000 b) QTL'lerin saptanması için (Parker ve ark., 1998), buğdayda markör destekli seleksiyon için (Yıldırım ve ark., 2004 a,b), gen bankası aksesyonlarının genetik kararlılık ve güvenilirliğinin kanıtlanabilmesi için (Börner ve ark., 2000 a), seleksiyonun sebep olduğu genetik çeşitlilik için (Stachel ve ark., 2000) başarılı şekilde kullanılan çok elverişli moleküler markörlerdir.

SSR'lar, lokusa özgü olmaları, yüksek bilgi içeriğine sahip olmaları ve PCR ile kolayca tespit edilebilmeleri gibi özellikleri nedeniyle günümüzde en çok tercih edilen moleküler belirleyicilerdir. Ayrıca SSR'lar bitki genomlarında oldukça bol olup üniform bir dağılım gösterirler (Röder ve ark., 1995).

SSR tekniğinin bitkilerde genetik haritalama çalışmalarında kullanımı avantajlarından ötürü her geçen gün artmaktadır. SSR'lar yüksek oranda polimorfik olduklarından bitkilerde oldukça fazla bilgi vermektedir. Röder ve ark. (1995), yüksek derecede polimorfik olan mikrosatelitlerin, buğday çeşitlerinde moleküler belirleyici veri tabanlarının oluşturulmasında kullanılabilecek faydalı bir potansiyel sistem olduğunu, Thomas ve ark. (1999), SSR'ların diğer markörlere göre en iyi heterozigot belirleyiciler olduğunu bildirmişlerdir.

Makarnalık ve ekmeklik buğday ile tritikale çeşitlerindeki genetik benzerliğin incelenmesi ve DNA parmak izinin çıkarılması amacıyla SSR, AFLP ve RAPD belirleyici sistemleri kullanılmış; genetik benzerlik esas alındığında SSR'dan elde edilen dendogramların AFLP ve RAPD'den daha gerçekçi olduğu ve çeşitlerin çoğunun SSR belirleyicileriyle tanımlanabildiği görülmüştür (Garg ve ark., 2001).

Bohn ve ark. (1999); Parker ve ark. (2002), sırasıyla 11 ve 124 melez buğday varyetesini RAPD, RFLP, AFLP ve SSR markör sistemleri ile karşılaştırmışlar ve elde ettikleri polimorfizmlerde AFLP ve SSR markörlerinin en etkili markör sistemleri olduğunu saptamışlardır. Bununla birlikte AFLP'lerin bağlantı haritalarının sınırlı, kullanımlarının karmaşık ve pahalı olmasından dolayı SSR'ların buğdayda en popüler markör sistemi olduğunu belirtmişlerdir.

Strelchenko ve ark. (2002), yerel buğday çeşitlerinin genetik çeşitliliğinin belirlenmesinde SSR markörlerinin AFLP ve RAPD'den daha etkili olduğunu saptamışlardır.

Manifesto ve ark. (2001), Arjantin'de geliştirilen 105 ekmeklik buğday (*Triticum aestivum* L.) çeşidini AFLP ve SSR markörleri kullanarak karakterize etmişlerdir. Sonuçta araştırıcılar SSR'ların buğday genotiplerini belirlemede son derece yararlı markörler olduğunu belirtmişlerdir.

Reynolds ve ark. (2007), kuraklığa adaptasyonu yüksek yerel buğday çeşitleri ile yabani buğdaylarda yaptığı çalışmada kuraklığa adaptasyonu sağlayan bazı fizyolojik ve agronomik özellikler yanında SSR markörleriyle genetik farklılığı ortaya koymuştur. Fenotipik varyasyon ile allelik varyasyon arasındaki ilişki kuraklık stresine dayanıklılık ıslahında yeni özelliklerin belirlenmesini mümkün kılmaktadır.

Buğdayda tane verimi ve diğer verim özellikleri için QTL'ler 4A kromozomunun uzun kolunda tespit edilmiş ve tüm bu QTL'leri kapsayan bir mikrosatelit primerinin (wmc89) kuraklığa toleransı arttırmak için markör destekli seleksiyonda kullanılabileceği belirtilmiştir (Kirigwi ve ark., 2007).

Quarrie ve ark. (2003), Yugoslavya buğday genetik kaynağındaki buğday çeşitlerinde 47 SSR lokusu ile çok sayıda özellik için oluşturulan fenotipik varyasyon arasındaki ilişkiyi incelemiş ve kuraklık altında verim ile ilişkili yeni bir markör (psp3071) belirlemişlerdir.

Buğday ıslah programlarında kurağa toleranslı üstün ebeveyn hatlarını belirlemek amacıyla 8 ebeveyn arasında diallel melezleme yapılmış ve SSR markörleriyle aynı ebeveynler arasındaki genetik uzaklık araştırılmıştır. Normal koşullarda sulanan ve su stresi uygulanan çalışmada ebeveynlerin kombinasyon uyuşmaları incelenmiş ve her iki uygulamada da heterosisin miktarı ile ebeveynlerin genetik uzaklıkları arasında pozitif korelasyon gözlenmiştir (El-Maghraby ve ark., 2005).

Çoğunluğu kışlık tip 502 adet Avrupa buğday çeşidinin veri tabanı 19 mikrosatelit ve bir secalin-specific markör kullanılarak oluşturulmuş ve elde edilen bilgilerin doğruluğunun % 99.5'den daha fazla olduğu ileri sürülmüştür (Röder ve ark., 2002).

Buğdayın A ve B genomuna ait bir seri mikrosatelit, Türkiye'de geliştirilen 16 kışlık ve 6 yazlık makarnalık buğday çeşidi ile 135 arpa çeşidini birbirinden ayırmak için kullanılmıştır (Donini ve ark., 1998). Ayrıca aynı mikrosatelitler kullanılarak 15 popülasyonun çeşit içi polimorfizm araştırmaları yapılmıştır. Araştırma sonuçlarına göre, mikrosatelit (SSR) belirleyicilerinin buğday ve arpadaki genetik çeşitlilik çalışmalarında rahatlıkla kullanılabilecek ve yüksek derecede bilgi verici sistemler oldukları saptanmıştır.

Dreisigacker ve ark. (2005), mikrosatelitleri kullanarak orijinini farklı ülkelerden alan 36 yerel ekmeklik buğday çeşidi arasındaki genetik ilişkiyi araştırdıkları çalışmalarında; genetik kaynakların varyasyonunu araştırmada SSR'ların gen bankaları tarafından kullanılabilecek çok yararlı birer araç olduğunu tespit etmişlerdir.

Doğrar ve ark. (2000), yüksek derecede polimorfik 7 mikrosatelit markörünü kullanarak 4'ü yerel olmak üzere toplam 16 adet makarnalık buğday çeşidi arasındaki genetik ilişkiyi incelemişlerdir. Çalışmada kullanılan mikrosatelitlerin, yeni çeşitlerin ıslahı için ebeveyn seçiminde yararlanılabilecek kadar yüksek derecede polimorfik

olduğu saptanmıştır. Ayrıca bu mikrosatelitlerin, DNA parmak izi analizlerinde ve buğday çeşitlerinin genotiplerinin belirlenmesinde çok yararlı oldukları bildirilmiştir.

Hakkı ve ark. (2001), Orta Anadolu yerel çeşitlerinden seçilen genotipler ile makarnalık buğday doubled haploid hatlarının arasında genetik akrabalığı değerlendirmek amacıyla 10 yüksek derecede polimorfik mikrosatelit markörü kullanmışlardır. Araştırıcılar, SSR'ların yüksek derecede polimorfizm gösterdiğini saptamışlardır.

McLauchlan ve ark. (2001), yabani buğday akrabaları ve hexaploid buğdayda yaptıkları mikrosatelit analizinde, mikrosatelit markörlerinin buğday ebeveynleri arasında ve içinde genetik akrabalık ve farklılık miktarını hesaplamada çok yararlı araçlar olduğunu belirtmişlerdir.

Khlestkina ve ark. (2004), Sibirya'da kültüre alınan modern ekmeklik buğday çeşitleriyle eski ekmeklik buğday çeşitleri arasında genetik farklılığı analiz etmek için mikrosatelit markörlerini kullanmışlardır. Araştırma sonuçları modern buğday yetiştiriciliğinde genetik farklılık için eski buğday varyetelerinin iyi bir potansiyel kaynak olduğunu göstermiştir.

Ahmad (2002), 43 SSR belirleyicisi kullanarak farklı orijinli 13 buğday genotipinin genetik çeşitliliğini araştırmış, çalışmada tüm genotipler arasında geniş çaplı genomik çeşitlilik gözlemlemiştir. Araştırıcı, bu çeşitliliğin buğday genetik tabanını genişletmede kullanılabileceğini bildirmiştir.

Roussel ve ark. (2005), 39 SSR markörü kullanarak 480 Avrupa ekmeklik buğday çeşidinin allelik farklılık değişimini analiz etmişlerdir. Sonuçta Avrupa buğday çeşitlerinde farklılığın rasgele dağılmadığını, bunun ancak farklı ülkelerdeki tarım politikaları ve yetiştiricilik uygulamaları ile maddi ve coğrafi değişime bağlı olabildiğini belirtmişlerdir.

Medini ve ark. (2005), 34 Tunus durum buğdayı ve buğdayın akrabası 7 yabani çeşit kullanarak SSR ve AFLP markörleriyle genetik çeşitlilik çalışması yapmışlardır. 15 SSR markörü tüm genotiplerde yüksek derecede polimorfizm göstermiştir. Bu çalışmada, 156 adet AFLP primeri kullanılmış ve 10.4'lük ortalamayla 3-24 arasında değişen alleller meydana getirmiştir. SSR markörlerinin 2'sinin 34 durum buğday çeşitlerini göstermede yeterli olduğu bulunmuştur. AFLP primerlerinin 5 tanesi 293 bant üretmiş ve polimorfizm oranı %31 olmuştur. En yüksek markör indeks (MI) değeri AFLP için 7.16 olurken, SSR için PBI (polimorfik bilgi içeriği) değeri 0.68 olarak gözlemlenmiştir. Durum buğdayları için genetik benzerlik değerleri AFLP'de %31.3 ile

%81 arasında olurken, SSR'da bu değer %3.6 ile %72.7 arasında değişkenlik göstermektedir. UPGMA Cluster analizine dayanarak AFLP ve SSR verileri yabani buğday türlerini durum buğday kültürlerinden ayırmıştır.

Pestsova ve ark. (2000), *Aegilops tauschii*'nin germplazmının mikrosatelit analizi üzerine yaptıkları çalışmada, gen bankasından elde ettikleri *Aegilops tauschii*'nin farklı 113 çeşit ve 18 mikrosatelit markörü kullanmışlardır. Her lokus için allellerin sayısı 11 ile 25 arasında değişmiş ve toplam 338 allel belirlenmiştir. Mikrosatelit markörleri için en yüksek genetik çeşitlilik Kafkas ülkelerinden elde edilen çeşitlerde bulunmuştur. En düşükleri ise Orta Asya ülkelerinden elde edilenlerde bulunmuştur.

Röder ve ark. (2002), SSR markörleri ile ekmeklik buğdayın germplazmının genetik çeşitliliğini belirlemek amacıyla yaptıkları çalışmada; 24 SSR markörü beş kıtanın 68 ülkesinden elde edilen 998 hekzaploid ekmeklik buğday çeşidi kullanılmıştır. Her lokus için 18.1 allel ortalamasıyla 470 allel belirlenmiştir. Her lokus allellerinin en yüksek sayısı *A* ve *D*- genomlarıyla karşılaştırıldığında sırasıyla 17.4 ve 16.5 olurken *B*-genomunda 19.9 olmuştur. En mükemmel çeşitlilik kromozomların sentromerik bölgelerine kıyasla sentromerik olmayan bölgelerde olmuştur. Allel sayısı mikrosatelitin tekrar sayısıyla arttığı ve gen çeşitliliğinin allellerin sayısıyla ilişkili olduğu bulunmuştur.

Morfolojik karakterler ve mikrosatelitler kullanarak buğdayın genetik çeşitliliğinin belirlendiği çalışmada; Salem ve ark. (2008) 48 SSR markörü ve 7 buğday çeşidi kullanılmışlardır. Her lokus için 3.2 allel ortalamasıyla 48 allel meydana gelmiştir. Her lokus için allellerin sayısı 2 ila 7 arasında ve PIC değeri 0.548'lik ortalamayla Xgwm95 ve Xgwm437 için 0.278 ve 0.816 arasında değişkenlik göstermiştir.

Ben Amer ve ark. (2001), Mikrosatelit markörlerini kullanarak Libya buğday genotiplerindeki genetik çeşitliliğin belirlenmesi amacıyla yaptıkları araştırmada 15 Libya buğday genotipi ve 24 buğday mikrosateliti kullanmışlardır. Buğday mikrosatelitleri ile 20 farklı kromozom üzerine yerleşen 26 lokus belirlenmiştir. Her lokus için 4.5'lik ortama ile 116 allel ortaya çıkmıştır. 2DS ve 4DL üzerindeki 2 markör monomorfik olmuştur. *B*-genomu (5.9 allel) *A* ve *D*-genomlarına (4.1 ve 2.7 allel) göre daha değişken çıkmıştır.

Buğdaydaki DNA polimorfizmi, genotip belirleme ve genetik çeşitliliğin belirlenmesi amacıyla mikrosatelitlerin kullanımı üzerine yapılan çalışmada Prasad ve

ark. (2000) altı kıtanın 29 ülkesinden elde edilen 55 elit buğday ve 20 mikrosatelit markörü kullanmıştır. Mikrosatelit markörleriyle 21 lokusta 155 allel belirlenmiştir. Allellerin sayısı her lokusta 1-13 arasında değişkenlik göstermiş ve 7.4'lük allel ortalamasına sahip olmuştur. PIC ve MI 0.71 ve 0.70 olarak tahmin edilmiştir. Genetik benzerlik 0.23'lük ortalamayla 0.05 ile 0.88 arasında değişmiştir.

Alamerew ve ark. (2004), yaptıkları çalışmalarına mikrosatelit markörleriyle belirlenmiş Etiyopya hekzaploid ve tetraploid buğday germplasmındaki genetik çeşitliliği araştırmışlardır. Araştırmada 22 buğday mikrosateliti ile 69 *T.aestivum*, 54 *T.aethiopicum*, 12 *T. durum* Desf. kullanılmıştır. Toplamda 286 allel tespit edilmiştir. Her lokus allelleri için *T. aestivum*=9.9, *T. aethiopicum*=7.9 ve *T. durum*=7.9'luk allel ortalamalarına sahiptir. Her lokus için ortalama PIC değerleri analiz edilen 3 tür için karşılaştırılabilmektedir. Genomlara göre her lokus için allel sayısı sırasıyla *A*-genomuda 10.1, *B*-genomunda 18.4 ve *D*-genomuda 8.2 olmuştur. Türler arasındaki genetik farklılık değerleriyle dendogram elde edilmiştir.

Röder ve ark. (1998), 270 mikrosatelit lokusu içeren bir buğday mikrosatelit haritası hazırlamışlardır. Bu mikrosatelit belirleyicilerinin ve genetik haritanın kullanılması ile sarı pasa dayanıklılık, tane ağırlığı, protein içeriği ve diğer pek çok özelliği kontrol eden buğday genleri başarılı bir şekilde etiketlenmiştir.

Araştırmalarında en yüksek ve en düşük polimorfizm oranları bakımından buğday bitkisinde SSR yöntemi ile yürüttükleri çalışmalarında; Doğrar ve ark. (2000) çalıştıkları primerlerde 0.609-0.872, RAPD yöntemi ile Atak (2004) % 60- % 100 ve AFLP yöntemi ile Altıntaş ve ark. (2008) % 26 - % 58 arasında polimorfizm belirlemişlerdir. Liu ve ark. (1999), elde ettikleri dendogramın 4 gruptan, Pujar ve ark. (1999) 3 gruptan, Doğrar ve ark. (2000) 2 gruptan oluştuğunu bildirirken, Bhutta (2006) ise dendrogramda 1 büyük ve 2 küçük alt grup oluştuğunu bildirmişlerdir.

Wei ve ark. (2003), 40 endemik Çin buğday aksesyonları arasındaki genetik çeşitlilik ve genetik akrabalık ilişkisini inceledikleri çalışmada, kullanılan 24 SSR markörünün 21 (% 87.5)'inin polimorfik olduğunu ve buğday aksesyonlarının genetik çeşitliliğinin SSR markörleri kullanılarak belirlenebileceğini bildirmişlerdir.

Mahmood ve ark. (2004), 3A kromozomunda meydana gelen varyasyona bağlı olarak kışlık ekmeklik buğday hatları arasında genetik benzerliği incelemek amacıyla 12 grup arpa basit dizi tekrarı (SSR) primer çiftini kullanarak yaptıkları çalışmada, 106 polimorfik bant elde etmişlerdir. Çalışma sonunda, arpa mikrosatelit markörlerinin buğdaya transfer edilebilirliğini % 73 olarak bulmuşlardır. Ayrıca tarımsal açıdan

önemli kantitatif karakter bölgeleri (QTL) ile ilgili SSR markörlerinin genetik benzerliği belirlemede ve çeşit geliştirmede yararlı olduğunu belirtmişlerdir.

Cuadrado ve Schwarzacher (1998), Triticeae familyasına ait yakın akraba türlerden çavdar ve ekmeklik buğdayın genomlarında di, tri ve tetra nükleotit motifi içeren 10 basit dizi tekrarının (SSR) kromozomlar üzerine fiziksel olarak dağılımını karakterize etmeyi amaçlayan çalışmalarında SSR'ların buğday ve çavdarda dikkat çekecek derecede benzer dağılım gösterdiğini tespit etmişlerdir.

Gupta ve ark. (2002), 10 IWMN (International Wheat Microsatellites Mapping Network) ile ekmeklik buğdayın genişletilmiş SSR genetik haritasını yapmışlar ve çalışmada WMC (Wheat Microsatellite Consortium) mikrosatelit primer çifti arasında test edilen 176 primer çiftinden 58'ini, ITMI (International Triticeae Mapping Initiative) ebeveynleri arasında polimorfik olarak bulmuşlardır. RFLP haritalarının yapımında da yararlanılan ITMI popülasyonunu kullanarak ekmeklik buğdayda mevcut olan 384 mikrosatelit bölgesine sonradan eklenen 66 mikrosatelit bölgesini 20 kromozomda haritalamışlardır.

Buğday genomuna özel SSR markörleri kullanarak Polonya orijinli ekmeklik buğdaylarının genetik çeşitliliği üzerine yapılan çalışmada 53 yazlık ve kışlık buğday kültürü ve kontrol olarak Chinese Spring kullanılmıştır. Bu amaçla 24 SSR markörü genetik çeşitliliği belirlemede kullanılmıştır. Markör verisine göre genetik benzerlikler hesaplanmış ve dendogram elde edilmiştir (Stepien ve ark., 2007).

Ayrancı ve Aydoğan (2011), farklı kuraklık tiplerinde ekmeklik buğday genotiplerinin verim, fizyoloji, morfoloji ve kalite yönüyle tepkilerini ölçtükleri çalışmalarında Karahan 99, Bayraktar 2000, Gerek 79, Dağdaş 94 çeşitlerinin kurağa toleranslarının yüksek olduğunu bildirmişlerdir. Ayrıca Bezostaja 1 çeşidinin kurak koşullara adaptasyonunun düşük olduğunu, Konya 2002 çeşidinin ise kurak koşullara adaptasyonunun iyi olduğunu ve koşullar iyileştikçe verim düzeyini arttırabileceğini bildirmişlerdir.

Taner (2011), ekmeklik buğdayda kurağa toleranslı ve hassas genotiplerden bazı fizyolojik ve morfolojik parametreler kullanarak kalıtım değerlerini incelediği çalışmasında, kurağa duyarlılık indeksi ile kurağa dayanıklılık yönünden sınıflandırma yapmış ve kurağa duyarlılık indeksi bakımından, Konya 2002 x Gerek 79 ve Konya 2002 x YÇ 52 melez kombinasyonlarının ümitvar popülasyonlar olarak belirlemiştir. Ayrıca araştırmacı çalışmasında materyal olarak kullandığı Konya 2002 çeşidinin

kurağa duyarlılık indeksi bakımından ıslah çalışmalarında ebeveyn olarak kullanılabileceğini bildirmiştir.

Çekiç (2007), kurağa dayanıklı buğday ıslahında seleksiyon kriteri olabilecek fizyolojik parametreleri araştırdığı çalışmasında, kurağa dayanıklılığı belirlemede tek bir parametrenin seleksiyon kriteri olamayacağı bildirmiş, bunu nedeni olarak kurağa dayanıklılığı belirleyen faktörlerin çok genle yönetildiğini, birbirleri ve çevre ile interaksiyon veren parametrelerden oluştuğunu belirtmiş ve daha fazla parametre ile çalışılması gerekliliğini vurgulamıştır. Yine aynı çalışmada araştırmacı Sönmez 01 ve Gerek 79 çeşitlerinin kurağa hassasiyet indeksi ve verim stabilite değerleri açısından geniş adaptasyon yeteneğine sahip çeşitler olduğunu bildirmiştir.

3. MATERYAL VE YÖNTEM

3.1. Materyal

Bu araştırmada Bahri Dağdaş Uluslararası Tarımsal Araştırma Enstitüsü'nde devam eden ekmeklik buğday ıslah programının melez bahçesinde yer alan yerli ve yabancı orjinli 38 ekmeklik buğday (*Triticum aestivum* L.) genotiplerine ait tohumlar materyal olarak kullanılmıştır. Araştırmada materyal olarak kullanılan ekmeklik buğday genotipleri Çizelge 3.1.'de sunulmuştur.

Çizelge 3.1. Araştırmada kullanılan ekmeklik buğday genotipleri ve bazı tarımsal özellikleri

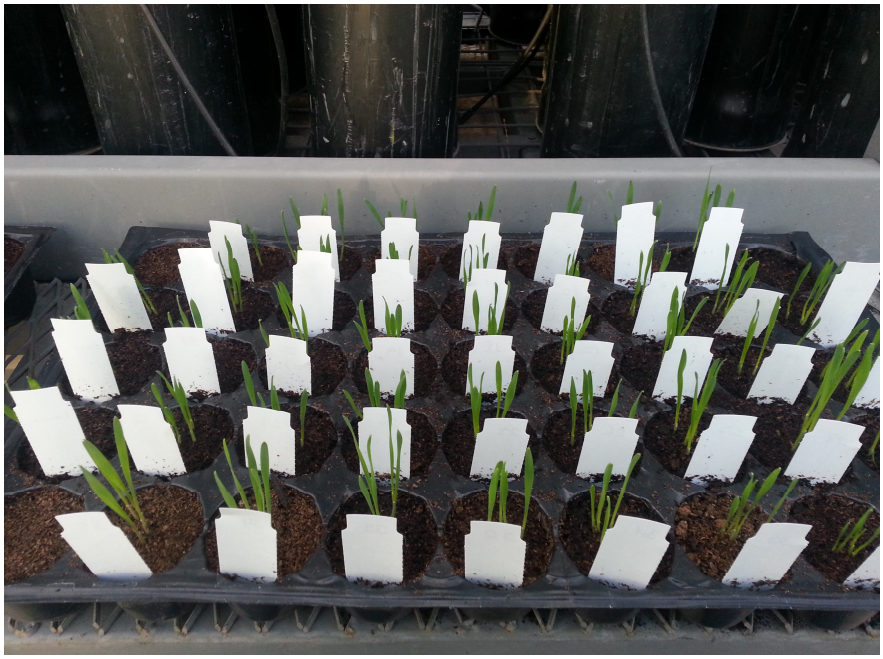
Sıra	Genotip Adı	Bitki Boyu	Olgunlaşma Süresi	Kılçık Durumu
1	ANKARA 093 44	Uzun boylu	Erkenci	Kılçıklı
2	SÜRAK 1593 – 51	Uzun boylu	Orta Erkenci	Kılçıklı
3	YEKTAY 406	Orta boylu	Orta Erkenci	Kılçıklı
4	KIRAÇ 66	Uzun boylu	Orta Erkenci	Kılçıklı
5	SERTAK 52	Uzun boylu	Orta Erkenci	Kılçıklı
6	KIRİK	Orta boylu	Orta Erkenci	Kılçıksız
7	TÜRKİYE 13	Orta boylu	Erkenci	Kılçıklı
8	BAYRAKTAR 2000	Orta boylu	Erkenci	Kılçıklı
9	GEREK 79	Orta boylu	Orta Erkenci	Kılçıklı
10	SÖNMEZ 2001	Uzun boylu	Orta Erkenci	Kılçıksız
11	DAĞDAŞ 94	Orta boylu	Orta Erkenci	Kılçıklı
12	KONYA 2002	Orta boylu	Orta Erkenci	Kılçıklı
13	HANSEL	Orta boylu	Orta Erkenci	Kılçıklı
14	093-44/AU	Uzun boylu	Geçci	Kılçıklı
15	TMP64/YY305	Uzun boylu	Geçci	Kılçıklı
16	ARAPAHOE/3/BRULE//HIPLAINS/NEWTON	Uzun boylu	Geçci	Kılçıklı
17	CHAM6/TK13//LND	Orta boylu	Orta Erkenci	Kılçıklı
18	LOV29/3/JSV6/LOV13//JSW3/7/SOWT/GB//L/3/K58/N//FR/4/CNO"S"/PJ62/5/LUT/6/LİB/PCİ/8LOV29/3/JSW6/LOW13	Kısa boylu	Erkenci	Kılçıksız
19	MOMTCHILL/NEWTON	Orta boylu	Erkenci	Kılçıksız
20	ROSE/22375	Orta boylu	Erkenci	Kılçıklı
21	SUNBIRD	Kısa boylu	Erkenci	Kılçıklı
22	TRAKIA/4LOV29/3/JSW6/LOV13/JSW3	Orta boylu	Erkenci	Kılçıklı
23	VRATZA5/4-11/KVZI4/KRC/BEZ/3/1150-18/P101//1150-18/VGDWF	Orta boylu	Orta Erkenci	Kılçıklı
24	TAST/SPRW//CA8055/3/CSM	Orta boylu	Erkenci	Kılçıklı
25	VORONA/OPATA	Orta boylu	Orta Erkenci	Kılçıklı
26	BJN837/GRK	Uzun boylu	Erkenci	Kılçıklı
27	BUL5327-1/3/BEZ/NAD//KZM(ES85-24)	Uzun boylu	Orta Erkenci	Kılçıklı
28	TİR BUĞDAYI	Uzun boylu	Orta Erkenci	Kılçıklı
29	NİKONOVAKA	Uzun boylu	Erkenci	Kılçıklı
30	LİTONOVAKA	Orta boylu	Erkenci	Kılçıksız
31	(YG192)	Uzun boylu	Orta Erkenci	Kılçıksız
32	(YG 264)	Uzun boylu	Orta Erkenci	Kılçıksız
33	(YG 141)	Uzun boylu	Geçci	Kılçıklı
34	(YG 62)	Uzun boylu	Orta Erkenci	Kılçıksız
35	AKBUĞDAY	Uzun boylu	Orta Erkenci	Kılçıksız
36	KARAHAN 99	Orta boylu	Orta Erkenci	Kılçıklı
37	BEZOSTAJA 1	Orta boylu	Orta Erkenci	Kılçıksız
38	AHMETAĞA	Orta boylu	Orta Erkenci	Kılçıklı

Araştırmada kullanılan materyallerin bir kısmı halen üretimde yer alan, gerek kuru gerekse sulu alanlar için ekimi yapılan ticari ekmeklik buğday çeşitlerinden oluşmaktadır. Bunlara ilave olarak üretimde olmayan ancak ıslah programlarının melez bahçelerinde ebeveyn olarak kullanılan eski çeşitler, IWWIP (International Winter Wheat Improvement Program) orijinli melez hatlar, yurtdışı kaynaklı çeşitler ve ülkemiz için önemli gen kaynaklarından olan yerel buğday genotiplerinden oluşmaktadır.

3.2. Yöntem

3.2.1. Bitkilerin Yetiştirilmesi, Yaprak Örneklerinin Alınması ve Muhafazası

Araştırmada kullanılan ekmeklik buğday genotipleri Selçuk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümü Biyoteknoloji Laboratuvarında yer alan bitki büyütme kabininde, kontrollü şartlarda yetiştirilmiştir (Şekil 3.1.). Her genotipten 5-6 tohum, torf içeren viyollere ekilmiş ve 2-3 gerçek yapraklı olduğu dönemde genç yapraklardan 100 mg numune alınmış ve DNA izolasyonu için steril mikrosantrifüj tüplere aktarılmıştır. Alınan örnekler -80 °C sıcaklıkta derin dondurucuda muhafaza edilmiştir.



Şekil 3.1. Ekmeklik Buğday genotiplerinin yetiştirilmesi

3.2.2. DNA İzolasyonu ve Konsantrasyonunun Belirlenmesi

3.2.2.1. DNA İzolasyonu

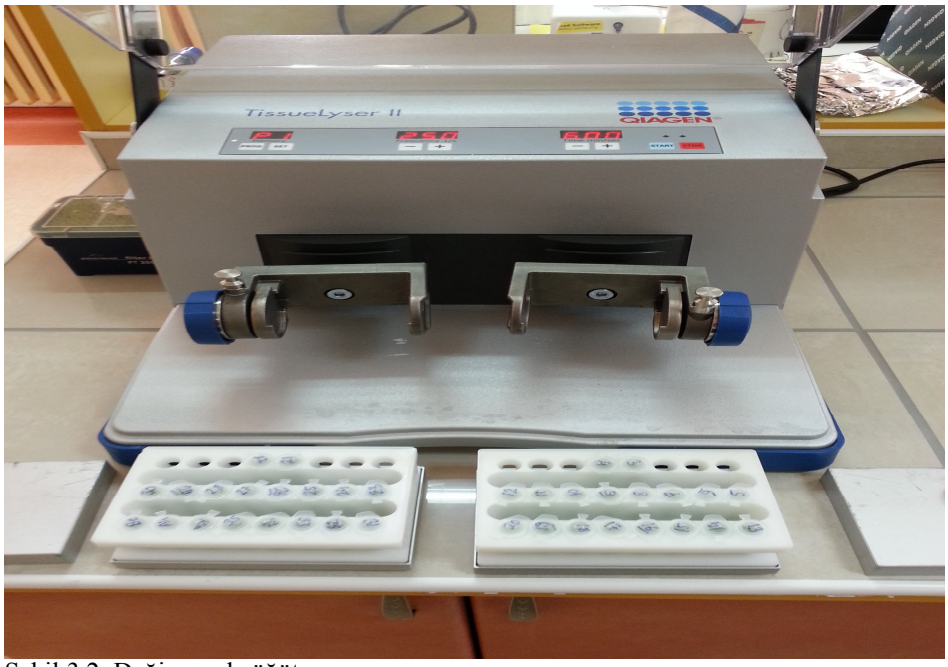
DNA izolasyonu, Thermo Scientific GeneJET Plant Genomic DNA Purification Mini Kit kullanılarak gerçekleştirilmiştir. DNA izolasyonunda kullanılan yöntem, kit ile birlikte gelen protokol listesi takip edilerek yapılmıştır. Kit bileşenleri Çizelge 3.2.'de verilmiştir.

Çizelge 3.2.Kit Bileşenleri

Sıra	Bileşenler	Miktar (mL)
1	RNase A	2x0.7
2	Lysis Buffer A	25
3	Lysis Buffer B	3
4	Precipitatioan Solution	8
5	Plant gDNA Binding Solution	24
6	Wash Buffer I	10
7	Wash Buffer II	10
8	Elution Buffer (10mM Tris-HCI, pH 9.0, 0,5 mM EDTA)	30

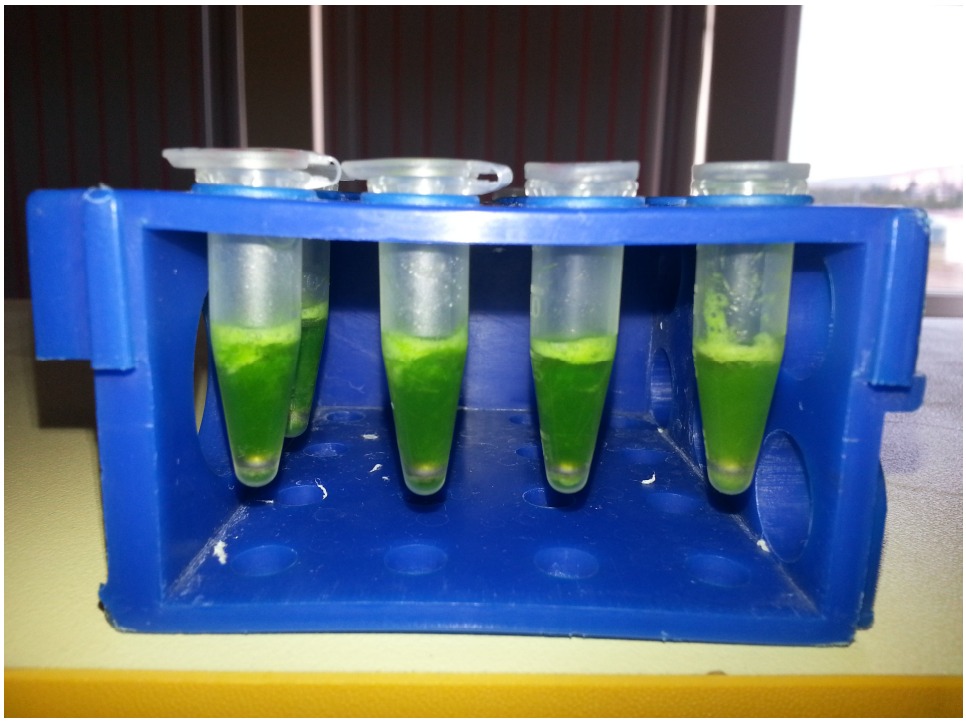
Kit ile birlikte gelen protokol aşağıdaki aşamalar takip edilerek DNA izolasyonları yapılmıştır.

1) Daha önce genç yapraklardan alınarak steril mikrosantrifüj tüplerine aktarılan 100 mg yaprak numunelerinin üzerine 350 µl Lysis Buffer A ilave edilmiş ve ardından üzerine metal bilyeler konularak değirmende 12 dakika (6 dak + 6 dak yer değiştirerek) 25 frekansta parçalanarak öğütülmüştür, (Şekil 3.2.).



Şekil 3.2. Değirmende öğütme aşaması

2) Parçalanan yaprak numuneleri üzerine sırasıyla 50 µl Lysis Buffer B ve 15 µl RNase A eklenerek tüpler 2-5 kez çalkalanmıştır, (Şekil 3.3.).



Şekil 3.3. Parçalanan numuneler üzerine RNase A eklenmesi

3) 65 °C sıcaklıkta 10 dakika inkübe edilmiştir.

4) 130 µl Precipitation Solution ilave edilmiş, 2-3 kez çalkalanarak örnekler karıştırılmış ve buzun üzerinde 5 dakika inkübe edilmiştir.

5) 5 dakika 14000 rpm de santrifüj yapılmıştır.

6) Mikrosantrifüj tüpler içerisindeki 500 µl supernatant dikkatli bir şekilde steril mikrosantrifüj tüplerine transfer edilmiş ve üzerine 400 µl Plant gDNA Binding Solution ve 400 µl %96'lık Ethanol ilave edilerek iyice karıştırılmıştır, (Şekil 3.4.).

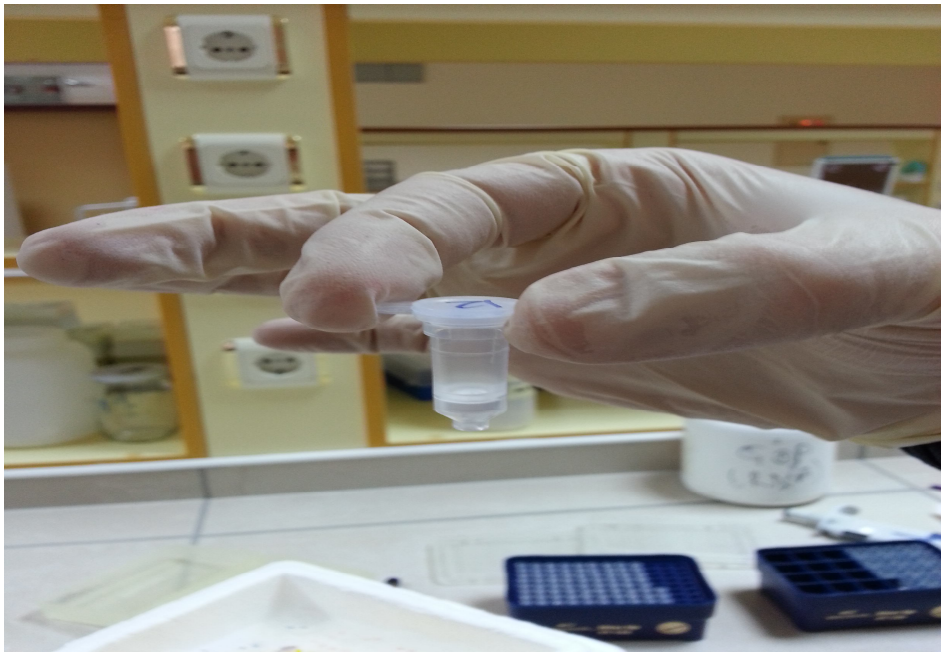
7) Hazırlanan karışımdan 600 µl column tüplere transfer edilmiş ve 1 dakika 8000 rpm de santrifüj yapılmıştır. Daha sonra toplama tüpleri atılarak column tüpler steril toplama tüplerine yerleştirilmiştir. Hazırlanan karışımda kalan solüsyon dikkatli bir şekilde column tüplere transfer edilmiş ve 1 dakika 8000 rpm de santrifüj yapılmıştır. Daha sonra toplama tüpleri atılarak column tüpler steril toplama tüplerine yerleştirilirmiştir.

8) Column tüplere 500 µl Wash Buffer I ilave edilerek 1 dakika 10000 rpm de santrifüj yapılmış, toplama tüpleri atılmış ve column tüpler steril toplama tüplerine yerleştirilmiştir.



Şekil 3.4. Supernatant'ın steril mikrosantrifüje transfer edilmesi

9) Column tüplere 500 µl Wash Buffer II ilave edilerek 3 dakika 14000 rpm de santrifüj yapılmış ve column tüpler 1.5 ml'lik steril mikrosantrifüj tüplerine yerleştirilmiştir (Şekil 3.5.).



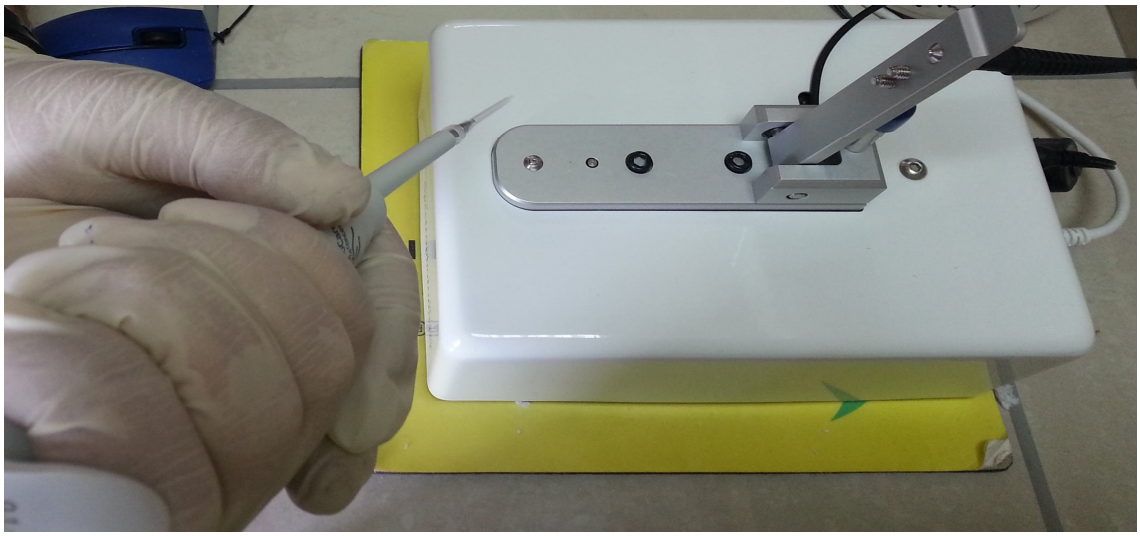
Şekil 3.5. Column tüplere Buffer ilave edilmesi

10) 100 µl Elution Buffer ilave edilmiş ve 5 dakika oda sıcaklığında inkübe edilerek 1 dakika 10000 rpm de santrifüj yapılmış ve column tüpler atılmıştır.

11-Saflaştırılmış DNA kullanıma hazır hale gelmiş ve 2-8 °C'de saklanmıştır.

3.2.2.2. DNA Konsantrasyonunun Belirlenmesi

PCR esaslı DNA moleküler markör teknikleri ile çalışırken kullanılan DNA konsantrasyonları büyük öneme sahiptir. Bu nedenle her bir genotipin PCR reaksiyonunda kullanılacak DNA miktarının iyi ayarlanması gerekmektedir. Elde edilen DNA'lar NanoDrop ND-1000 Spectrophotometer cihazı ile çözülen DNA konsantrasyonlarından 1-1.5 µl alınarak 260 ve 280 nm dalga boylarında okunarak miktar ve kalite tayini yapılmıştır, (Şekil 3.6.). DNA konsantrasyonları steril saf su ile 20 ng/ µl olacak şekilde eşitlenmiştir. Bu örneklerden eşit miktarlarda %1'lik agaroz jelde yürütülerek konsantrasyonlarının eşitliği gözle de gözlenmiş ve DNA'ların parçalanmamış oldukları belirlenmiştir.



Şekil 3.6. DNA miktar ve kalitesini ölçmede kullanılan NanoDrop ND-1000 Spectrophotometer cihazı

3.2.3. SSR-PCR Standardizasyonu

SSR-PCR koşulları standardizasyonu için genomik DNA, rastgele primer, $MgCl_2$, dNTP, *Taq* DNA polimeraz konsantrasyonları yapılan ön denemelerle optimize edilmiştir. Daha önce yapılan ön çalışmalar ile ekmeklik buğdayda çalışılan materyalde kuraklıkla ilgili 40 adet SSR primerinden en iyi sonuç veren 10 adet SSR primeri tüm genotipler için kullanılmıştır, (ElMaghraby ve ark., 2005; Kadam ve ark., 2012; Ciuca ve ark., 2009; Ciuca ve ark., 2010). Çalışmada kullanılan primerler Çizelge 3.3.'de sunulmuştur. Primer sekansları Novagentek firmasına sentezlettirilmiş, liyofilize (dondurarak kurutma) halde gelen primerler dilusyon yapılarak kullanıma hazır hale getirilmiştir.

Çizelge 3.3. Araştırmada kullanılan primerler, baz dizilişleri, T_m ısıları (^oC)

Sıra	Primer		Baz Dizilişleri	T_m (^oC)
1	BARC 004	F	GCG TGT TTG TGT CTG CGT TCT A	51
		R	CAC CAC ACA TGC CAC CTT CTT T	
2	BARC 012	F	CGA CAG AGT GAT CAC CCA AAT ATA A	51
		R	CAT CGG TCT AAT TGT CAA TGT A	
3	BARC 017	F	GCG CAA CAT ATT CAG CTC AAC A	49
		R	TCC ACA TCT CGT CCC TCA TAG TTT G	
4	BARC 018	F	CGC TTC CCA TAA CGC CGA TAG TAA	51
		R	CGC CCG CAT CAT GAG CAA TTC TAT CC	
5	BARC 024	F	CGC CTC TTA TGG ACC AGC CTA T	52
		R	GCG GTG AGC CAT CGG GTT ACA AAG	
6	BARC 108	F	GCGGGTCGTTTCCTGGAAATTCATCTAA	50
		R	GCGAAATGATTGGCGTTACACCTGTTG	
7	WMC 9	F	AACTAGTCAAATAGTCGTGTCCG	59
		R	GTCAAGTCATCTGACTTAACCCG	
8	WMC 596	F	TCAGCAACAAACATGCTCGG	61
		R	CCCGTGTAGGCGGTAGCTCTT	
9	WMC 603	F	ACAAACGGTGACAATGCAAGGA	61
		R	CGCCTCTCTCGTAAGCCTCAAC	
10	TaLEA 3	F	CGGCGAGAAGACAGAGATG	59
		R	ACGACCAAACAGGACTAAAGGA	

F:Forward R:Reverse, T_m: Primerlerin bağlanma sıcaklıkları

3.2.3.1. PCR Koşullarının Optimizasyonu

Kullanılan PCR protokolü değiştirilerek optimize edilmiştir. İnce çeperli 0.2 ml'lik PCR tüplerine DNA izolasyonu sonucunda elde edilen her biri 20 ng/µl olacak şekilde seyreltilen DNA örneklerinden 1 µl ilave edilmiştir. Uygulamalarda her zaman aynı PCR cihazı kullanılmıştır. Amplifikasyon sıcaklık ve süreleri kullanılan primerlerin baz içeriğine bağlı olarak her PCR için ayrı ayrı optimize edilmiştir.

Elde edilen DNA'lar Çizelge 3.4.' de verilen PCR master mix protokolüne tabi tutularak Çizelge 3.5.' de verilen termal PCR protokolüne göre PCR'ı yapılmıştır.

Çizelge 3.4. PCR Master Mix Protokolü

PCR Komponenti	**Miktar (µl)**
10 x PCR Buffer $(NH_4)2SO_4$	2.0
$MgCl_2$ 25 mM	1.75
dNTP mix 10 mM	0.4
İleri Primer (10 pmol)	1.0
Geri Primer (10 pmol)	1.0
Distile Su	12.65
Taq DNA Polimeraz Enzimi (5U)	0.2
Template DNA (20 ng/200µl)	1.0
Toplam	**20.0**

Çizelge 3.5. Termal PCR Protokolü

Sıcaklık (^{0}C)	Döngü Süresi
94	10 dakika
94	1 dakika
T_m	1 dakika
72	1 dakika 5x
94	30 saniye
T_m	30 saniye
72	50 saniye 30x
72	10 dakika
4	bekleme

Tm:Primerlerin bağlanma sıcaklıkları

PCR master mix protokolünde görüldüğü gibi (Çizelge 3.4.) daha önceden hazırlanmış olan DNA ekstraksiyonundan 1 µl DNA, mix ile 20 µl'ye tamamlanarak PCR tablasına aktarılmış ve PCR işlemi Çizelge 3.5.'de verilen termal PCR protokolüne göre yapılmıştır. PCR ürünleri gerektiğinde -20 ^{o}C'de buzdolabında saklanmış ve daha sonra agaroz jel elektroforezde yürütülmüştür.

3.2.3.2. Jel Görüntüleme

PCR sonucu elde edilen ürünler bant görüntülerinin elde edilebilmesi için elektroforez işlemine tabi tutulmuşlardır. PCR ürünleri %1.5'lik agaroz jelde yürütülmüştür. Jel hazırlanırken agaroz, erlenmayerde 10xTBE buffer çözeltisi içinde 350-500 ^{o}C'de mikrodalga fırın içinde 2-3 dak. kaynatılarak eritilmiştir. Bir miktar soğuduktan sonra bantların UV ışığında görüntülenebilmeleri için DNA'ya bağlanma özelliğine sahip etidyum bromürden yaklaşık 2 µl olacak şekilde jele ilave edilmiştir. Hazırlanan jel elektroforez tepsisine boşaltılmış ve daha önceden DNA örneklerinin yükleneceği yuvaların oluşması için tepsiye yerleştirilen taraklar dikkatli bir şekilde çıkarılmış ve DNA'ların yüklenmesi hazır hale getirilmiştir. PCR ürünlerinin 10xTBE Buffer çözeltisine karışmasını önlemek ve aynı zamanda elektroforez sırasında DNA fragmanlarının takibini sağlamak için her bir PCR tüpüne 4 µl 6x Loading Dye (Yükleme Boyası) çözeltisi konularak homojen bir şekilde karıştırılmıştır. Daha sonra mikro pipetler aracılığı ile her bir tüpten 15 µl karışım alınarak agaroz jeldeki kuyucuklara sırasıyla yüklenmiştir.

Jel kuyucuklarına yüklenen PCR ürünleri elektrik akımı olan ortamda birbirlerinden ayrılması için yatay elektroforez cihazında 100 voltta 2-2.5 saat ara sıra kontrol edilip, görüntüleri alınarak yürütülmüştür. Sonuç olarak elde edilen jel çözelti içinden alınarak Vilbert-Lourmat marka jel dokümantasyon sisteminde transilüminatör yardımı ile 254 nm dalga boyundaki UV ışığı altında SSR bantları elde edilmiştir.

3.2.4. Primerlerin Polimorfizm Oranları, Bilgi İçerikleri ve Ayırma Güçlerinin Belirlenmesi

Çalışmada kullanılan 10 adet SSR primerinin polimorfizm oranlarının yüzdesi, her bir primerin verdiği polimorfik bant sayısının, tüm primerlerin verdiği toplam bant sayısına bölünüp 100 ile çarpılması ile hesaplanmıştır.

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

Polimorfizm bilgi içerikleri (PBİ) polimorfik bantlarda toplam var (1) ve yok (0) olan bantların sayıları tespit edilerek her bir bandın frekansı (Pi) tek tek hesaplanmıştır (Smith ve ark.,1997).

Primerlerin Polimorfizm Bilgi İçeriği (PBİ) = $1- \sum Pi^2$

Primerlerin ayırma güçleri aşağıdaki formül ile hesaplanmıştır. Formülde yer alan p değeri her bir primerin verdiği bant sayısının toplam örnek sayısına bölünmesiyle elde edilmiş ve bu değer 0.5 ten çıkarılarak mutlak değeri alınmıştır. Elde edilen değer 2 ile çarpılmış ve 1 sayısından çıkarılarak primerlerin ayırma güçleri hesaplanmıştır (Prevost ve Wilkinson, 1999).

Primerlerin Ayırma Gücü (IB) = $1- (2x \left| 0.5 – p \right|)$

3.2.5.Veri Analizleri

Araştırmada kullanılan ekmeklik buğday genotipleri için SSR markör datalarının markör sistemleri arasındaki matriks karşılaştırmaları kullanılmıştır (Mantel, 1967). SSR markörleri numerik veri olarak, ekmeklik buğday genotiplerinin genomik DNA kısımlarında var olanlar (1), olmayanlar ise (0) olarak skorlanmıştır. Uzaklık matriks ve dendogramlarının değerlendirilmesinde NTSYS (v2.11f) (Numerik Taksonomi Çok Değişkenli Analiz Sistemi, Exeter Software, Setauket, N.Y.) bilgisayar programı kullanılmıştır.

Kalitatif verilerin hesaplanmasında DICE (1945) benzerlik indeksinin benzerlik katsayısı kullanılmıştır. DICE benzerlik indeksinin hesaplanmasında benzeyen iki örnek i,j arasındaki benzerlik katsayısı GS(i,j)=2a(2a+b+c) (formülü ile hesaplanmıştır. a,i ve j arasındaki polimorfik bantların numarasını; b, i de olan j de olmayan bantların numarasını ve c ise j de olan i de olmayan bantların numarasını ifade etmiştir. Benzerlik dendogramı gruplanan benzer data tarafından Unweighted Pair Group Metodu ile Aritmetik ortalama (UPGMA) ve SAHN gruplama programı ile oluşturulmuştur.

Diğer taraftaki kalitatif data, standardizasyondan sonra korelasyon matriksinden yararlanılarak benzerlik katsayısının hesaplanmasında kullanılmıştır. Aynı zamanda benzerlik dendogramlarının oluşturulmasında benzer dataların gruplandırılmasında Unweighted Pair Group Metodu ile Aritmetik Ortalama (UPGMA) ve SAHN gruplama programı kullanılmıştır.

Markörlerin farklı tipleri ile elde edilen datalar arasındaki karşılaştırmanın yapılmasında Mantel (1967) testi kullanılmış, iki matriksin karşılaştırılması için diğer randomizasyonların ve bunlardan biri arasındaki korelasyon ile randomizasyon prosedürü oluşturulmuştur. Başlıca bileşen analiz PCA (Principle Component Analysis) ölçülmüş ve 2D ve 3D plotları üretilmiştir.

Oluşturulan dendogram, 2D ve 3D plotlar ile kullanılan primerlere göre genotiplerin birbirine olan benzerlikleri ortaya konulmuştur.

4. ARAŞTIRMA SONUÇLARI VE TARTIŞMA

4.1. Moleküler Çalışmalar

4.1.1.DNA İzolasyonu Sonuçları

Araştırmada 38 ekmeklik buğday genotipine ait DNA izolasyonu yapılmış ve elde edilen DNA'lar %1'lik agaroz jel elektroforezinde yürütülerek DNA'nın hassas yöntemler olan SSR için uygun olduğu belirlenmiştir. Şekil 4.1.'de araştırmada kullanılan genotiplerin DNA jel görüntüleri verilmiştir.



Şekil 4.1. İzolasyon sonucu elde edilen DNA'ların %1'lik agaroz jel elektroforez görüntüsü

Araştırmada NanoDrop ND-1000 Spectrophotometer cihazı ile elde edilen A_{260}, A_{280} ve A_{260}/A_{280} ve DNA konsantrasyon değerleri Çizelge 4.1.'de verilmiştir. 260 ve 280 nm dalga boylarında okunan değerler nükleik asitlerin saflığı hakkında bilgi vermektedir. A_{260} nükleik asitlerin miktar tayininde, A_{280} değeri ortamda bulunan protein moleküllerinin yoğunluğu hakkında bilgi vermektedir.

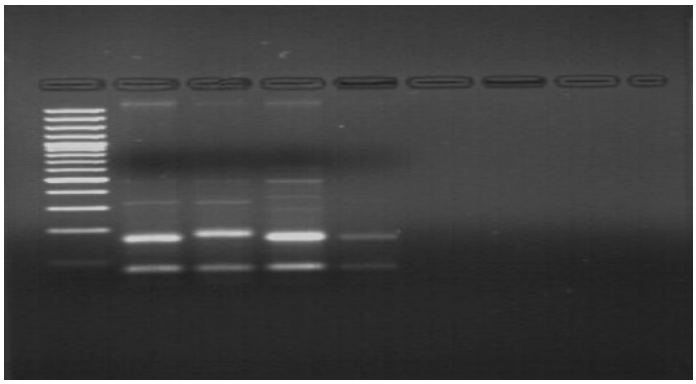
Sonuç olarak 29 numaralı genotip 1.89 değeriyle en yüksek A_{260}/A_{280} oranına sahip olmuştur. 35 numaralı genotip ise 1.81 A_{260}/A_{280} değeriyle en küçük orana sahip olmuştur. Elde edilen sonuçlar neticesinde; tüm genotiplerin kullanıldığı PCR uygulamalarında DNA saflığı veya konsantrasyonu ile ilgili herhangi bir sorunla karşılaşılmadığı görülmüştür. Zhang ve ark. (2008), çalışmalarında saflaştırılmış DNA'da A_{260}/A_{280} oranının ideal olarak yaklaşık 1.80-1.90 arasında olması gerektiğini bildirmişlerdir. Bu araştırmada elde edilen A_{260}/A_{280} değerleri yapılan çalışmalar ile benzerlik göstermektedir.

Çizelge 4.1. DNA ekstraksiyonlarının miktar ve kalitesi

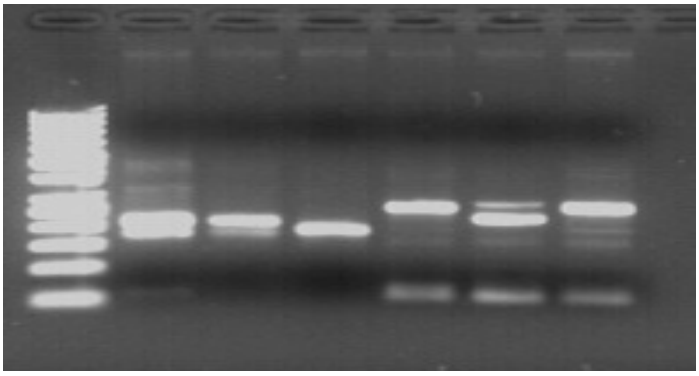
Sıra	dsDNA	Unit	A_{260}	A_{280}	$A_{260/280}$
1	107.8	ng/mL	2.16	1.16	1.87
2	221.3	ng/mL	4.43	2.41	1.84
3	226.8	ng/mL	4.54	2.51	1.81
4	282.4	ng/mL	5.65	3.07	1.84
5	197.5	ng/mL	3.95	2.12	1.86
6	161.7	ng/mL	3.23	1.76	1.85
7	318.3	ng/mL	6.37	3.45	1.85
8	274.1	ng/mL	5.48	2.98	1.84
9	249.6	ng/mL	4.99	2.71	1.84
10	386.4	ng/mL	7.73	4.18	1.85
11	250.0	ng/mL	5.00	2.68	1.87
12	304.3	ng/mL	6.09	3.29	1.85
13	273.2	ng/mL	5.46	2.95	1.85
14	274.4	ng/mL	5.49	2.96	1.85
15	278.8	ng/mL	5.58	3.01	1.85
16	311.0	ng/mL	6.22	3.36	1.85
17	313.3	ng/mL	6.27	3.37	1.86
18	243.9	ng/mL	4.88	2.62	1.86
19	320.0	ng/mL	6.40	3.45	1.86
20	323.9	ng/mL	6.48	3.49	1.85
21	278.3	ng/mL	5.57	3.01	1.85
22	242.7	ng/mL	4.85	2.60	1.87
23	229.7	ng/mL	4.59	2.48	1.86
24	252.2	ng/mL	5.04	2.71	1.86
25	225.8	ng/mL	4.52	2.43	1.86
26	360.6	ng/mL	7.21	3.90	1.85
27	257.9	ng/mL	5.16	2.79	1.85
28	252.2	ng/mL	5.05	2.71	1.86
29	127.3	ng/mL	2.55	1.35	1.89
30	240.7	ng/mL	4.81	2.59	1.86
31	1050.5	ng/mL	21.01	11.36	1.85
32	255.5	ng/mL	5.11	2.77	1.85
33	237.6	ng/mL	4.75	2.58	1.84
34	439.3	ng/mL	8.79	4.80	1.83
35	246.9	ng/mL	4.94	2.74	1.81
36	259.0	ng/mL	5.18	2.81	1.84
37	227.5	ng/mL	4.55	2.47	1.84
38	255.7	ng/mL	5.11	2.78	1.84

4.1.2.SSR-PCR Optimizasyon Sonuçları

Araştırmada kullanılan bütün primerlerde optimizasyon çalışması başarılı bir şekilde yapılmış olup, Barc004 ve Barc012 primerlerine ait optimizasyon jel görüntüleri Şekil 4.2 ve Şekil 4.3'de verilmiştir.



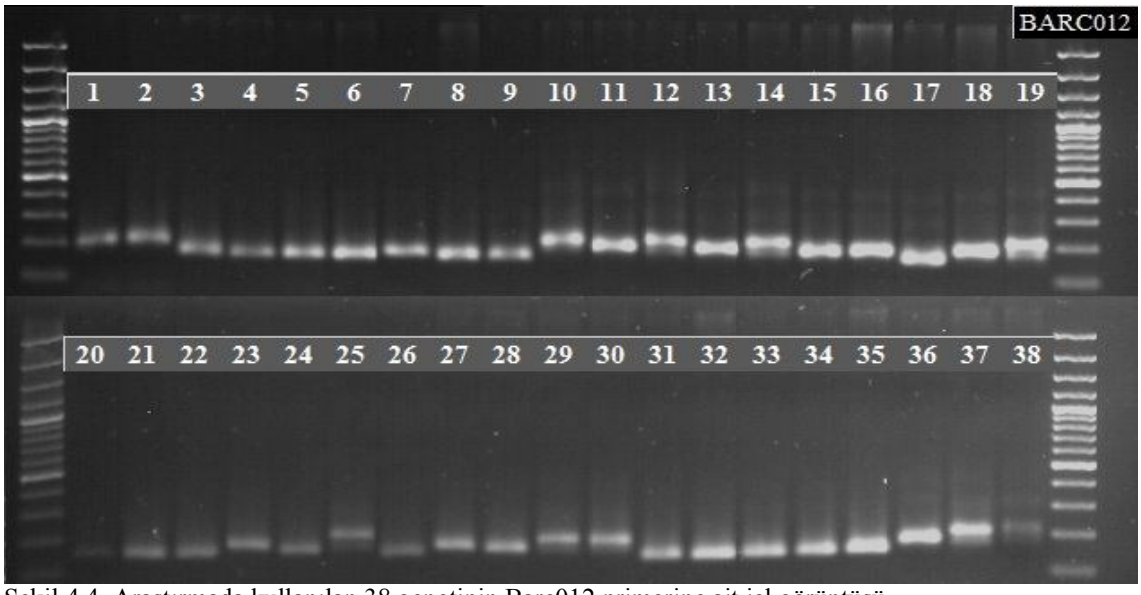
Şekil 4.2. Barc004 primerine ait jel optimizasyon görüntüsü



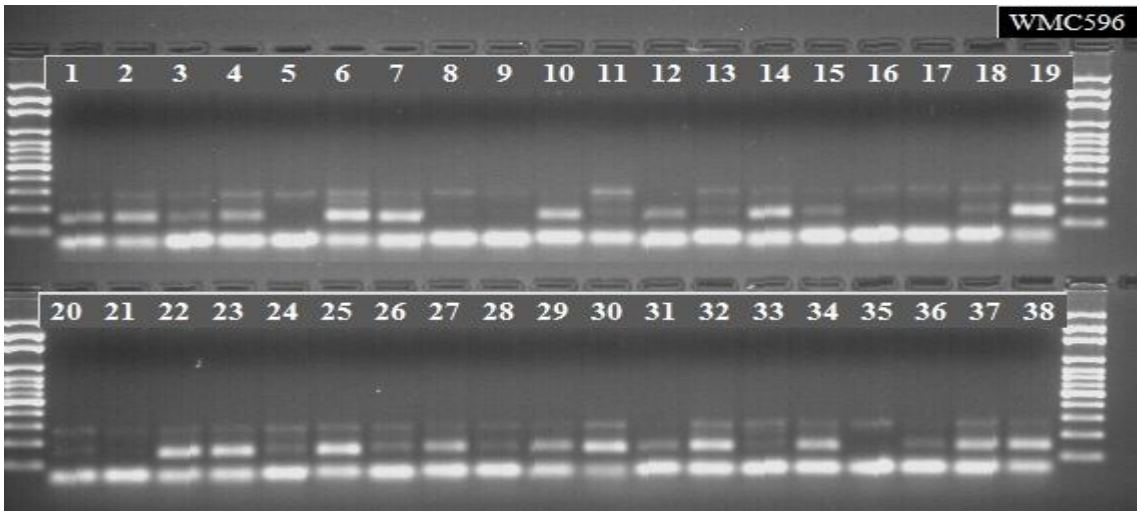
Şekil 4.3. Barc012 primerine ait jel optimizasyon görüntüsü

4.1.3.SSR-PCR Amplifikasyon Sonuçları

PCR sonuçlarına göre; çalışmada kullanılan SSR primerlerinden Barc012 ve Wmc596'ya ait örnekler Şekil 4.4. ve Şekil 4.5.'de verilmiştir.



Şekil 4.4. Araştırmada kullanılan 38 genotipin Barc012 primerine ait jel görüntüsü



Şekil 4.5. Araştırmada kullanılan 38 genotipin Wmc596 primerine ait jel görüntüsü

4.2. Genetik Analizler

Araştırmada kullanılan ekmeklik buğday genotiplerinin SSR primerleri ile her bir primer için hesaplanan polimorfizm oranı (PO)(%), polimorfizm bilgi içeriği (PBİ), ayırma gücü (AG) ve allel sayısı Çizelge 4.2.'de sunulmuştur. Araştırmada kullanılan ekmeklik buğday genotiplerinden 10 adet SSR primeri tüm genotipler için uygulanmış olup; bu çalışmada kullanılan genotipler üzerinde Barc024, Wmc9, Wmc603 primerlerinin monomorfik özellik gösterdiği, diğer primerlerin ise polimorfik olduğu gözlemlenmiştir. Medini ve ark. (2005), çalışmalarında kullandıkları SSR markörlerinin polimorfizm oranlarının % 3.6 ile % 72.7 arasında değişkenlik gösterdiğini bildirmişlerdir. Bu araştırmada kullanılan primerlerin %70'inin polimorfik olduğu görülmüş ve birçok araştırmacının yaptıkları çalışmalar ile benzer olduğu gözlemlenmiştir.

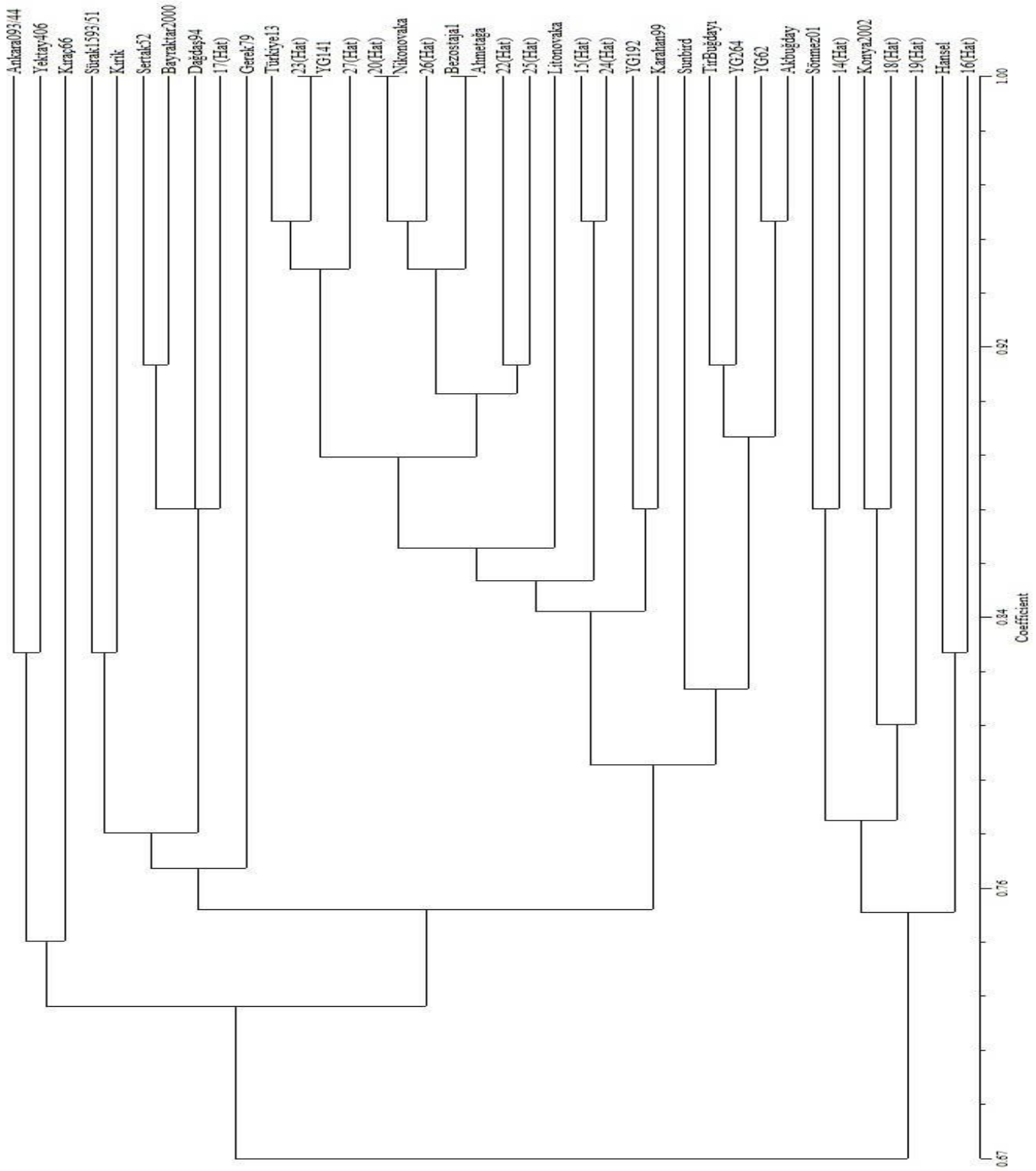
Çizelge 4.2. SSR primerlerinin polimorfizm oranı, polimorfizm bilgi içeriği, ayırma güçleri ve allel sayılarına ait değerler

Primer	PO (%)	PBİ	AG	Allel Sayısı
BARC 004	66.67	0.944	0.421	6
BARC 012	66.67	0.980	0.263	3
BARC 017	50.00	0.038	0.039	2
BARC 018	85.71	0.810	0.395	7
BARC 024	0	0	0	2
BARC 108	57.14	0.684	0.434	7
WMC 9	0	0	0	1
WMC 596	75.00	0.539	0.246	4
WMC 603	0	0	0	1
TaLEA 3	75.00	0.561	0.092	4
Ortalama	**--**	**0.46**	**0.19**	**3.7**

Bu araştırmada Polimorfizm Bilgi İçeriği (PBİ) değeri 0.038 ile 0.980 arasında değişmiş olup, ortalama PBİ değeri 0.460 olarak bulunmuştur (Çizelge 4.2.). Polimorfik özellik gösteren primerler içerisinde en düşük ve en yüksek PBİ değerini veren primerler sırasıyla; Barc017 ve Barc012'dir. Cheng-Lai ve ark. (2010), 112 SSR markörü ile yapmış oldukları çalışmada, PBİ değerini 0.205 ile 0.644 arasında bulmuşlardır. Enoki ve ark. (2002), 60 SSR markörü kullanarak yapılan çalışmaları sonucunda, SSR lokuslarındaki PBİ değerinin 0.410-0.910 arasında değerler aldığını ve ortalama değerin ise 0.690 olduğunu gözlemlemişlerdir. Salem ve ark. (2008) 48 SSR markörü kullanarak yapmış oldukları çalışmalarında, PBİ değerini 0.278-0.816 arasında olduğunu ortalama PBİ değerinin 0.548 olduğunu bildirmişlerdir.

Yapılan araştırma sonucunda 37 adet allel üretilmiş olup, lokus başına düşen allel sayısı 1-7 arasında olmuş ve ortalama her bir SSR lokus başına 3.7 allel saptanmıştır (Çizelge 4.2.). Salem ve ark. (2008), 48 SSR markörü ve 7 buğday çeşidi ile yapmış oldukları çalışma sonucunda 48 allel üretildiğini, lokus başına düşen allel sayısını 2-7 arasında olduğunu ve ortalama her lokus başına 3.2 allel olduğunu bildirmişlerdir. Ben Amer ve ark. (2001), 24 SSR markörü kullanarak her lokus için 4.5'lik ortama ile 116 allel ortaya çıkarmıştır.

Araştırmada 38 adet genotipte yapılan çalışma sonuçlarına göre elde edilen dendogram Şekil 4.6.'de sunulmuştur. UPGMA analizi ile elde edilen sonuçlara göre, 38 adet ekmeklik buğday genotipi 2 ana grup oluşturmuş ve genotipler arasındaki genetik uzaklık değeri 0.67-1.00 katsayıları arasında bulunmuş olup, ortalama değerin 0.84 olduğu tespit edilmiştir. Laborda ve ark. (2005) yaptıkları çalışmada genetik uzaklık değerini 0.22-1.00 katsayıları arasında değiştiğini ve ortalama değerin 0.61 olduğunu bildirmişlerdir. Prasad ve ark. (2000) yaptıkları çalışmada genetik uzaklık değerini 0.05-0.88 katsayıları arasında değiştiğini ve ortalama değerin 0.23 olduğunu bildirmişlerdir.



Şekil 4.6. 10 SSR primeri ile 38 adet ekmeklik buğday genotipine ait dendogram

UPGMA analizi ile elde edilen dendogram değerlendirildiğinde, analiz sonucunda biri büyük diğeri küçük grup olmak üzere 2 ana gruptan oluştuğu görülmektedir. 2. ana grup büyük grubu oluşturmuş ve 2 alt gruba ayrılmıştır. 2. alt grup içerisinde ise bir alt grup 2 kola ayrılmıştır. Liu ve ark. (1999), elde ettikleri dendogramın 4 gruptan, Pujar ve ark. (1999) 3 gruptan, Doğrar ve ark. (2000) 2 gruptan oluştuğunu bildirirken, Bhutta (2006) ise dendrogramda 1 büyük ve 2 küçük alt grup oluştuğunu bildirmişlerdir.

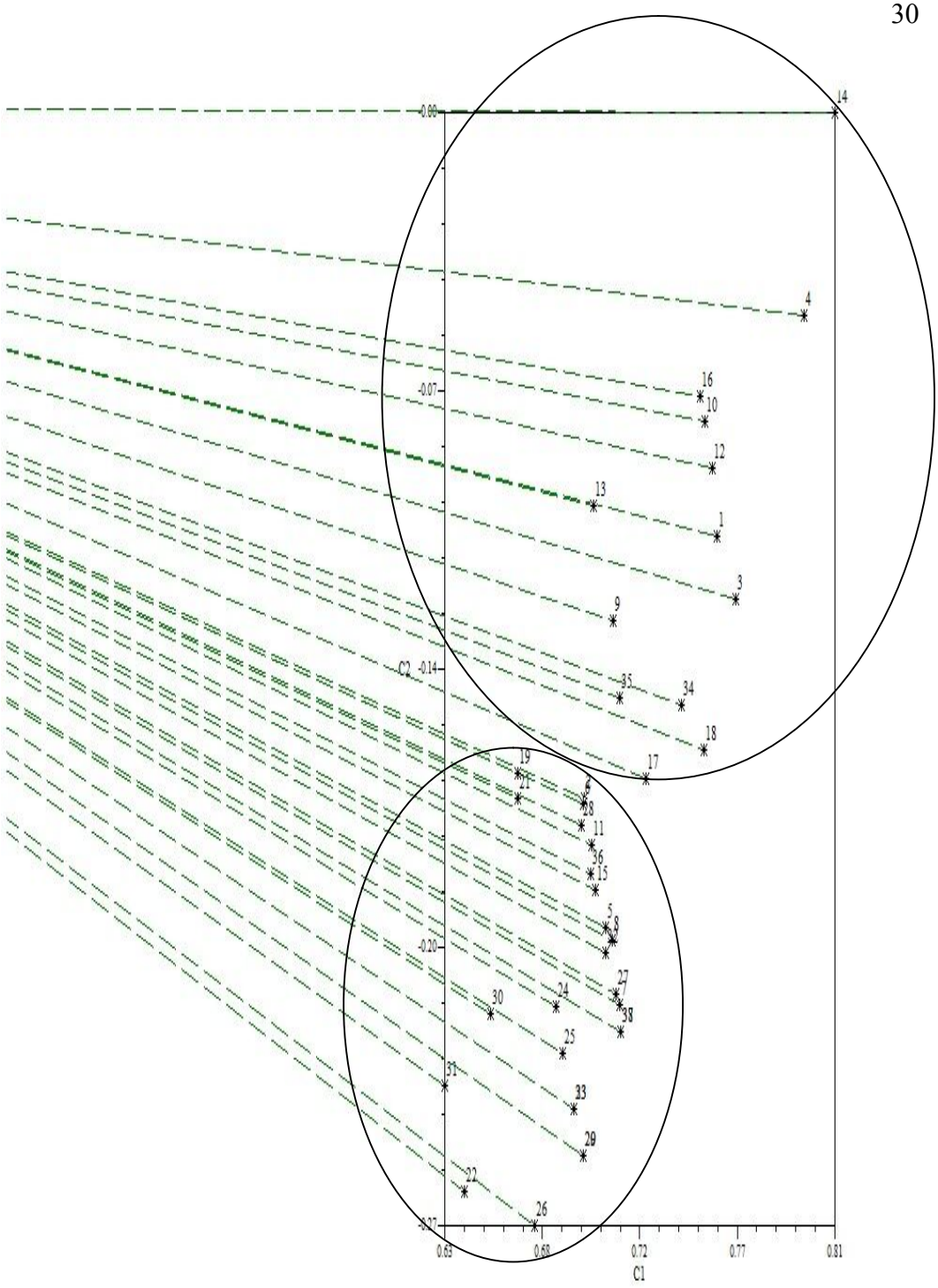
1.Ana Grup: Sönmez 01, 14(Hat), Konya 2002, 18(Hat), 19(Hat), Hansel, 16(Hat) genotipleri bu grupta yer alarak küçük ana grubu oluşturmuşlardır.

2. Ana Grup: Araştırmada kullanılan genotiplerin büyük çoğunluğu bu grupta yer almıştır.

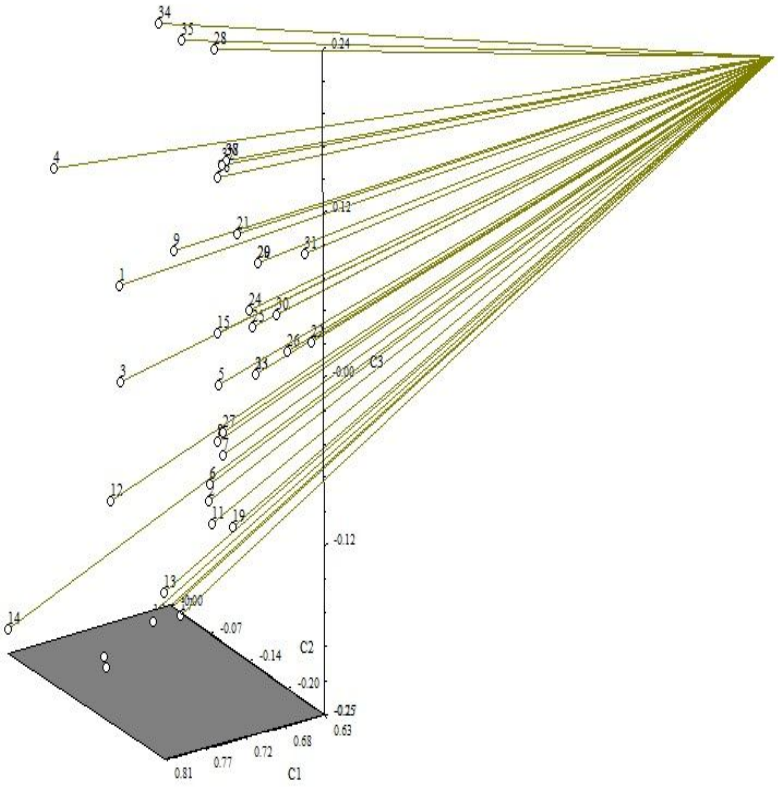
2. Ana Grup 1. Alt Grup: Ankara 093/44, Yektay 406, Kıraç 66 genotipleri bu grupta yer almışlardır.

2. Ana Grup 2. Alt Grup 1. Kol: Sürak 1593/51, Kırik, Sertak 52, Bayraktar 2000, Dağdaş 94, 17(Hat), Gerek 79 genotipleri bu kol üzerinde yer almışlardır.

2. Ana Grup 2. Alt Grup 2.Kol: Türkiye 13, 23(Hat), YG 141, 27(Hat), 20(Hat), Nikonovaka, 26(Hat), Bezostaja 1, Ahmetağa, 22(Hat), 25(Hat), Litonovaka, 15(Hat), 24(Hat), YG 192, Karahan 99, Sunbird, Tir Buğdayı, YG 264, YG 62, Akbuğday genotipleri bu kol üzerinde yer almışlardır. Her ne kadar bu kol üzerinde genotiplerin çoğunluğu yer almış olsa da bu kolda kendi içerisinde farklı benzerlikler göstermektedir. Örneğin Sunbird, Tir Buğdayı, YG 264, YG 62, Akbuğday genotipleri kol içerisinde farklı bir benzerlik grubu oluşturmuşlardır. Bu kol içerisinde 23(Hat)-YG 141, 20(Hat)-Nikonovaka ve Bezostaja1-Ahmetağa genotiplerinin kullanılan primerler açısından benzer oldukları görülmektedir. Hat(15)-Hat(24), YG 192-Karahan 99, YG 62-Akbuğday, 22(Hat)-25(Hat) genotiplerinin de kullanılan primerler açısından yakın benzer oldukları görülmektedir.



Şekil 4.7. 38 adet ekmeklik buğday genotipine ait SSR sonuçlarına göre 2D görünümü



Şekil 4.8. 38 adet ekmeklik buğday genotipine ait SSR sonuçlarına göre 3D görünümü

Şekil 4.7. ve Şekil 4.8. 'de sırasıyla analiz sonuçlarından elde edilen 2D ve 3D görünümleri verilmiştir. Yapılan araştırmada PCA (Principle Component Analysis) ölçülerek 2D ve 3D plotları üretilmiştir. Ekmeklik buğday genotiplerinin birbirlerine olan uzaklıkları 2D plot ile iki boyutlu, 3D plot ile üç boyutlu olarak gözlemlenmiş ve ekmeklik buğday genotiplerinin oluşturduğu 2 grup ortaya konulmuştur. Şekil 4.7. ve Şekil 4.8.'de Ankara 093/44, Yektay 406, Kıraç 66, Gerek 79, Sönmez01, Konya 2002, Hansel, 14(Hat), 16(Hat), 17(Hat), 18(Hat), YG 162 ve Akbuğday ekmeklik buğday genotiplerinin bir grup, diğer genotiplerin ikinci bir grup oluşturduğu görülmektedir.

Araştırmada kullanılan 10 SSR primerinden 7 adet primerin (Barc004, Barc012, Barc017, Barc018, Barc108, TaLEA3 ve Wmc 596) polimorfik olduğu belirlenmiştir. Polimorfik bant veren primerlerden elde edilen datalar Çizelge 4.3.'de verilmiştir.

Çizelge 4.3. Polimorfik bant veren primerlerden elde edilen datalar

Genotip	Barc004						Barc012			Barc017		Barc018							Barc108							TaLEA4				Wmc 596			
	1	2	3	4	5	6	1	2	3	1	2	1	2	3	4	5	6	7	1	2	3	4	5	6	7	1	2	3	4	1	2	3	4
1	-	-	-	-	+	+	-	+	+	+	+	-	+	-	-	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	-	+	+
2	-	-	-	-	+	+	-	+	+	-	+	-	-	+	-	+	+	+	-	-	+	+	+	+	-	-	+	-	+	+	-	+	+
3	-	-	-	-	+	+	-	+	-	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	-	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	-	+	+
4	+	+	-	+	+	+	-	+	-	+	+	+	+	+	-	+	+	-	-	-	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	-	+	+
5	-	-	-	-	+	+	-	+	-	+	+	-	-	-	-	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	-	-	+
6	-	-	-	-	+	+	-	+	-	+	+	-	-	+	-	+	+	+	-	-	+	+	+	+	-	-	+	-	-	+	+	+	+
7	-	-	-	-	+	+	-	+	-	+	+	-	-	+	-	+	+	-	+	-	+	+	+	+	-	-	+	-	+	+	-	+	+
8	-	-	-	-	+	+	-	+	-	+	+	-	-	+	-	+	+	+	-	-	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	-	-	+
9	+	+	-	-	+	+	-	+	-	-	+	-	-	+	-	+	+	+	-	-	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	-	-	+
10	-	-	-	+	+	+	+	+	-	+	+	-	-	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	-	-	+	-	+	-	-	+	+
11	-	-	-	-	+	+	+	+	-	+	+	-	-	-	-	+	+	+	+	-	+	+	+	+	-	-	+	-	+	+	-	-	+
12	-	-	-	+	+	+	+	+	-	+	+	-	-	+	-	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	-	+	-	+	-	-	+	+
13	-	-	-	+	+	+	-	+	-	+	+	-	-	+	+	+	+	+	-	-	+	+	+	+	-	-	+	+	-	+	-	-	+
14	-	-	-	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	-	-	+	-	+	+	-	+	+
15	-	-	-	+	+	+	-	+	-	+	+	-	-	-	-	-	+	-	+	-	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	-	+	+
16	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+	+	+	+	+	-	-	+	+	+	+	-	-	+	-	+	+	-	-	+
17	-	-	-	+	+	+	-	+	-	+	+	-	-	+	-	+	+	+	+	-	+	+	+	+	-	-	+	-	+	+	-	-	+
18	-	-	-	+	+	+	+	+	-	+	+	-	-	+	-	+	+	+	-	-	+	+	+	+	-	-	+	-	+	+	-	+	+
19	-	-	-	+	+	+	+	+	-	-	+	-	-	+	-	-	+	-	-	-	+	+	+	+	-	-	+	-	+	+	-	+	+
20	-	-	-	-	+	+	-	+	-	+	+	-	-	-	-	+	+	-	-	-	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	-	+	+
21	+	+	-	+	+	+	-	+	-	+	+	-	-	-	-	+	+	-	-	-	+	+	+	+	-	-	+	-	-	+	-	-	+
22	-	-	-	-	+	+	-	+	-	+	+	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	+	+	+	-	-	+	-	+	+	-	+	+
23	-	-	-	-	+	+	-	+	-	+	+	-	-	-	-	+	+	-	+	-	+	+	+	+	-	-	+	-	+	+	-	+	+
24	-	-	-	+	+	+	-	+	-	+	+	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	-	+	+
25	-	-	-	-	+	+	-	+	-	+	+	-	-	-	-	+	+	-	-	+	+	+	+	+	-	-	+	-	+	+	-	+	+
26	-	-	-	-	+	+	-	+	-	+	+	-	-	-	-	+	+	-	-	-	+	+	+	+	-	-	+	-	+	+	-	+	+
27	-	-	-	+	+	+	-	+	-	+	+	-	-	-	-	+	+	-	+	-	+	+	+	+	-	-	+	-	+	+	-	+	+
28	+	+	-	-	+	+	-	+	-	+	+	-	-	-	-	+	+	-	-	-	+	+	-	+	+	-	+	-	+	+	-	+	+
29	-	-	-	-	+	+	-	+	-	+	+	-	-	-	-	+	+	-	-	-	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	-	+	+
30	-	-	-	-	+	+	-	+	-	+	+	-	-	-	-	+	+	-	-	-	+	+	+	+	-	+	+	-	-	+	-	+	+
31	-	-	-	-	+	+	-	+	-	+	+	-	-	-	-	+	+	-	-	-	+	+	+	+	+	-	+	-	-	-	-	+	+
32	+	+	-	-	+	+	-	+	-	+	+	-	-	-	-	+	+	-	-	-	+	+	+	+	-	-	+	-	+	+	-	+	+
33	-	-	-	-	+	+	-	+	-	+	+	-	-	-	-	+	+	-	+	-	+	+	+	+	-	-	+	-	+	+	-	+	+
34	+	+	+	-	+	+	-	+	-	+	+	-	-	-	-	+	+	-	-	-	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	-	+	+
35	+	+	+	-	+	+	-	+	-	+	+	-	-	-	-	+	+	-	-	-	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	-	-	+
36	+	-	-	-	+	+	-	+	-	+	+	-	-	-	-	+	+	-	+	-	+	+	+	+	+	-	+	-	+	-	-	+	+
37	+	-	-	-	+	+	-	+	-	+	+	-	-	-	-	+	+	-	-	-	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	-	+	+
38	+	-	-	-	+	+	-	+	-	+	+	-	-	-	-	+	+	-	-	-	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	-	+	+
AG	0.421						0.263			0.039		0.395							0.434							0.092				0.246			

(AG) Ayırma Gücü (+) Bant var, (-) Bant yok

Çizelge 4.3. incelendiğinde araştırmada kullanılan primerler içerisinde polimorfik bant veren 7 adet primerin hesaplanan ayırma güçleri ve oluşturduğu SSR bantlarına ait (+) bant olanlar, (-) bant olmayanlar şeklinde skorlanan datalar görülmektedir.

Araştırmada kullanılan primerler bu materyallerde ilk defa denenmiştir. Bu nedenle her bir primerin genotiplerde kurağa tepkilerini ayırt etmede etkisini görmek amacıyla ayırma güçleri yüksek olan primerler seçilerek ayrı ayrı dendogramlar oluşturulmuştur.

Polimorfik 7 adet primerin genotipler arasındaki ayırma güçlerine bakıldığında Barc004, Barc018, Barc108, Barc012 ve Wmc 596 primerlerinin yüksek ayırma gücüne sahip olduğu görülmektedir. Bu primerlerden alınan datalar tüm genotiplerde farklı kombinasyonlarda dendogramları oluşturulmuş ve özellikle Barc004, Barc018, Barc108 ve Wmc596 primerlerinin oluşturduğu dendogramın kurağa toleransı yüksek olarak bilinen genotiplerde daha açıklayıcı ve anlamlı benzerlikler ortaya koyduğu gözlemlenmiştir. Bu 4 primer ile oluşturulan dendogram Şekil 4.9.'da verilmiştir.

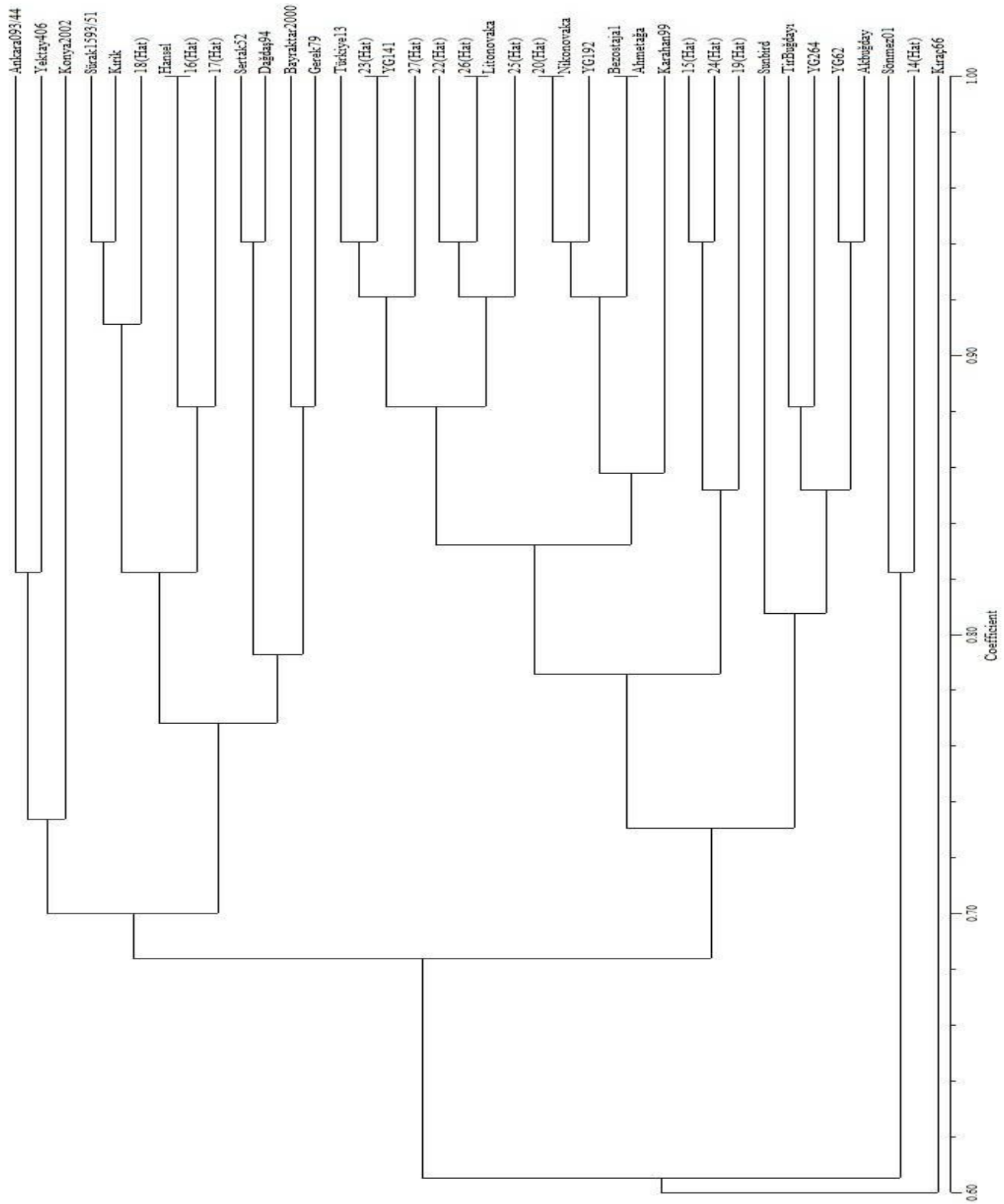
Elde edilen bu dendogram ile genotipler arasındaki genetik uzaklık değeri 0.60-1.00 katsayıları arasında bulunmuş olup, ortalama değerin 0.80 olduğu tespit edilmiştir.

Barc004, Barc018, Barc108 ve Wmc 596 primerlerinden elde edilen 38 adet ekmeklik buğday genotipine ait dendogram (Şekil 4.9.) incelendiğinde; Kıraç 66 çeşidinin bir grup oluşturduğu, Sönmez 01 ile 14(Hat)'ın başka bir grup oluşturduğu görülmektedir. Ayrıca Ankara 093 44, Yektay 406, Konya 2002, Sürak 1593 51, Kırik, 18(Hat), Hansel, 16(Hat), 17(Hat), Sertak 52, Dağdaş 94, Bayraktar 2000 ve Gerek 79 hat ve çeşitlerinin farklı bir grupta bir arada oldukları, diğer genotiplerin dördüncü grupta yer aldıkları görülmektedir.

Ankara 093 44, Yektay 406, Sürak 1593 51, Sertak 52 çeşitleri yerel popülasyonlardan seçilmiş ya da introdüksiyon ile ıslah edilmiş, olumsuz şartlara iyi adapte olabilen uzun yıllar önce tescil edilmiş çeşitlerdir ve kurağa toleranslarının yüksek olduğu bilinmektedir.

Dağdaş 94, Kıraç 66, Sönmez 01, Gerek 79 ve Bayraktar 2000 çeşitlerinin genel adaptasyon kabiliyetleri yüksek, kuraklık stresi koşullarında en az verim kaybına uğrayan, kurağa toleransı yüksek olan çeşitlerdir. Konya 2002 çeşidi ise çevre koşulları iyileştikçe verim düzeyini çevre ortalamasına paralel olarak arttırabilen bir çeşit olmasının yanında kurak koşullara adaptasyonu da iyi olan bir çeşittir (Ayrancı, 2011). Ayrıca Konya 2002 çeşidinin kurağa duyarlılık indeksi bakımından kuraklıkla ilgili ıslah çalışmalarında ebeveyn olarak kullanılabileceği bilinmektedir (Taner, 2011).

Araştırmada elde edilen bulgular neticesinde farklı araştırmacıların kontrollü şartlarda yaptıkları fizyolojik ve morfolojik çalışmalar ile elde ettikleri sonuçlar bu çalışma ile benzerlik göstermektedir.



Şekil 4.9. Barc004,Barc018,Barc108,Wmc596 primerlerinden elde edilen 38 adet ekmeklik buğday genotipine ait dendogram

Kurak koşullarda bölge ortalaması civarında verim veren, şartlar iyileştikçe en az çevre ortalaması düzeyinde verimini arttırabilen ve kurağa toleranslı olarak bilinen bazı genotiplerin gruplandırmada dördüncü grupta yer aldıkları görülmektedir. Karahan 99 çeşidi dördüncü grup içerisinde yer almıştır. Karahan 99'da dayanıklılığı sağlayan genler; daha önce tespit edilmiş, kuraklığa toleransı belirleyen hiçbir primer ile tanımlanamayabilir. Araştırmada yer alan primerlerin daha önce çalışılan genotiplerde kuraklıkla ilişkili olduğu bilinmektedir. Bu nedenle dayanıklı olarak düşündüğümüz genotiplerin hepsini aynı grup içerisinde toplamak mümkün olamayabilir.

Kurağa dayanıklılığı belirleyen faktörler çok genle yönetilmekte, ayrıca birbirleri ve çevre ile interaksiyon veren parametrelerden oluşmaktadır. Kuraklığın bu karmaşık yapısı içerisinde ıslah çalışmalarında kurağa toleranslı çeşit geliştirebilmek için birçok morfolojik ve fizyolojik parametre ile çalışılması (Çekiç, 2007) ve bunlara ilaveten moleküler teknolojilerin bu çalışmalara entegre edilmesi gerekmektedir.

Kuraklık stresine dayanıklılık ıslahında fenotipik varyasyon ile allelik varyasyon yeni özelliklerin belirlenmesini mümkün kılmaktadır. Melezlenen ebeveynler birbirinden genetik olarak ne kadar uzaksa elde edilen varyasyon o kadar büyük olabilmektedir. Bu durum ıslahçılar adına gen kaynaklarının arttırılması için çok önemlidir.

Hedefe yönelik melezlemelerde, dayanıklılık genlerini bir arada toplamak amacıyla aynı grup içerisinde yer alan genotipler ana ya da baba birey olarak kullanılabilir. Dolayısıyla erken generasyonlarda ön seleksiyonda kriter olabilmesi amacıyla araştırmada kullanılan ve ayırma gücü yüksek olan bu 4 SSR primeri (Barc004, Barc018, Barc108, Wmc596) ile yapılan moleküler taramalarda istenilen varyasyon elde edilebilir.

5. SONUÇLAR VE ÖNERİLER

5.1 Sonuçlar

Bu araştırmada, kuraklığa dayanıklı çeşit geliştirme programları için melezlemede kullanılacak uygun ebeveynlerin belirlenmesi amacıyla 38 adet ekmeklik buğday genotipinin kuraklıkla ilgili olduğu bilinen 10 SSR primeri kullanılarak genotipler arasındaki kurağa karşı tepkilerinin belirlenmesi amaçlanmıştır.

Araştırmada kullanılan 10 SSR primerinden 7'sinin (Barc004, Barc012, Barc017, Barc018, Barc108, TaLEA3 ve Wmc596) polimorfik olduğu belirlenmiştir.

Polimorfik 7 adet primerin genotipler arasındaki ayırma güçleri incelendiğinde, 5 adet primerde (Barc004, Barc018, Barc108, Barc012 ve Wmc596) farklı kombinasyonlarda dendogramlar oluşturulmuş ve Barc004, Barc018, Barc108 ve Wmc596 primerlerinin kurağa toleransı yüksek olarak bilinen genotiplerde daha açıklayıcı ve anlamlı benzerlikler ortaya koyduğu gözlemlenmiştir.

Bu araştırmada erken generasyonlarda ön seleksiyonda kriter olabilmesi amacıyla bu 4 SSR primeri (Barc004, Barc018, Barc108 ve Wmc596) ile yapılan moleküler taramalarda istenilen varyasyonlar elde edilebilir.

5.2 Öneriler

Islah kombinasyonuna girecek olan ebeveynlerin genetik yapılarını, genetik yapılarındaki olumlu karakterleriyle, bunları döllere aktarabilme yeteneğinin önceden bilinmesi sonuca ulaşmada çok önemlidir.

Bununla birlikte kuraklığın buğday verimi üzerindeki etkilerini azaltmanın veya yok etmenin en ucuz ve uzun vadeli çözümü kuraklığa toleranslı veya dayanıklı buğday çeşitlerinin geliştirilmesidir.

Günümüzde klasik ıslah çalışmalarına ilaveten DNA markör çalışmaları ile mevcut gen kaynaklarının birbirine olan uzaklıkları tespit edilebilmektedir. Gelişen bu teknoloji, ıslah programlarının önemli ölçüde ilerlemesine ve ıslahçıların başarı şansını arttırmasına neden olmuş ve zaman, emek ve maddi tasarruf sağlayarak ülke ekonomisine katkıda bulunmuştur.

Araştırmada elde edilen bulgular neticesinde, bazı genotiplerin kurağa toleranslı olarak bilinen grup içerisinde yer almaması çalışmada kullanılan polimorfik ve ayırma gücü yüksek olan primerlere ilave olarak daha fazla primer ile çalışılması gerekliliğini

ortaya koymaktadır. Daha fazla primer ile çalışılması allelik varyasyon açısından oldukça önemli olacaktır.

Ekmeklik buğday ıslah programlarında yapılacak olan çalışmalar için farklı gruplarda yer alan genotipler arasında melezlemeler yaparak farklı kurağa tolerans kaynaklarını bir arada toplamak mümkün olabilir. Elde edilen DNA markör sistemleri ile yapılan bu tip çalışmaların kuraklık açısından kontrollü tarla şartlarında fizyolojik ve morfolojik yönden test edilmesi gerekmektedir.

Hedefe yönelik çeşitlerin ve yeni popülasyonların oluşturulmasındaki seçimlerde başarı şansının arttırılması imkânı SSR tekniğinin kullanımı ile mümkün olabilmektedir.

KAYNAKLAR

Ahmad, M., 2002, Assessment of Genomic Diversity Among Wheat Genotypes Go Determined by Simple Sequence Repeats. Genome, 45(4); 646-651.

Alamerew S., Chebotar S., Huang X., Röder M.S. and Borner A., 2004, Genetic diversity in Ethiopian hexaploid and tetraploid wheat germplasm assessed by microsatellite markers. Genet. Resour. Crop Evol. 51: 559–567.

Altıntaş, S., Toklu, F., Kafkas, S., Kılıan, B., Brandolini A. and Özkan, H., 2008, Estimating Genetic Diversity in Durum and Bread Wheat Cultivars From Turkey Using AFLP and SAMPL Markers. Plant Breeding 127: 9-14.

Anonim,2014, Türkiye İstatistik Kurumu. http://www.tuik.gov.tr/

Atak, M., 2004, Farklı Triticale Hatlarının Morfolojik ve DNA Markörleriyle Genetik Karakterizasyonu. Ankara Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Anabilim Dalı Doktora Tezi 106 s.

Ayrancı, R., Aydoğan S., 2011, Orta Anadolu'da Farklı Kuraklık Tiplerinde Ekmeklik Buğday Genotiplerinin Verim, Fizyolojik, Morfolojik ve Kalite Özellikleri Yönüyle Tepkileri İle Islahta Kullanılabilecek Uygun Parametrelerin Belirlenmesi. Tübitak 1002 Hızlı Destek Programı 109O822 nolu Proje Sonuç Raporu. 275 s.

Barret, B.A., Kidwell, K.K., Fox, P.N., 1998, Comparison of AFLP and Pedigree-Based Genetic Diversity Assessment Methods Using Wheat Cultivars from The Pacific Northwest. Crop Science, 38; 1271-1278.

Ben Amer, I.M., Borner, A., Röder, M.S., 2001, Detection of genetic diversity in Libyan wheat genotypes using wheat microsatellite markers. Genet. Resour. Crop Evol. 48: 579–585.

Bhutta, W.M., 2006, Biochemical and Molecular Characterization of Wheat Genotypes Determined By RAPD Analysis. Acta Agriculturae Scandinavica, Section B-Plant Soil Sience, 57(4):335-341.

Blum, A., 1986, Breeding Crop Varieties for Stress Environments", Critical Reviews in Plant Sciences, 2: 199-237.

Bohn, M., Utz, F.H. and Melchinger, A.E., 1999, Genetic similarities among winter wheat cultivars determined on the basis of RFLPs, AFLPs, and SSRs and their use for predicting progeny variance. Crop Sci. 39: 228-237.

Börner, A., Chebotar, S. and Korzun, V., 2000 (a), Molecular characterization of the genetic integrity of wheat (*Triticum aestivum* L.) germplasm after long-term maintenance. Theor. Appl. Genet. 100: 494-497.

Börner, A., Röder, M.S., Unger, O. and Meinel, A., 2000 (b), The Detection and molecular mapping of a major gene for non-specific adultplant disease resistance against stripe rust (*Puccinia striiformis*) in wheat. Theor. Appl. Genet. 100: 1095–1099.

Burkhamer, R.L., Lanning, S.P., Martens, R.J., Martin, J.M., Talbert, L.E., 1998, Predicting Progeny Variance from Parental Divergence in Hard Red Spring Wheat. Crop Science, 38; 234-248.

Cheng- Lai, W., Qian-Qian, Z., Bing-Xue, D., Sheng-Fu, L., Chun-Qing, Z., 2010, Analaysis of genetic structure and relationships of maize inbred lines in China, ScienceDirect, 36(11):1821-1831.

Ciuca, M., Todorvska, E., Kolev, S., Nicolae, R., Guinea, I., Saulescu, N., 2009, Marker-Assisted Selection (MAS) for drought tolerance in Wheat using markers associated with membrane stability. AN. I.N.C.D.A. FUNDULEA, VOL. LXXVII

Ciuca, M., Banica, C., David, M., Saulescu, N.N., 2010, SSR Markers Associated with the Capacity for Osmotic Adjustment in Wheat (Triticum aestivum L.). Romanian Agricultural Research, No.27,2010

Cuadrado, A., Schwarzacher, T., 1998, The chromosomal organization of simple sequence repeats in wheat and rye genomes. Chromosoma, 107: 587-594.

Çekiç, C., 2007, Kurağa Dayanıklı Buğday (*Triticum aestivum* L.) Islahında Seleksiyon Kriteri Olabilecek Fizyolojik Parametrelerin Araştırılması. Ankara Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Toprak Anabilim Dalı Doktora Tezi 112 s.

Dhanda, S.S., Sethi G.S., Behl R.K., 2004, Indices of drought tolerance in wheat genotypes at early stages of plant growth. J. Agronomy & Crop Science, 190: 6-12.

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

Doğrar, N., Akın-Yalın, S. and Akkaya, M.S., 2000, Discriminating durum wheat cultivars using highly polymorphic simple sequence repeat DNA markers Plant Breed. 119: 360–362.

Donini, P., Stephenson, P., Bryan, G.J., Koebner, R.M.D., 1998, The Patential of Microsatellites for High Throughtput Genetic Diversity Assessment in Wheat and Barley. Genetic Resources and Crop Evolution, 45; 415-421.

Dreisigacker, S., Zhang, P., Warburton, M.L., Skovmand, B., Hoisington, D. and Melchinger, A.E., 2005, Genetic Diversity Among and with in CIMMYT Wheat Landrace Accessions Investigated with SSRs and Implications for Plant Genetic Resources Management. Crop Science, 45; 65-661.

El-Maghraby, M.A., Moussa, M.E., Hana N.S., Agrama H.A., 2005, Combining ability under drought stress relative to SSR diversity in common wheat Euphytica 141: 301–308

Enoki, H., Sato, H., Koinuma, K., 2002, SSR analysis of genetic diversity among maize inbred lines adapted to cold regions of Japon, Theor Appl Genet, 104:1270-1277.

FAO, 2014, Food and Agriculture Organization of the United Nations Statistics Division http://faostat3.fao.org/home/E

Garg, M., Sukhwinder, S., Baldev, S., Kuldeep, S., Dhaliwal, H.S., Singh, S., Singh, B., Singh, K., 2001, Estimates of Genetic Similarities and DNA Fingerprinting of Wheat (*Triticum Species*) and Triticale Cultivars Using Molecular Markers. Indian Journal of Agricultural Sciences, 71; 438-443.

Gosal, S.S., Wani S.H. and Kang M.S., 2009, Biotechnology and drought tolerance. Journal of Crop Improvement, 23:19–54.

Gupta, P.K., Balyan, H.S., Edwards, K.J., Isaac, P., Korzun, V., Röder, M.S., Gautier, M.F., Joudrier, P., Schlatter, A.R., Dubcovsky, J., Dela Pena, R.C., Khairallah, M., Penner, G., Hayden, M.J., Sharp, P., Keller, B., Wang, R.C.C., Hardouin, J.P., Jack, P., Leroy, P., 2002, Genetic mapping of 66 new microsatellite (SSR) loci in bread wheat. Theor. Appl. Genet.105: 413–422.

Hakkı, E.E., Savaşkan, Ç., Akkaya, M.S., 2001, Genotyping of Anatolian doubled haploid durum lines with SSR markers. Euphytica 122: 257-262.

Joshi, C.P., Nguyen, H.T., 1993, RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) Analysis Based Intervarietal Genetic Relationships Among Hexaploid Wheats. Plant Science, 93; 95-103.

Jump, A.S. and Penuelas J., 2005, Running to stand still: adaptation and the response of plants to rapid climate change. Ecol. Lett., 8, 1010–1020.

Kadam, S., Chavan, S., Gacche, R., Pawar, V., 2012, Developed Drought Tolerant Gene Based SSR (DTGB-SSR) Markers in Wheat. Research Analysis and Evaluation 12-14

Khlestkina, E.K., Röder, M.S., Efremova, T.T., Börner, A., Shumny, V.K., 2004, The genetic diversity of old and modern Siberian varieties of common spring wheat as determined by microsatellite markers. Plant Breed. 123: 122-127.

Kim, H.S., Ward, R.W., 2000, Patterns of RFLP-Based Genetic Diversity in Germplasm Pool of Common Wheat with Different Geographical or Breeding Program Origins. Euphytica, 115; 197-208.

Kirigwi, F.M., Van Ginkel, M., Brown-Guedira, G., Gill, B.S., Paulsen, G.M. and Fritz, A.K., 2007, Markers associated with a QTL for grain yield in wheat under drought. Mol. Breeding, 20:401-413.

Korzun, V., Börner, A., Worland, A.J., Law, C.N. and Röder, M.S., 1997, Application of microsatellite markers to distinguish intervarietal chromosome substitution lines of wheat (*Triticum aestivum* L.). Euphytica 95: 149–155.

Laborda, P.R., Oliveira, K.M. and Garcia, A.A.F., 2005, Tropical maize germplasm: what can we say about its genetic diversity in the light of molekular markers, Theor Appl Genet, 111:1208-1299.

Litt, M. and Luty, J.A., 1989, A Hypervariable Microsatellite Revealed by in-Vitro Amplification of A Dinucleotid & Repeat within the Cardiac Muscle Actin Gene. American Journal of Human Genetics, 44; 397-401.

Liu, Z.Q., Pei Y. and Pu Z.J. 1999, Relationship Between Hybrid Performance and Genetic Diversity Based on RAPD Markers in Wheat (*Triticum aestivum* L.) Plant Breeding 118:119-123.

Luikart, G. and England, P.R., 1999, Statistical analysis of microsatellite DNA data. Trends in Ecology & Evolution 14: 253–256.

Mahmood, A., Baenziger, P.S., Budak, H., Gill, K.S., Dweikat, I., 2004, The use of microsatellite markers for the detection of genetic similarity among winter bread wheat lines for chromosome 3A. Theor. Appl. Genet. 109: 1494–1503.

Manifesto, M.M., Schlatter, A.R., Hopp, H.E., Suarez, E.Y. and Dubcovsky, J., 2001, Quantitative evaluation of genetic diversity in wheat germplasm using molecular markers. Crop Sci. 41: 682-690.

Mantel, N., 1967, The detection of disease clustering and a generalized regression approach. Cancer Research, 27:175-178.

Mclauchlan, A., Henry, R.J., Isaac, P.G., Edwards, K.J., 2001, Microsatellite analysis in cultivated hexaploid wheat and wild wheat relatives. CAB International. Plant Genotypis: DNA Fingerprinting of Plants, Chapter,10.

Medini, M., Hamza, S., Rebai, A. and Baum, M., 2005, Analysis of genetic diversity in Tunisian durum wheat cultivars and related wild species by SSR and AFLP markers. Genetic Resources and Crop Evolution, 52: 21–31.

Messmer, M., Keller M., Zanetti, S. and Keller, B., 1999, Genetic linkage map of a wheat x spelt cross. Theor. Appl. Genet. 98: 1163-1170.

Nguyen, H.T., 2000, Molecular Dissection of Drought Resistance in Crop Plants: From Traits to Genes. (Ribaut, J.M. and D. Poland, eds.) Molecular approaches for the genetic improvement of cereals for stable production in water-limited environments. A strategic planning workshop held at CIMMYT El Batan, Mexico, 21–25 June 1999. CIMMYT, Mexico DF, p 45–48.

Olivares-Villegas J.J., 2007. Physiological Attributes of Drought-Adaptation and Associated Molecular Markers in the Seri/Babax Hexaploid Wheat (*Triticum*

aestivum, L.) Population. Ph.D. Thesis. The University of Adelaide, Australia, Pp:228.

Parker, G.D., Chalmers, K.J., Rathjen, A.J. and Langride, P., 1998, Mapping loci associated with flour colour in wheat (*Triticum aestivum* L.). Theor. Appl. Genet. 97: 238–245.

Parker, G.D., Fox, P. N., Langridge, P., Chalmers, K., Whan, B. and Ganter, P., 2002, Genetic diversity within Australian wheat breeding programs based on molecular and pedigree data. Euphytica 124: 293-306.

Pestsova, E., Korzun, V., Goncharov, N.P., Hammer, K., Ganal, M.W., Röder, M.S., 2000, Microsatellite analysis of *Aegilops tauschii* germplasm. Theor. Appl. Genet. 101: 100–106.

Prasad, M., Varshney, R.K., Roy J.K., Balyan, H.S., Gupta, P.K., 2000, The use of microsatellites for detecting DNA polymorphism, genotype identification and genetic diversity in wheat. Theor. Appl. Genet. 100: 584–592.

Prevost, A. and Wilkinson, M. J., 1999. A new system of comprasing PCR Primers applied to ISSR fingerprinting of potato accessions. Theoretical and Applied Genetics, 98: 107–112.

Pujar, S., Tamhankar, S.A., Rao, V.S., Gupta, V.S., Naik S. and Ranjekar, P.K., 1999, Arbitrarily Primed PCR Based Diversity Assesment Reflects Hierarchical Grouping of Indian Tetraploid Wheat Genotypes. Theo. Appl. Genet. 99(5):868-876.

Quarrie, S.A., Dodig, D., Pekiç, S., Kirby J. and Kobiljski, B., 2003, Prospects for marker-assisted selection of improved drought responses in wheat. Bulg. J. Plant Physiol., Special Issue:83-95.

Rafalski, A., Morgante, M., Powell, W., Vogel, J.M., Tingey, S.V., 1996, Generating and Using DNA Markers in Plants. In: Birren B., Lai E. (Eds.): Analysis of Non-Mammalian Genomes - A Practical Guide. Academic Pres., New York.

Reynolds, M., Dreccer, F. and Trethowan, R., 2007, Drought adaptive traits derived from wheat wild relatives and landraces. Journal of Experimental Botany, 58 (2):177-186.

Roussel, V., Leisova, L., Exbrayat, F., Stenho, Z., Balfourier, F., 2005, SSR allelic diversity changes in released from 1840 to 2000. Theor. Appl. Genet. 111: 162–170.

Röder, M.S., Plaschke, P., Konig, S.U., Borner, A., Sorrells, M.E., Tanksley, S.D. and Ganal, M.W., 1995, Abundance, variability and chromosomal location of microsatellites in wheat. Mol. Gen. Genet. 246: 327-333.

Röder, M.S., Korzun, V., Wendehake, K., Plaschke, J., Tixier, M.H., Leroy, P., Ganal, M.W., 1998, A microsatellite map of wheat. Genetics. 149

Röder, M.S., Wendehake, K., Korzun, V., Bredemeijer, G., Laborie, D., Bertrand, L., Isaac, P., Rendell, S., Jackson, J., Cooke, R.J., Vosmann, B., Ganal, M.W., 2002, Construction and analysis of a microsatellite-based database of European wheat cultivars. Theor Appl Genet, 106:67–73

Russell, J.R., Ellis, R.P., Thomas, W.T.B., Waugh, R., Provan, J., Booth, A., Fuller, J., Lawrence, P., Young, G. and Powell, W., 2000, A retrospective analysis of spring barley germplasm Development from "foundation genotypes" to currently successful cultivars. Mol. Breed. 6: 553–568.

Salem, K.F.M., El-Zanaty, A.M. and Esmail, R.M., 2008, Assessing Wheat (*Triticum aestivum* L.) Genetic Diversity Using Morphological Characters and Microsatallite Markers. World Journal of Agricultural Sciences 4 (5):538- 544.

Schlotterer, C., 2004, The evolution of molecular markers-just a matter of fashion Nat. Rev. Genet., 5, 63-69.

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

Somers, D.J., Isaac, P. and Edwards, K., 2004, A high-density microsatellite consensus map for bread wheat (*Triticum aestivum* L.). Theor. Appl. Genet. 109: 1105 1114.

Stachel, M., Lelley, T., Grausgruber, H. and Vollmann, J., 2000, Application of microsatellites in wheat (*Triticum aestivum* L.) for studying genetic differentiation caused by selection for adaptation and use. Theor. Appl. Genet. 100: 242–248.

Stepien, L., Mohler, V., Bocianowski, J., Koczyk, G., 2007, Assessing genetic diversity of Polish wheat (*Triticum aestivum*) varieties using microsatellite markers. Genet Resour Crop Evol, 54:1499–1506.

Strelchenko, P., Kenneth S., Mitrofanova, O., Machay, M. and Balfourier, F., 2002, Genetic Diversity Among Hexaploid Wheat Landraces with Different Geographial Origins Revealed by Microsatellites: Comparison with AFLP and RAPD.

Taner, S., 2011, Ekmeklik Buğdayda Kurağa Toleranslı ve Hassas Genotiplerde Bazı Fizyolojik ve Morfolojik Parametreler Kullanılarak Kalıtım Değerlerinin İncelenmesi. Ankara Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Toprak Anabilim Dalı Doktora Tezi 120 s.

Tautz, D., Trice, M., Dover, G.A., 1986, Cryptic Simplicity in DNA is A Major Source of Genetic Variation. Nature, 322; 652-656.

Thomas, B.R., McDonalds, S.E., Hicks, M., Adams, D.L., Hodgetts, R.B., 1999, Effect of Reforestation Methods on Genetic Diversity of Lodgepole Pine: An Assessment Using Microsatellite and Randomly Amplified Polymorphic DNA Markers. Theoretical and Applied Genetics, 98; 793-801.

Toklu, F., Yağbasanlar, T., 2005, Ekmeklik buğdayda (*Triticum aestivum* L.) Bitki Boyu, Başaklanma Süresi, Bayrak Yaprak Alanı ve Tane Ağırlığının Kalıtımı Üzerine Bir Araştırma. Türkiye VI. Tarla Bitkileri Kongresi, Cilt II, s. 689-694, 5-9 Eylül 2005, Antalya.

Varshney, R.K., Prasad, M., Roy, J.K., Röder, M.S., Balyan, H.S. and Gupta, P.K., 2001, Integrated physical maps of 2DL, 6BS and 7DL, carrying loci for grain protein content and pre-harvest sprouting tolerance in bread wheat. Cereal Res. Commun. 29: 33–40.

Virk, P.S., Pooni, H.S., Syed, N.H. and Kearsey, M.J., 1999, Fast and reliable genotype validation using microsatellite markers in *Arabidposis thaliana*. Theor. Appl. Genet. 98: 462-464.

Wei, Y.M., Zheng, Y.L., Yan, Z.H., Wu, W., Zhang, Z.Q., Lan, X.J., 2003, Genetic Diversity in Chinese Endemic Wheats Based on STS and SSR Markers. Wheat Infor. Serv., 97; 9-15.

Yıldırım, A., Karadağ, Y., Sakin, M.A., Gökmen, S., Kandemir, N., Akkaya, M.S. and Yıldırım, F., 2004 (a), Transfer of stripe rust resistance gene *Yr26* to Turkish wheats using microsatellite markers. Cereal Research Communications, 32 (1): 25-30.

Yıldırım, A., Sakin, M.A., Karadağ, Y., Gökmen, S., Kandemir, N., Akkaya, M.S. and Yıldırım, F., 2004 (b), Genetic markers mediated transfer of an alien gene, *Pm21*, into wheat conferring resistance to powdery mildew. Biotechnol. & Biotechnol. Eq., 18 (2): 15-19.

Yıldırım, A., 2005, Molecular marker facilitated pyramiding of resistance genes for fungal diseases of wheat. Workshop on Genomics and Marker Assisted Selection (MAS) in Plant Breeding 3-7 Ekim 2005, İzmir, (Sunulu Bildiri).

Zhang, Q., Yu, K., Yuan, W., Xue, F., Sun, H. and Zhu, H., 2008, Purification of large scale plasmid DNAs by selective precipitation with cetyltrimethylammonium bromide. Chinese Journal of Biotechnology 24(12):2117-21.

ÖZGEÇMİŞ

KİŞİSEL BİLGİLER

Adı Soyadı : Enes YAKIŞIR
Uyruğu : T.C.
Doğum Yeri ve Tarihi : İncesu 01.08.1983
Telefon : 0 533 513 9013
Faks :
e-mail : enesyakisir@hotmail.com

EĞİTİM

Derece		Adı, İlçe, İl	Bitirme Yılı
Lise	:	Konya Gazi Lisesi	2000
Üniversite	:	Atatürk Üniversitesi	2005
Yüksek Lisans	:	Selçuk Üniversitesi	-
Doktora	:		

İŞ DENEYİMLERİ

Yıl	Kurum	Görevi
2006-2009	Erzurum İl Tarım Müdürlüğü	Mühendis
2009-halen	Konya Bahri Dağdaş UTAEM	Mühendis Araştırmacı-Islahçı

UZMANLIK ALANI
Buğday Islahı

YABANCI DİLLER
İngilizce

BELİRTMEK İSTEĞİNİZ DİĞER ÖZELLİKLER

YAYINLAR

Yakışır, E., Taner, S., 2013, Bazı Ekmeklik Buğday (*Triticum aestivum* L.) Genotiplerinin Kontrollü Yağış Şartlarında Verim ve Bazı Fizyolojik Parametreler Yönünden Değerlendirilmesi. 10. Tarla Bitkileri Kongresi ,Konya, Say:734-737.

Taner, S., Cerit, İ., **Yakışır, E**., Özer, E. 2013, Buğdayın Vejetatif Gelişme Döneminde Meydana Gelen Zararlanmanın Verim ve Bazı Verim Unsurlarına Etkisi. 10. Tarla Bitkileri Kongresi, Konya, Say:695-698.

Topal İ., Ercan, B., Özdemir, F., Taş, M.N., Türköz, M.; Kara, İ., **Yakışır, E**., Güneş, A., Koç, H., 2013, Makarnalık Buğday Genotiplerinin Sarı Pas *(Puccinia Striiformis E. Sp. Tritici)* ve Kara Pas *(Puccinia graminis E. Sp. Tritici.*) Hastalıklarına Karşı Tepkilerinin Belirlenmesi. 10. Tarla Bitkileri Kongresi, Konya, Say:724-727.

Şahin, M., Aydoğan, S., Akçacık, A.G., Demir, B., Önmez, H., Taner, S., **Yakışır, E**., 2013, Orta Anadolu Bölgesinde Ekimi Yapılan Bazı Ekmeklik Buğday (*Triticum aestivum* L.) Genotiplerinin Kuru ve Sulu Koşullardaki Verim ve Kalite Özelliklerinin Karşılaştırılması. 10. Tarla Bitkileri Kongresi, Konya, Say:670-676.

Aydoğan, S., Akçacık, A.G., Şahin, M., Önmez, H., Demir, B., **Yakışır, E**., 2013, Ekmeklik Buğday Çeşitlerinde Fizikokimyasal ve Reolojik Özelliklerin Belirlenmesi. Tarla Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsü Dergisi, 2013, 22 (2):74-85

İmriz G., Özdemir F., Topal İ., Ercan B., Taş M.N., **Yakışır E**., Okur O., 2014, Bitkisel Üretimde Bitki Gelişimini Teşvik Eden Rizobakteriler (PGPR) in Rolü ve Etki Mekanizmaları. Elektronik Mikrobiyoloji Dergisi (in press).

Aydoğan S., Şahin M., Akçacık A.G., Hamzaoğlu S., **Yakışır E**., 2014, Makarnalık Buğday Çeşitlerinin Sulu ve Kuru Koşullarda Bazı Kalite Özellikleri ve Miksograf Parametrelerinin Değerlendirilmesi. Uluslararası Mezopotamya Tarım Kongresi 22-25 Eylül, Diyarbakır Say:116.

Aydoğan, S., Şahin, M., Akçacık, A.G., **Yakışır, E**., 2014, Farklı Tane İriliğinin Ekmeklik Buğday Kalitesine Etkisi. Selçuk Tarım Bilimleri Dergisi 1(1):27-33

Yakışır, E., Taner, S., Bayraktaroğlu, M., Yıldırım, T., Çayıröz, M.A., Kara İ., Türköz, M., Cerit, Ş.İ., Şahin, M., Aydoğan S., 2015, İleri Kademe Bazı Ekmeklik Buğday (*Triticum aestivum* L.) Genotiplerinin Yağışa Dayalı Şartlarda Tane Verimi ve Bazı Kalite Parametreleri Yönünden Değerlendirilmesi 7-10 Eylül 11. Tarla Bitkileri Kongresi Çanakkale. (Sunulu Bildiri) (in press)

Şahin, M., Akçacık, A.G., Aydoğan, S., **Yakışır, E.,** 2015, Orta Anadolu Sulu Koşullarında Bazı Kışlık Ekmeklik Buğday Genotiplerinin Verim ve Kalite Performanslarının Belirlenmesi 7-10 Eylül 11. Tarla Bitkileri Kongresi, Çanakkale.(in press)

Bayraktaroğlu, M., Taner, S., **Yakışır, E**., Yıldırım, T., Çayıröz, M.A., Özer, E., Yaşar, M., Çeri, S., Akçacık, A.G., Hamzaoğlu S., 2015, Bazı Ekmeklik Buğday (*Triticum aestivum* L.) Genotiplerinin Verim ve Kalite Parametreleri Yönünden Değerlendirilmesi 7-10 Eylül 11. Tarla Bitkileri Kongresi, Çanakkale. (in press)

Taner, S., Cerit, Ş.İ., **Yakışır, E.,** 2015, Konya Şartlarında Buğdayın Gelişme Dönemlerine Ait Günlük Toplam Sıcaklık (GDD) Değerleri 7-10 Eylül 11. Tarla Bitkileri Kongresi, Çanakkale. (in press)

Cerit, Ş.İ., Özer, E., Türköz, M., **Yakışır, E**., Kara, İ., Şahin, M., Okur, O., Çayıröz M.A., 2015, Tritikale (*Triticosecale* Witt.) Melez Bahçesi Hat ve Çeşitlerinin Verim ve Kalite Yönünden İncelenmesi 7-10 Eylül 11. Tarla Bitkileri Kongresi, Çanakkale. (in press)

Özer, E., Cerit, Ş.İ., Akçacık, A.G., **Yakışır, E**., Türköz, M., Taner, S., Çeri, S., Kara, İ., Yıldırım, T., Bayraktaroğlu, M., Yaşar, M., 2015, Tritikale **(***Triticosecale*

Witt.) Hatlarında Verim ve Kalite Özelliklerinin Belirlenmesi. 7-10 Eylül 11. Tarla Bitkileri Kongresi, Çanakkale. (in press)

Akan, K., Mert, Z., **Yakışır, E**., Taner, S., Türköz, M., 2015, Rust reactions of lines in a wheat crossing block nursery developed by the Bahri Dağdaş İnternational Agricultural Research Institute in 2014 Borlaugh Global Rust Initiative. The 2015 BGRI Workshop,17-20 September, Sydney- Australia.(in press)

Özer, E., Akın, B., Mert, Z., Subaşı, K., **Yakışır, E**., Özdemir, F., Morgounov, A., 2015, Identification of stripe rust resistant selections from wheat landraces currently under cultivation in Turkey. Borlaugh Global Rust Initiative. The 2015 BGRI Workshop,17-20 September, Sydney- Australia. (in press)