

**UKUROVA NİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Ahmet Can DİVİTLİOĞLU

**BAZI EKMEKLİK BUĞDAY ÇEŞİTLERİNİN FONKSİYONEL
DNA MARKÖRLERİ İLE KARAKTERİZASYONU**

BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI

ADANA-2020

**UKUROVA NİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**BAZI EKMEKLİK BUĞDAY ÇEŞİTLERİNİN FONKSİYONEL DNA
MARKÖRLERİ İLE KARAKTERİZASYONU**

Ahmet Can DİVİTLİOĞLU

YÜKSEK LİSANS TEZİ

BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI

Bu Tez 20/01/2020 Tarihinde Aşağıdaki Jüri Üyeleri Tarafından
Oybirliği/Oyçokluğu ile Kabul Edilmiştir.

.....
Prof. Dr. Hakan ÖZKAN
DANIŞMAN

.....
Prof. Dr. Rüştü HATİPOĞLU
ÜYE

.....
Prof. Dr. Tolga KARAKÖY
ÜYE

Bu Tez Enstitümüz Biyoteknoloji Anabilim Dalında hazırlanmıştır.
Kod No:

Prof. Dr. Mustafa GÖK
Enstitü Müdürü

**Bu Çalışma Çukurova Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Birimi Tarafından
Desteklenmiştir.**
Proje No: FYL-2017-7861

Not: Bu tezde kullanılan özgün ve başka kaynaktan yapılan bildirişlerin, çizelge ve
fotoğrafların kaynak gösterilmeden kullanımı, 5846 sayılı Fikir ve Sanat Eserleri
Kanunundaki hükümlere tabidir.

ÖZ

YÜKSEK LİSANS TEZİ

BAZI EKMEKLİK BUĞDAY ÇEŞİTLERİNİN FONKSİYONEL DNA MARKÖRLERİ İLE KARAKTERİZASYONU

Ahmet Can DİVİTLİOĞLU

ÇUKUROVA ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI

Danışman : Prof. Dr. Hakan ÖZKAN
Yıl: 2020, Sayfa: 95
Jüri : Prof. Dr. Hakan ÖZKAN
: Prof. Dr. Rüştü HATİPOĞLU
: Prof. Dr. Tolga KARAKÖY

Ekmeklik buğday ıslahında gen kaynaklarının moleküler olarak karakterize edilmesi oldukça önemlidir. Özellikle bu bilgilerin bilinmesi, yapılacak ıslah çalışmalarının başarısını artıracaktır. Bu çalışmada, 63 fonksiyonel DNA markörü kullanarak, 54 hekzaploid Türk ve yabancı orijinli buğday çeşidi moleküler olarak karakterize edilmiştir.

Bu araştırmada; adaptasyon, kalite, biyotik ve abiyotik faktörlere dayanıklılık sağlayan gen bölgeleri ile ilişkili 63 adet fonksiyonel DNA markörü kullanılmış ve çeşitler arasındaki gen bölgelerinin allelik durumları ve allellerin frekans değerleri saptanmıştır. İncelenen gen bölgeleri bakımından, çeşitler arasında önemli genetik farklılıkların olduğu belirlenmiştir.

Araştırma bulgularına dayanarak, incelenen ekmeklik buğday çeşitlerinin buğday ıslah programlarında farklı amaçlar için kullanılabileceği sonucuna varılmıştır.

Anahtar kelimeler: Ekmeklik Buğday, Genetik Çeşitlilik, Fonksiyonel DNA Markörleri

ABSTRACT

MSc. THESIS

CHARACTERIZATION OF SOME BREAD WHEAT GENOTYPES BY FUNCTIONAL DNA MARKERS

Ahmet Can DİVİTLİOĞLU

**ÇUKUROVA UNIVERSITY
INSTITUTE OF NATURAL AND APPLIED SCIENCES
DEPARTMENT OF BIOTECHNOLOGY**

Supervisor : Prof. Dr. Hakan ÖZKAN
Year: 2020, Pages: 95
Jury : Prof. Dr. Hakan ÖZKAN
: Prof. Dr. Rüştü HATİPOĞLU
: Prof. Dr. Tolga KARAKÖY

Molecular characterization of gene sources is very important in bread wheat breeding. Especially, knowing this information will increase the success of the improvement studies. In this study, 54 hexaploid Turkish and foreign wheat varieties were molecularly characterized using 63 functional DNA markers.

In this study, 63 functional DNA markers associated with gene regions controlling adaptation, quality, resistance to biotic and abiotic factors were used, and allelic states and frequency values of alleles among the varieties were determined. In terms of gene regions examined, it was determined that there were significant genetic differences between varieties.

Based on the research findings, it was concluded that the wheat varieties examined can be used for different purposes in wheat breeding programs.

Key words: Bread Wheat, Genetic Variability, Functional DNA Markers

GENİŞLETİLMİŞ ÖZET

Toplam 54 adet ticari ekmeklik buğday çeşidini fonksiyonel markörler yardımıyla moleküler olarak karakterize etmek amacıyla yapılan bu çalışmanın sonuçları aşağıda verilmiştir. Çalışmada; adaptasyon, kalite, biyotik ve abiyotik faktörlere dayanıklılık ile ilişkili olduğu bilinen 63 adet fonksiyonel DNA markörü kullanılmıştır.

Fotoperyot tepkisizliği sağlayan *Ppd-A1a* alleli analiz edilen ekmeklik buğday çeşitlerinin 43'ünde (%80) tespit edilmiştir. Fotoperyot duyarsızlığı ile ilişkili *Ppd-B1b* alleli analiz edilen çeşitlerin hiç birisinde saptanamamış, ancak çeşitlerin hepsinin *Ppd-B1a* alleli taşıdığı tespit edilmiştir. Fotoperyot ile ilişkili bir diğer lokus olan *Ppd-D1* lokusu için fotoperyoda duyarlı *2kb Del* allelinin analiz edilen çeşitlerin 23'ünde (%57) bulunduğu, tepkisiz *2 kb Ins* allelinin ise 31 (%43) buğday çeşidinde bulunduğu saptanmıştır.

Vrn-A1 lokusu bakımından analiz edilen ekmeklik buğday çeşitlerinin 24 adedinin (%44) *vrn-A1*(3X) kışlık alleli, 30 adedinin (%56) ise yazlık *Vrn-A1* (1X) allelini taşıdığı tespit edilmiştir. *Vrn-B1* ve *Vrn-D1* lokusları için kışlık *vrn-B1* ve *vrn-D1* alleli sadece bir (%2) buğday çeşidinde tespit edilmiştir.

Uzun boy ile ilişkili *Rht-B1* lokusundaki *Rht-B1a* alleli incelenen 54 ekmeklik buğday çeşitlerinin 28 adedinde (%52), *Rht-D1* lokusunda yer alan ve uzun boy ile ilişkili *Rht-D1a* alleli ise incelenen çeşitlerin 48 adedinde (%89) tespit edilmiştir. Bu lokusdaki kısa boy ile ilişkili *Rht-D1b* alleli sadece 6 çeşitte (%11) saptanmıştır.

Bin dane ağırlığının yüksek olmasını olumlu şekilde etkileyen *Hap-H*, *TaGS-D1a* ve *TaTGW6-A1a* allellerinin 54 ekmeklik buğday çeşidinde sırasıyla, 14 (%23), 33 (%61) ve 41 (%80)'inde bulunduğu belirlenmiştir.

Kuraklıkta yüksek verim ile pozitif ilişkili *CWI-4A* lokusundaki *Hap-4A-C* alleli, incelenen çeşitlerin 15 adedinde (%28), aynı şekilde kuraklıkta düşük verim ile ilişkili *Hap-4A-T* alleli ise incelenen çeşitlerin 39 (%72)'da saptanmıştır. *I-feh-*

w3 lokusundaki kuraklığa yüksek dayanım sağlayan Kauz tipi allel incelenen çeşitlerin 34'ünde, kuraklığa düşük dayanım sağlayan Westonia tipi allel ise incelenen çeşitlerin 20'sinde bulunmuştur.

Başakta çimlenme ile ilişkili başakta çimlenmeye dayanıklılık sağlayan *Vp1-B1c* alleli incelenen çeşitlerin 34 adedinde bulunurken, başakta çimlenmeye hassas olmasını sağlayan *Vp1-B1a* alleli çeşitlerin 20'sinde bulunmuştur. Başakta çimlenmeye dayanım sağlayan diğer *TaSdr-B1* lokusundaki *TaSdr-B1b* alleli incelenen çeşitlerin %91'inde bulunmuştur. Aynı lokus bölgesi için düşük dayanım sağlayan *TaSdr-B1a* alleli ise incelenen çeşitlerin %9'unda bulunmuştur.

Bazı hastalıklılara dayanıklılıkla ilgili lokus bölgelerinden, *Lr34* ve *Lr46* lokuslarında hastalığa dayanım sağlayan *Lr34+* ve *Lr46+* allellerinin incelenen ekmeklik buğday çeşitlerinin sırasıyla %22 ve %52'sinde bulunduğu tespit edilmiştir. Çeşitler arasında *Sr2* lokus bölgesi için dayanım sağlayan allel tespit edilememiştir. Fusarium başak yanıklığı için dayanım sağlayan *Fhb1+* alleli sadece bir çeşitte tespit edilmiştir.

Depo proteinlerinden *Glu-A1* lokusundaki glutenin alt üniteleri, 1 ve 2* gluten gücünü arttıran allellerin incelenen çeşitlerin 21'inde (%39), *Glu-B1* lokusundaki ekmeklik buğday hamur kalitesini arttıran *Bx7OE+* allelinin incelenen çeşitlerin 5'inde (%9) ve *Glu-D1* lokusundaki “5+10” yüksek gluten allelinin ise incelenen çeşitlerin 33'ünde (%61) bulunduğu saptanmıştır.

TEŞEKKÜR

Bu tezin gerekleşme aşamasında bilgi ve tecrübesiyle bana yol gösteren, alışmamı sağlayan, destek ve yardımlarını esirgemeyen, laboratuvarını kullanmama izin veren ve teşvik eden, ok sevgili hocam Prof. Dr. Hakan ÖZKAN'a şükranlarımı sunarım.

Bu alışmada en az danışmanlarım kadar bana danışmanlık yapan ve her konuda yardımlarını esirgemeyen, saygı değer hocam Prof. Dr. Rüştü HATİPOĞLU'na ve Prof.Dr. Faruk TOKLU' ya teşekkürü bor bilirim. Laboratuvarda yardımlarını esirgemeyen Dr. Esra AKIR, Dr. Ahmad ALSALEH, Dr. Mustafa TOPU, Dr. Ali Alpaslan EZİCİ ve bu alışma için beni yüreklendiren sayın, müdür yardımcım Nevzat AĞRI, müdürüm Özer Mehmet TÜREL ve TEKFEN TARIM ekibine teşekkür ederim.

Ayrıca benden sabır ve desteklerini esirgemeyen sevgili aileme sonsuz teşekkür ederim.

İÇİNDEKİLER

SAYFA

ÖZ	I
ABSTRACT.....	II
GENİŞLETİLMİŞ ÖZET	III
TEŞEKKÜR.....	V
İÇİNDEKİLER	VI
ÇİZELGELER DİZİNİ	VIII
ŞEKİLLER DİZİNİ	X
SİMGELER VE KISALTMALAR.....	XII
1. GİRİŞ	1
2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR	5
2.1. Buğdayın Önemi ve Ülkemizde Buğday Islahı.....	5
2.2. Buğdayda DNA Moleküler Markörleri.....	6
2.3. Buğdayda Fonksiyonel DNA Markörü Kullanılan Bazı Kantitatif Özellikler	8
2.3.1. Fotoperiyot	8
2.3.2. Vernalizasyon	10
2.3.3. Cücelik Genleri.....	11
2.3.4. 1000 Dane Ağırlığı	13
2.3.5. Kuraklığa Dayanıklılık	16
2.3.6. Başakta Çimlenme	18
2.3.7. Danede Sarı Pigment İçeriği.....	19
2.3.8. Buğday Depo Proteinleri	20
2.4. Hastalıklar	22
2.4.1. Pas Hastalıkları	22
2.4.2. Fusarium Başak Yanıklığı	23
3. MATERYAL VE METOD	25
3.1 Materyal	25

3.2. Moleküler Analizler	27
3.2.1. DNA İzolasyonu.....	27
3.2.2. Fonksiyonel DNA Markörü Analizleri.....	29
3.3. Verilerin Değerlendirilmesi	33
4. BULGULAR VE TARTIŞMA	35
4.1. Fonksiyonel DNA Moleküler Markörleri ile Karakterizasyon	35
4.1.1. Adaptasyon ve Agro-Morfolojik Özellikler	35
4.1.1.1. Fotoperyot İlişkisi	35
4.1.1.2. Vernalizasyon Genleri.....	37
4.1.2. Bitki Boyu Genleri	39
4.1.3. 1000 Dane Ağırlığı	41
4.2. Kuraklığa Dayanıklılık ve Başakta Çimlenme ile İlgili Lokuslar.....	43
4.2.1. Kuraklığa Dayanıklılıkla İlgili Lokuslar	43
4.2.2. Başakta Çimlenme	45
4.3. Hastalıklara Dayanıklılıkla İlgili Lokuslar	47
4.4. Kalite ile İlgili Lokuslardaki Allelik Sayı ve Frekanslar Dağılımı	49
5. SONUÇ VE ÖNERİLER.....	53
KAYNAKLAR	57
ÖZGEÇMİŞ	75
EKLER.....	76

ÇİZELGELER DİZİNİ

SAYFA

Çizelge 3.1.	Araştırmada Kullanılan Ekmeklik Buğday Çeşitleri	25
Çizelge 3.2.	Çalışmada kullanılan KASP primerlerin gen bölgesi, primer ismi ve sekansları.....	31
Çizelge 4.1.	54 adet ekmeklik buğday çeşidinde <i>Ppd-A1</i> , <i>Ppd-B1</i> , <i>Ppd-D1</i> lokuslarının fenotipi, sayısı ve frekans değerleri	35
Çizelge 4.2.	54 adet ekmeklik buğday çeşidinde vernalizasyon genlerinin allelik durumları, fenotipi, sayısı ve frekans değerleri.....	37
Çizelge 4.3.	54 adet ekmeklik buğday çeşidinde cücelik genlerinin allelik durumları fenotipi, sayısı ve frekans değerleri	40
Çizelge 4.4.	54 adet ekmeklik buğday çeşidinde 1000 dane ağırlığını kontrol eden genlerinin allelik durumları, fenotipi, sayısı ve frekans değerleri	42
Çizelge 4.5.	54 farklı ticari ekmeklik buğday çeşidinde kuraklık ile ilişkili 4 farklı gen bölgesinin allelik durumları, fenotipi, sayısı ve frekans değerleri	43
Çizelge 4.6.	54 farklı ticari ekmeklik buğday çeşidinde kuraklık ile ilişkili 3 farklı gen bölgesinin allelik durumları, fenotipi, sayısı ve frekans değerleri	46
Çizelge 4.7.	54 farklı ticari ekmeklik buğday çeşidinde kahverengi pas, fusarium başak yanıklığı ve kara pasa ile ilişkili 3 farklı gen bölgesinin allelik durumları, fenotipi, sayısı ve frekans değerleri	48
Çizelge 4.8.	54 farklı ticari ekmeklik buğday çeşidinde gluten kalitesini (Glu-A1, Glu-B1, Glu-D1) kontrol eden bazı gen bölgelerinin allelik durumları, fenotipi, sayısı ve frekans değerleri	49



- Şekil 3.1. 35 adet Buğday Çeşidinden Elde Edilmiş DNA'ların Konsantrasyonu ve Kalitesine Ait Bir Görüntü. DNA konsantrasyonlarını belirlemede kullanılan Lamda DNA'lar (25ng - 50ng - 100ng - 200 ng) jelin başlangıcında verilmiştir.....29





SİMGELER VE KISALTMALAR

ABD	: Amerika Birleşik Devletleri
AFLPs	: Amplified Fragment Length Polymorphism
BDUTAEM	: Bahri Dağdaş Uluslararası Tarımsal Araştırma Enstitüsü
BSA	: Bulk Segregant Analysis
CAPS	: Cleaved Amplified Polymorphic Sequences
CIMMYT	: International Maize and Wheat Improvement Center
CKX	: Cytokinin Dehydrogenase
CTAB	: Cetyl Trimethyl Amonyum Bromide
CWI	: Cell Wall Invertase
ÇÜ	: Çukurova Üniversitesi
DART	: Diversity Arrays Technology
DATAEM1	: Doğu Akdeniz Tarımsal Araştırma Enstitüsü
DATAEM2	: Doğu Anadolu Tarımsal Araştırma Enstitüsü
DNA	: Deoksiribonükleik Asit
DNA	: Deoksiribonükleik Asit
dNTP	: Deoksi- Nükleozid Trifosfat
DREB	: Dehydration-Responsive Element Binding
EDTA	: Etilen Diamin Tetra Asetikasit
FAO	: Food and Agriculture Organization of the United Nations
GA	: Gibberellin
GKTAEM	: Geçit Kuşağı Tarımsal Araştırma Enstitü Müdürlüğü
GS	: Grain Size
GW	: Grain Weight
HCl	: Hidroklorik Asit
HMW-GS	: High Molecular Weight Glutenin Subunit
ICARDA	: International Center for Agricultural Research in the Dry Areas
INDELS	: Insertion-Deletions

ISSR	: Inter Simple Sequene Repeat
ITMI	: International Triticeae Mapping Initiative
KASP	: Kompetitive Allele-Specific PCR
KTAEM	: Karadeniz Tarımsal Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü
LMW-GS	: Low Molecular Weight Glutenin Subunit
LOX	: Lipoxigenaz
LR	: Leaf Rust
M	: Molar
MAS	: Marker Assisted Selection
MDS	: Marköre Dayalı Seleksiyon
ml	: Mililitre
mM	: Milimolar
MOC	: Monoculm 1
NaCl	: Sodyum klorür
ng	: Nanogram
PCR	: Polymerase Chain Reaction
PHS	: Pre Harvest Sprouting
PM	: Powdery Mildew
PPD	: Photoperiod
PPO	: Polyfenoloksidaz
PSY	: Phytoene Synthase
PVP	: Polyvinylpyrrolidone
QTL	: Quantitative Trait Locus
RAPD	: Randomly Amplified Polymorphic DNA
RFLP	: Restriction Fragment Length Polymorphism
RHT	: Redued Height
RIL	: Recombinant Inbred Lines
RP-HPLC	: Reverse Phase High Performance Liquid Chromatographic
Rpm	: Revolutions Per Minute

SAMPL	: Selective Amplification of Microsatellite Polymorphic Loci
SCAR	: Sequence Characterized Amplified Region
SDS-PAGE	: Sodium Dodecyl Sulfate-Polyacrylamide Gel Electrophoresis
SNP	: Single Nucleotide Polymorphism
SSR	: Simple Sequence Repeat
ST	: Septoria Tritici
STS	: Sequence Tagged Site
SUS	: Sukroz Sintaz
TARM	: Tarla Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsü
TBE	: Tris/Borik asit/EDTA Tampon çözeltisi
TGW	: Thousand Grain Weight
TTSM	: Tohumluk Tescil ve Sertifikasyon Merkez Müdürlüğü
TÜİK	: Türkiye İstatistik Kurumu
USAID	: United States Agency International Development
UV	: Ultraviolet
VRN	: Vernalization
YP	: Yellow Pigment
YPC	: Yellow Pigment Content
YR	: Striper Rust
µl	: Mikrolitre



1. GİRİŞ

Buğday; insan beslenmesi için gerekli olan kalori ve proteinin önemli bir kısmını karşılamakta olup, dünya nüfusunun %35'ini oluşturan yaklaşık 40 ülkenin temel gıda maddesi durumundadır. İnsanların değişen tüketim alışkanlıkları ve gelişen teknolojiye bağlı olarak, buğday ürünleri çeşitlenmiş ve tüketici istekleri de değişmiştir. Buğdayın en yaygın tüketim şekilleri; un, ekmek, makarna, irmik, bisküvi, bulgur ve eriştedir. Dünyada ve Türkiye'de buğdayın, bu ürünlerin dışında geleneksel ürünler, tatlılar, nişasta vb. amaçla da tüketimi yapılmaktadır (Atlı ve ark.,1999).

Ekmeklik buğday (*Triticum aestivum* L.) çok geniş alanlara adapte olabilen ve çok geniş çevre koşullarında tarımı yapılan bir türdür (Briggle ve Curtis, 1987). Dünyada buğday ekim alanı 218.5 milyon hektar ve üretimi 771 milyon ton olup dekara dane verimi 353 kg'dır (FAO, 2017). Türkiye'de 2018 yılı verilerine göre buğday ekim alanı 7.29 milyon hektar, üretim miktarı 20 milyon ton ve ortalama verimi ise 277 kg/da'dır (TÜİK 2018). Türkiye'nin buğday verimi yıllar içerisinde artış göstermesine rağmen, dünya verim ortalamasının altında kalmaktadır. Türkiye'de buğday, ekim ve üretim bakımından diğer kültür bitkileri ile karşılaştırıldığında ilk sırada yer almaktadır. Türkiye de ekim alanı açısından buğdayı; arpa, ayçiçeği, mısır, pamuk ve şeker pancarı, üretim bakımından ise şekerpancarı, arpa, mısır, pamuk ve ayçiçeği takip etmektedir (TÜİK 2018). Dünya nüfusu 2018 yılı itibari ile 7.6 milyar olup halen hızlı bir şekilde artmaktadır. Dünya nüfusunun 2050 yılından 9.7 milyar olması beklenmektedir (Birleşmiş Milletler 2019). Artan dünya nüfusunun besin gereksiniminin karşılanması git gide sorun yaratmaya başlamıştır. Özellikle, dünyada mevcut tarım alanlarının hızla azalması ve tarım alanlarını arttırma imkanlarının yetersiz olması hem mevcut tarım alanlarının korunmasını hem de mevcut tarım alanlarının en iyi şekilde değerlendirilmesini zorunlu kılmaktadır. Ayrıca dünyayı etkileyen küresel ısınma ve kuraklık tehlikesi, yeni hastalık ırklarının ortaya çıkması ve mevcut buğday

çeşitlerinin hastalığa duyarlı olması dünya buğday üretimini ileriye dönük olarak olumsuz etkiyecektir. Bu nedenle ülkemiz ve dünyanın temel besin kaynağı olan buğdayda birim alanda verimi arttırmak için hem klasik hem de modern bitki ıslahı tekniklerinden yararlanılması gerekmektedir. Bu amaca ulaşmak içinde, bitki ıslahçısının elinde bulunan gen kaynaklarının hem fenotipik hem de genotipik olarak karakterize edilmesi gerekmektedir.

Son yıllarda DNA teknolojisindeki gelişmeler ve buna bağlı olarak geliştirilen farklı DNA markör sistemleri, buğday ıslahında kullanılmaya başlanmıştır. DNA markörlerinin buğday ıslahında kullanılması “Yeni Yeşil Devrim” olarak nitelendirilmektedir. Özellikle DNA teknolojisinin gelişmesi ve istenen genlere bağlı olan DNA markörlerinin bulunması, buğday ıslahçılarının yeni stratejiler geliştirmesine olanak sağlamıştır. Marköre Dayalı Seleksiyon (MDS) ıslahı olarak isimlendirilen bu yöntemin esas başarısı, kullanılan DNA markörünün istenen gen ile bağlı olup olmamasına bağlıdır. Özellikle son yıllarda yapılan, Bulk açılım analizi (Bulk Segregant Analysis, BSA), Kantitatif Özellik Bölgeleri (Quantitative Trait Locus, QTL) ve gen klonlama çalışmaları sonucunda kalite, hastalıklara ve zararlılara karşı dayanıklılık vb., özelliklerle doğrudan veya dolaylı olarak ilişkili birçok DNA markörü geliştirilmiştir (Zhou ve ark., 2002, Waldron ve ark., 1997, Kirigwi ve ark., 2007). Geliştirilen bu DNA markörleri buğday ıslah çalışmalarında yoğun olarak kullanılmış ve halen kullanılmaktadır. Örneğin, ABD’de 27 farklı hastalık ve zararlıya dayanıklılık geni ile kaliteyle ilişkili 20 gen, ticari olarak yetiştirilen birçok ekmeklik ve makarnalık buğday çeşidine MDS (Markör Destekli Seleksiyon) ile aktarılmıştır (Dubcovsky, 2004, Miedaner ve Korzun, 2012).

Ülkemizde buğday ıslahı 1925 yılında başlamıştır. 1970 yılında başlayan “Yeşil Devrim” den sonra ülkemizdeki yapılan yazlık buğday ıslahı çalışmalarında çoğunlukla CIMMYT orijinli hatlar kullanılmış ve bu durum ülkemizde tescil ettirilen yazlık buğday çeşitlerinin genetik tabanının daralmasına neden olmuştur (Altıntaş ve ark., 2008). Genetik tabanın genişletilmesi için hem yurt dışından hem

de ülkemizin farklı ekolojik bölgelerinde yetiştirilen çeşitlerin yazlık buğday ıslah programına alınması ve melezleme ıslahı çalışmalarında kullanılması genetik tabanın genişletilmesi için kullanılacak yaklaşımlardan birisidir. Ancak, bu buğday genotiplerinin hem agro-morfolojik hem de moleküler olarak karakterize edilmesi amaca hızlı ulaşılmasını sağlayacaktır. Bu bağlamda, bu çalışma Türkiye ve yurt dışı orijinli 54 adet ekmeklik buğday çeşidini, fonksiyonel DNA markörleri ile karakterize etmek ve bazı genlerin allelik formlarını belirlemek amacıyla yürütülmüştür.





2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

2.1. Buğdayın Önemi ve Ülkemizde Buğday Islahı

Buğday grubu olarak adlandırılan *Triticum* ve *Aegilops* cinsleri, Poaceae familyasının *Triticeae* oymağına girmektedir. *Triticum* cinsi, kromozom sayısına göre diploid ($2n=14$), tetraploid ($2n=28$) ve hekzaploid ($2n=42$) olmak üzere üç gruba ayrılır (Feldman ve Sears, 1981). Kültürü yapılan buğdaylar; diploid (*T. monococcum* ssp. *monococcum* ($2n=14$, AA)), tetraploid ((*T. turgidum* ssp. *dicoccoides* ($2n=28$, AABB) ve *T. timopheevii* ($2n=28$, AAGG)) ve hekzaploid (*T. aestivum* ($2n=42$, AABBDD)) olarak üç grup altında toplanır.

Kullanım alanlarına göre bu türler farklı şekilde sınıflandırılmaktadır. Hekzaploid buğday; ekmek ve pasta yapımında, tetraploid buğdaylar ise makarna yapımında yoğun olarak kullanılmaktadır. Diploid buğdayların ise günümüzde herhangi bir kullanım alanı olmamasına rağmen, son 5 yıl içinde popülarite kazanmaya başlamıştır. Buğday; insan beslenmesi için gerekli olan kalori, proteinin ve vitaminlerin önemli bir kısmını karşılamakta olup (Pomeranz, 1987), dünya nüfusunun %35'ini oluşturan yaklaşık 40 ülkenin temel gıda maddesi durumundadır. İnsanların değişen tüketim alışkanlıklarına ve gelişen teknolojiye bağlı olarak, buğday ürünleri çeşitlenmiş ve tüketici istekleri de değişmiştir. Buğdayın en yaygın tüketim şekilleri; un, ekmek, makarna, irmik, bisküvi, bulgur ve eriştedir. Dünyada ve Türkiye'de buğdayın, bu ürünlerin dışında geleneksel ürünler, tatlılar, nişasta vb. amaçla da tüketimi yapılmaktadır (Atlı ve ark.,1999).

Türkiye'de buğday ıslahı 1925 yılında Eskişehir'de başlamıştır. 1925 yılından günümüze 270'den fazla ekmeklik buğday ve 70'den (TTSM, 2018) fazla makarnalık buğday çeşidi tescil ettirilmiştir. Ayrıca 88 ekmeklik buğday çeşidi adayı üretim izninde olup, 24 adet makarnalık buğday çeşit adayı için ise üretim izni alınmıştır. Özellikle, ülkemizin Rockefeller Vakfı-Oregon Devlet Üniversitesi-USAID-CIMMYT (International Maize and Wheat Improvement Center) iş birliği ile başlatmış olduğu ulusal buğday projesi sayesinde bu çeşit sayısı son yıllarda

artmıştır. Ancak bu program, ülkemizde yürütülen buğday ıslah programlarının dışarıya bağımlı olmasına zemin hazırlamıştır (Altıntaş ve ark., 2008; Braun ve Săulescu, 2002).

Son 20 yılda, ekmeklik buğdayda önemli agronomik özelliklerle ilişkili DNA markörlerinin belirlenmesi sayesinde, marköre dayalı seleksiyon ıslahı çalışmaları artmıştır. Buğdayda marköre dayalı seleksiyon çalışmaları ABD, Avustralya ve CIMMYT’de yoğun olarak yürütülmektedir. ABD’de 2001 yılı sonunda MAS konsorsiyumu tarafından 20 buğday ıslah programı başlatılmıştır. Bu konsorsiyumun hedefi, buğday ıslahı programlarında MAS’ı uygulamaktır (Dubcovsky, 2004). Bu programlar, hastalık ve zararlılara dayanıklılığı kapsayan 27 genin transferini ve ekmek ve pasta kalitesi için 20 farklı allelin 180 buğday hattına aktarılması ve 45 adet buğday çeşidinin MAS ile geliştirilmesi hedeflenmiştir (Chao ve ark., 2007). Benzer şekilde Avustralya’da yürütülen çalışmalarda MAS ile yeni buğday çeşitleri geliştirilmiştir (Eagles ve ark., 2001). CIMMYT’de halen zararlılara dayanıklılık, protein kalitesi ve bazı bitkisel karakterler yönünden markörlerle ilişkili 25 farklı gen, buğday ıslahı programlarında yoğun olarak kullanılmaktadır (Semagn ve ark., 2006). Bu programlarda kullanılan DNA markörlerinin bazıları, bu genlerin nükleotid dizilimlerine göre geliştirilen gerçek (perfect) DNA markörlerdir. Gelecekte MAS konusunda elde edilecek yeni gelişmelerle, bitki ıslahı çalışmalarında MAS’a dayalı programların daha yoğun olarak kullanılması beklenmektedir (Lange ve Whittaker, 2001; Radovanović ve Cloutier, 2003).

2.2. Buğdayda DNA Moleküler Markörleri

Klasik bitki ıslahı, ıslahçının zamanını alır ve çevresel koşullara çok bağlıdır. Yeni çeşit elde edilmesinde sürenin uzun olabileceği gibi geliştirilen yeni çeşidin veya çeşitlerin tarımda kullanılması ve geliştirilmesi garanti edilemeyebilir.

Moleküler markörler, bitkinin genomunda herhangi bir gen veya gen bölgesi ile ilişkili DNA parçasıdır. Moleküler markörler; kantitatif özellik

bölgelerinin analizlerinde, genetik haritalamada, kültür çeşitlerinin tanımlanmasında, yeni geliştirilen çeşitlerin koruma altına alınmasında, genetik akrabalıkların belirlenmesinde, safiyet analizlerinde, gen kaynaklarının karakterizasyonunda, genetik kaynağın yapısını anlamada, duplike olan genotiplerin belirlenmesinde ve ıslah programında anaçların belirlenmesinde kullanılırlar (Yorgancılar ve ark. 2015). Buğday genomunun haritalanmasına ilişkin ilk çalışmalar 1980’li yılların sonunda başlasa da (Chao ve ark., 1989), bu konuda sistematik genom haritalamaları ilk defa Uluslararası Buğdaygil Haritalama Organizasyonunun (International Triticeae Mapping Initiative-ITMI) girişimi sonucu 1990 da başlamıştır (Gupta ve ark., 2008). Uluslararası seviyede oluşturulan çalışma grupları buğday için genetik bağlılık gruplarını oluşturmuşlardır. Buğday üzerine yapılmış eski ve yeni çalışmalar ile en son güncel bilgilere Graingene web sayfasından (<http://wheat.pw.usda.gov/>) ulaşmak mümkündür. Her ne kadar ilk başlangıçta yoğun bir şekilde RFLP DNA markörü ekmeklik buğday genetik haritalarının oluşturulmasında kullanılmış olsa bile, RFLP tekniği için fazla miktarda DNA’ya ihtiyaç duyulması, radyoaktif madde kullanılması ve RFLP markörünün ekmeklik buğdayda düşük oranda polimorfizm göstermesi gibi nedenler bu tekniğin kullanılmasını kısıtlamıştır. Genetik haritaların oluşturulmasında kullanılan DNA markörleri genel olarak 3 grup altında toplanmaktadır. Birinci generasyon markörler; RFLPs (Restriction Fragment Length Polymorphisms) ve RAPDs (Randomly Amplified Polymorphic DNAs); ikinci generasyon markörler, SSRs (Simple Sequence Repeats) ve AFLPs (Amplified Fragment Length Polymorphism); ve üçüncü generasyon markörler ise SNPs (Single Nucleotide Polymorphism), DART ve InDels (Insertion-deletions)’tir (Gupta ve ark. 2002; Varshney ve ark. 2004; Klahr ve ark., 2004). İlave olarak STSs (Sequence Tagged Sites), SCARs (Sequence Characterized Amplified Regions), ISSRs (Inter Simple Sequence Repeats) ve SAMPL (Selective Amplification of Microsatellite Polymorphic Loci) gibi markörler de bu amaç için

kullanılmaktadır. Ekmeklik buğdayda bu DNA markörleri kullanılarak geliştirilmiş birçok genetik harita mevcuttur (Gupta ve ark., 2008; Dida ve Devos, 2006).

2.3. Buğdayda Fonksiyonel DNA Markörü Kullanılan Bazı Kantitatif Özellikler

2.3.1. Fotoperiyot

Ekmeklik buğdayda fotoperiyot (gün uzunluğu) başaklanma ve çiçeklenme üzerine etki eden önemli bir özelliktir. Buğday, uzun gün bitkisidir ve çiçeklenme için uzun gün süresine ihtiyaç duymaktadır (Guo ve ark. 2010). Buğdayda başaklanma üç ana faktör; vernalizasyon, fotoperiyot ve sıcaklık tarafından belirlenmektedir (Yasuda ve Shimoyama, 1965). Bitkilerin vernalizasyon istekleri karşılanıp başak taslağı oluşturmalarının ardından bitkilerin fotoperiyot tepkisi, çiçeklenmeyi ve gelişimlerini etkiler. Fotoperiyot tepkisi, çiçeklenme oluşumundan önce bitkinin gelişme hızını da etkilemekte olduğundan dolayı fotoperiyot ile vernalizasyon arasında sıkı bir ilişki bulunmaktadır. Yapılan bilimsel çalışmalar, vernalizasyon ve fotoperiyodun bağımsız iki gen çifti tarafından kontrol edilmekte olduğunu göstermiş olup, bunlar sırasıyla *Vrn* genleri, *Ppd* genleri olarak adlandırılır (Welsh ve ark. 1973; Law ve ark. 1978; Flood ve Halloran 1986). Fotoperiyot üzerine yapılan çalışmalar sonucunda, fotoperiyotun üç homolog kromozom (2D, 2B ve 2A) üzerinde bulunan, başlıca üç gen (*Ppd-D1*, *Ppd-B1* ve *Ppd-A1*) tarafından kontrol edildiği, ancak ekmeklik buğdayda 2D kromozomu üzerinde bulunan *Ppd-D1* geninin majör gen olduğu rapor edilmiştir (Beales ve ark 2007). Aynı çalışmada, 2A, 2B ve 2D kromozomlarının kısa kollarında yer alan *Ppd-A1a*, *Ppd-B1a* ve *Ppd-D1a* dominant allellerinin fotoperiyota duyarsız olduğu, *Ppd-A1b*, *Ppd-B1b* ve *Ppd-D1b* resesif allellerin ise fotoperiyota duyarlı oldukları bildirilmiştir (Beales ve ark. 2007).

Bitkilerde; çiçeklenme başlangıcı, süresi ve zamanı bitkinin üreme başarısını etkileyen önemli karakter olup aynı zamanda tarımsal üretime doğrudan etki eden bir özelliktir. Buğday ilk kültüre alındığından beri, başaklanma tarihi ve

çiçeklenme süresi bakımından yoğun bir seleksiyona uğramış ve bu özellikler ıslahçılar tarafından yoğun bir şekilde manipüle edilmiştir. Bu durum buğday üretimi için geniş bir yelpazenin oluşmasına vesile olmuştur. Diaz ve ark. (2012) yapmış olduğu bir çalışmada, buğday bitkisinde inversiyon, delesyon veya nokta mutasyonları sonucu başaklanma ve çiçeklenmeyi kontrol eden gen bölgelerinde mutant allellerin ortaya çıktığını rapor etmiştir. Buğdayda yaşanan yeşil devrim ile birlikte yüksek verimli, adaptasyon yeteneği yüksek ve fotoperiyoda duyarlı, kısmen-cüce ve pas hastalıklarına dayanıklı yeni çeşitler geliştirilmiştir.

Buğday ve arpa bitkilerinde fotoperiyot genleri arasındaki ilişkiyi araştırmak için 'Chinese Spring' ekmeklik buğday çeşidinden rekombinat DNA teknolojisi ile *Ppd-H1* geninin homologları izole edilmiş ve buğdayda fotoperiyot genleri belirlenmeye çalışılmıştır (Beales ve ark. 2007). Yapılan çalışma sonucunda, gün uzunluğuna duyarlı olan ve ekmeklik buğdayın D genomunda bulunan *Ppd-D1a* alleli olarak isimlendirilen çeşitler tanımlanmıştır. Bu çeşitlerde gün uzunluğuna duyarlılığın *Ppd-D1* gen bölgesinde bulunan 2 kb uzunluğundaki DNA kısmının eksilmesinden kaynaklandığı Beales ve ark. (2007) tarafından rapor edilmiştir. Aynı çalışmada ayrıca beş adet daha *Ppd-D1* alleli bulunduğu rapor edilmiştir.

Ticari buğday çeşitlerinin çiçeklenmesinin araştırıldığı farklı çalışmalarda da buğdayın A ve B genomun kromozomlarında da fotoperiyotu etkileyen allelik durumlarının bulunduğu ve bunların farklı allelik kombinasyonlarının bulunmasıyla bitkilerin gün uzunluğuna karşı reaksiyonlarının değiştiği rapor edilmiştir (Wilhelm ve ark., 2008). Vita ve ark. (2007) 1900 ile 1990 yılları arasında tescil edilmiş makarnalık buğday çeşitlerini kullanarak yaptıkları çalışmalarında, yeni tescil olmuş çeşitlerde, başaklanma sürelerinin kısaldığı, vejetatif dönemin kısa, ancak dane doldurma döneminin ise uzun olduğu rapor edilmiştir. Özellikle bu çalışmaların ışığında fotoperiyot ile ilişkili birçok fonksiyonel DNA markörü geliştirilmiş ve buğday ıslah programlarında belli amaçlar için yoğun olarak kullanılmaya başlanmıştır (Diaz ve ark. 2012).

2.3.2. Vernalizasyon

Vernalizasyon, bitkilerin vejetatif evreden generatif evreye geçebilmeleri için ihtiyaç duydukları düşük sıcaklık olarak tanımlanmıştır (Flood ve Halloran 1986). Buğdayda, üç farklı yetiştirme tabiatı bulunmakta olup bunlar, yazlık, kışlık ve alternatif olarak kabul edilmektedir. Kışlık çeşitlerin adaptasyon sınırlarını etkileyen en önemli faktörlerden birisi vernalizasyon ihtiyacının karşılanıp karşılanmamasıdır. Buğdayda, vernalizasyonu kontrol eden genlerin birçok özellikle ya doğrudan ya da dolaylı olarak ilişkisi bulunmaktadır. Örneğin, vernalizasyon genleri, buğday bitkisinin adaptasyonunu ve yazlık/kışlık/alternatif olup olmasını direk etkilemektedir (Flood ve Halloran 1986).

Buğday bitkisinde bu vernalizasyon genlerinin farklı allelik durumda bulunmaları, bitkinin kışlık, yazlık veya alternatif olmasını doğrudan etkilemektedir (Molina, 1985). Buğdayda vernalizasyon geni “*Vrn*” olarak ifade edilmiştir. Örneğin *Vrn1* genlerinin; 5A, 5B ve 5D kromozomları üzerinde olduğu ve bu genlerin “*Vrn-A1*”, “*Vrn-B1*” ve “*Vrn-D1*” olarak adlandırıldığı rapor edilmiştir (Milec ve ark. 2012). Her bir lokusun dominant allelleri *Vrn-A1*, *Vrn-B1* ve *Vrn-D1* olarak, resesif allelleri ise *vrn-A1*, *vrn-B1* ve *vrn-D1* olarak tanımlanmıştır. Herhangi bir genomda dominant *Vrn-I*’in bulunması yazlık gelişme tabiatıyla, resesif allellerin bulunması ise kışlık gelişme tabiatıyla ilgilidir. Son yıllarda vernalizasyon gen bölgeleri kullanılarak mevcut gen kaynakları vernalizasyon genleri bakımından taranmıştır (Liu ve ark. 2017). Buğdayda *Vrn1* genine sahip genotipler vernalizasyon ihtiyacı olmayan genotiplerdir. Aynı zamanda *Vrn2*, *Vrn3* ve *Vrn4* genlerine sahip buğday genotipleri çok az seviyede vernalizasyon ihtiyacına sahiptirler. Vernalizasyon geninin farklı allelik kombinasyonları, buğday bitkisinin Sibirya’dan Ekvatora kadar yetiştirilmesine olanak sağlamaktadır. Aynı zamanda, bu genlerden bazılarını farklı allelik kombinasyonu seviyesinde taşıyan bitkiler genellikle alternatif buğday tipi sınıfına dahil edilmektedir. *Vrn1*, *Vrn2*, *Vrn3* ve *Vrn4* genlerinin resesif allelleri, yani

vrn1, *vrn2*, *vrn3* ve *vrn4*, taşıyan buğday genotipleri şiddetli derecede vernalizasyona ihtiyaç duyan buğday genotipleridir.

Bu çalışmalar sonucunda her ülkenin kendi buğday ıslah programını kendi ülkesinin iklim isteklerine göre tasarladığı, bazı allellerin belli bölgelerde çok arz rastlanmasına rağmen, belli başlı bazı allellerin ise ortak olduğu belirlenmiştir (Rasheed ve ark., 2016). Geliştirilen bu DNA markörleri halen buğday ıslah programında yoğun olarak kullanılmaktadır.

2.3.3. Cücelik Genleri

1960'lı yılların başlarında ABD ve CIMMYT-Meksika'da (Uluslararası Mısır ve Buğday Geliştirme Merkezi- International Maize and Wheat Improvement Center) başlamış olan buğday ıslahı programı ile *Rht1* (*Rht-B1b*) ve *Rht2* (*Rht1-D1b*) yarı cücelik genleri, ticari Japon çeşidi Norin-10'den melezleme yolu ile elit buğday genotiplerine transfer edilmiş ve yeşil devrim gerçekleşmiştir (Ellis ve ark. 2002). Aktarılan bu genler sayesinde, buğday bitkisinin bitki boyunda kısalma, yatmaya dayanıklılık ve danede asimilat oranının artırılması sağlanmış ve bu vesile ile de birim alandan elde edilen verim artmıştır (Evans 1993). Soylu ve Sade (2003) yapmış oldukları bir çalışmada uzun boylu çeşitlerin üretmiş oldukları asimilatları sap uzamasında kullandıkları, kısa boylu çeşitlerin ise uzun boylu çeşitlere göre asimilatları sap uzaması yerine fertil kardeşlerin oluşturulmasında kullandıkları, bundan dolayı da kısa boylu çeşitlerin dane verimlerinin daha yüksek olduğunu rapor etmişlerdir. Bitki boyunu kontrol eden bu gen bölgelerinin ilk önce klasik genetik daha sonrada moleküler genetik ile tanımlanması, bu genlerin amaca uygun olarak kullanılmasının önünü açmıştır. Böylelikle *Rht-B1b* ve *Rht-D1b*; *Rht-B1a* ve *Rht-D1a* genleri için Fonksiyonel DNA markörleri farklı araştırmacılar tarafından geliştirilmiştir (Ellis ve ark. 2002; Zhang ve ark. 2006). Cücelik genlerinin ticari çeşitlere aktarılması ile kısa boylu buğday çeşitleri geliştirilmiş ve dünyadaki çiftçilerin kullanımına sunulmuş, bu kısa boy allellerin yardımıyla buğdayda verim yükseltilmiştir (Bai ve ark 2013; Gale ve Youssefian, 1985). *Rht2*

ve *Rht1* yarı cücelik genlerinin bitki boyu üzerine benzer etkilere sahip olmasına rağmen *Rht2* geninin *Rht1* geninden daha kuvvetli etkiye sahip olduğu bildirilmiştir (Allan 1970; Börner ve ark. 1993).

Cücelik genleri gibberilik aside gösterdikleri tepkilere göre iki gruba ayrılmışlardır (Gale ve Gregory, 1977; Börner ve ark. 1996). Gibberilik aside duyarlılığı sağlayan gen bölgelerinin 2A (Worland ve Petrovic, 1988), 2D (Worland ve ark. 1986), 5A (Sutka ve Kovacs, 1987) ve 7B (Worland ve ark. 1990) kromozomlarında bulunduğunu, gibberilik asite karşı duyarsızlığı sağlayan gen bölgelerinin ise 4B ve 4D (Gale ve ark. 1975; Westcott ve ark. 1978) kromozomlarının kısa kolunda bulunduğu rapor edilmiştir. Li ve ark. (1997) ilk defa 4B ve 4D kromozomlarının kısa kollarında bulunan *Rht-B1b* ve *Rht-D1b* homolog genlerini buğdaydan izole etmiş ve tanımlamışlardır. *Rht-B1b* ve *Rht-D1b* genleri gibberilik asit testine tabi tutulduğunda teste duyarlı oldukları saptanmıştır (Gale ve Gregory, 1977; Richards, 1992). Ancak bu testlerin buğday ıslah programlarında kullanılması oldukça zorlu bir süreçtir. Her iki mutant (kısa boylu) *Rht-B1b* ve *Rht-D1b* ile her iki normal (uzun boylu) alleli tespit etmek için PCR tabanlı fonksiyonel DNA markörleri Ellis ve ark (2002) tarafından geliştirilmiştir. Bu DNA markörlerinin kullanılabilirliğini doğrulamak için *Rht-B1b* ve *Rht-D1b* allelerine sahip kısa boylu çeşitler ile *Rht-B1a* ve *Rht-D1a* allelerine sahip uzun boylu çeşitler DNA analizine tabi tutulmuş ve elde edilen DNA analiz sonuçları ile fenotipik veriler arasında ilişki olduğu belirlenmiş ve DNA markörlerinin güvenilirliği belirlenmiştir (Ellis ve ark. 2002). Daha sonra yapılan genomik çalışmalar, *Rht-1* lokusunun bitki büyümesini ve stres toleransını etkileyen transkripsiyon faktörleri olan DELLA proteinlerini kodladığını göstermiştir (Wilhelm ve ark. 2013). Günümüzde bitki boyu ile ilişkili bu fonksiyonel DNA markörleri yoğun bir şekilde buğday ıslah programlarında kullanılmaktadır.

2.3.4. 1000 Dane Ağırlığı

Buğdayda, danenin ağırlığı, büyüklüğü ve dolgunluğu önemli teknolojik kalite kriteridir. Başakta tane ağırlığı bitkilerin fotosentez kapasiteleri ile doğrudan ilgili bir özellik olup, genotip, iklim ve yetiştirme tekniği uygulamalarına bağlı olarak değişmektedir (Balkan 2006). 1000 dane ağırlığı çeşide, ıklime, yetiştirilme şartlarına göre değişiklik gösterebilmektedir. 1000 dane ağırlığı hem verim hem de kalite için önemli olduğu rapor edilmiştir (Ramya ve ark. 2010). Ayrıca 1000 dane ağırlığı, yetiştirilen buğday çeşitlerinin yazlık veya kışlık yetiştirme bölgesine ve çeşidin ekim sıklığına göre de değişim göstermektedir (Zečević ve ark. 2004).

Son yıllarda 1000 dane ağırlığı ve dane özelliği ile ilgili yapılan çalışmalar sonucunda, bu özelliklerle ilgili gen bölgeleri klonlanarak DNA fonksiyonel markörleri geliştirilmiştir. Buna en iyi örnek Zuo ve Li (2014)'nin yapmış olduğu çalışmadır. Bu araştırmacılar sukroz sintaz (*Sus2*) gen bölgesini dane büyüklüğü 2 (*GW2*), hücre duvarı invertaz (*CWI*), sitokinin oksidaz/dehidrogenaz (*CKX6*) ve dane büyüklüğü 3 (*GS3*) genlerini birbirleri ile ilişkilendirmiş ve çeltikte 1000 dane ağırlığını kontrol eden bölgeleri belirlemişlerdir. Bu çalışma sonucunda ekmeklik buğdayda da bu genlerin ortologları klonlanmış ve DNA fonksiyonel markörleri geliştirilmiştir (Jiang ve ark. 2011; Su ve ark. 2011; Ma ve ark. 2012; Zhang ve ark. 2012, 2014a). Yapılan bu çalışmalar, 1000 dane ağırlığının nişasta miktarı ile doğru ancak protein miktarı ile ters ilişkili olduğunu göstermiştir (Jiang ve ark. 2011). Sert daneli buğdayların 1000 dane ağırlığı, yumuşak daneli buğdayların 1000 dane ağırlığından daha fazladır. Özellikle bu biyokimyasal olayda, dokuya özgü, ancak fonksiyonel olarak henüz tanımlanmamış sukroz sintaz (*SUS*) genleri, *Sus1* ve *Sus2*, Jiang ve ark (2011) tarafından tanımlanmıştır. Daha sonra yapılan çalışmalar sonucunda, araştırmacılar buğdayda *Sus2* ortolog gen (*TaSus2*) serisini izole edilmişler ve bu genlerin 2A, 2B ve 2D kromozomları üzerinde bulunduğunu saptamışlardır (Kim ve ark. 2014). Yapılan araştırma sonucunda, özellikle 61 adet buğday genotipinin *TaSus2-2B* gen bölgesinde 3 farklı SNP (*Hap-H* ve *Hap-L* iki haplotip oluşturmakta) bulunduğu ancak *TaSus2-2A* ve *TaSus2-2D* gen

bölgelerinde herhangi bir SNP bulunmadığını rapor edilmiştir (Jiang ve ark., 2011). Jiang ve ark. (2011) *TaSus2-2B* gen bölgesindeki SNP polimorfiziminden yola çıkarak, kodominant markör özelliğine sahip *TaSus2-2B_{TGW}* primerini geliştirmişlerdir. Bu SNP primeri kullanılarak buğdayda 423 veya 381 bp'lik PCR ürünleri elde edildiğini rapor etmişlerdir. Aynı araştırmacılar kendilenmiş rekombinant hatlar (RIL) üzerinde yaptıkları genetik çalışmada, *TaSus2-2B_{TGW}* markörünün 2BS kromozomu üzerinde bulunduğunu ve Xbarc102.2 ve Xbarc91 SSR markörleri arasında yer aldığını rapor etmişlerdir. Geliştirilen bu DNA markörünün buğday ıslah programlarında kullanılabilirliğini göstermek ve aynı zamanda doğruluğunu test etmek için, 89 adet modern buğday çeşidinden elde edilen bin dane ağırlıkları ile *TaSus2-2B_{TGW}* DNA marköründen elde edilen sonuçları karşılaştırılmış ve bu DNA markörünün buğday ıslahında kullanılabileceği rapor edilmiştir (Hou ve ark. 2014).

Sitokinin oksidaz/dehidrogenaz (*CKX*) geninin, sitokinin düzeylerini kontrol etmede önemli bir rol oynadığı, aynı zamanda çeltikte tane sayısını etkileyen kantitatif özellik bölgeleri ile ilişkili olduğu rapor edilmiştir (Hou ve ark. 2014). Ancak bu gen bölgesinin buğdayda hangi işlevde fonksiyonel olduğu tam anlaşılamamıştır. Buğdayda bu gen bölgesinin tam anlaşılmasını sağlamak ve tanımlamak için çeltiğin *OsCKX2* geninin buğdaydaki ortologu olan *TaCKX6-D1* geni klonlanmış, klonlanan bu bölgede haplotipler tanımlanmış, bunların genetik bağlantı haritasında yerleri belirlenmiş ve ilişkili haritalama ile bu gen bölgelerinin buğdayda bin dane ağırlığı ile ilişkili olduğu gösterilmiştir (Zhang ve ark 2012). Bu çalışma sonucunda *TaCKX6-D1* gen bölgesinin 5 farklı haplotipi tanımlanmıştır. Bu haplotiplerden hangisinin bin dane ağırlığının yüksekliği ve düşüklüğü ile ilişkili olduğunu belirlemek için INDEL DNA markörleri geliştirilmiştir (Zhang ve ark 2012). Zhang ve ark (2012), modern ekmeklik buğday çeşitleri, yerel ve yabani türlerde *TaCKX6-D1* gen bölgesinin genetik çeşitliliğini incelemiş ve bu gen bölgesi bakımından genotipler arasında yüksek genetik çeşitlilik olduğunu rapor etmişlerdir. Ayrıca araştırmacılar, *TaCKX6-D1* gen bölgesinin yüksek verimli buğday

çeşitlerinin geliştirilmesinde kullanılabileceğini bildirmişlerdir. Son zamanlarda bu bölge için geliştirilen fonksiyonel DNA markörü buğday ıslahı programında kullanılmaya başlanmıştır.

Hanif ve ark. (2016), çeltikte yapmış oldukları bir çalışmada, *TGW6* geninin, indol-3-asetik asit-glikoz hidrolazi kodladığını ve bu gen bölgesinin çeltikte 1000 dane ağırlığı ve verimin artmasında önemli bir rol oynadığını rapor etmişlerdir. Aynı araştırmacı, ekmeklik buğday 3AL kromozomundan *TGW6* geninin ortologunu izole etmiş ve *TaTGW6-A1* olarak isimlendirmişlerdir (Hanif ve ark. 2016). Hanif ve ark. (2016) tarafından yapılan analizler sonucunda, yüksek ve düşük 1000 dane ağırlığına sahip çeşitlerin sırasıyla *TaTGW6-A1a* ve *TaTGW6-A1b* allelini taşıdığını ve bu farklılığın sadece 3 adet nükleotidin farklılığından meydana geldiğini bildirmişlerdi.

Hanif ve ark. (2016), yapmış olduğu bir çalışmada Zhou 8425B x Chinese Spring melezlemesinden geliştirilmiş olan kendilenmiş rekombinat hatları, 90K iSelect SNP array kullanılarak genotiplenmişler, bu hatların aynı zamanda 1000 dane ağırlığı bakımından fenotiplemesini yapmışlar ve 1000 dane ağırlığını kontrol eden gen bölgelerini tanımlamaya çalışmışlardır. Bu çalışma sonucunda, 1000 dane ağırlığı ile ilişkili *TaTGW6-A1-CAPS* markörünü geliştirmişlerdir. Yaptıkları çalışma sonucunda, *TaTGW6-A1* lokusun verim ile ilişkili bir kantitatif bölge olduğunu, fenotipik varyansın %17,4 ile oldukça yüksek bulunduğunu rapor etmişlerdir. Araştırmacılar, bu gen bölgesi ile 1000 dane ağırlığı arasındaki ilişkiyi incelemek için 242 adet Çin ve yabancı orijinli buğday genotiplerini hem bu özellik bakımından fenotiplemişler hem de bu DNA markörü ile genotiplemişlerdir. Çalışma sonucunda, bu gen bölgesinin 1000 dane ağırlığı ile ilişkisini olduğunu tespit etmişlerdir. Hanif ve ark. (2016) yüksek 1000 dane ağırlığı ile ilişkili *TaTGW6-A1a* allelinin buğday ıslah programlarında fonksiyonel DNA markörü olarak hem verimi arttırmak için hem de 1000 dane ağırlığını yükseltmek için kullanılabileceğini rapor etmişlerdir.

Zhang ve ark. (2014a) *OsGS3* geninin çeltikte dane ağırlı ve tane uzunluğunun kontrol edilmesinde önemli bir rol oynadığını rapor etmişlerdir. Araştırmacılar, bu genin buğdaydaki ortologu olan *TaGS* genini tanımlamak ve karakterize etmek için bu geni klonlamışlardır. Yapılan klonlama sonucunda, bu gen bölgesinin buğdayın 7DS kromozomunda bulunduğunu rapor etmişlerdir. Farklı buğday genotiplerinde, *TaGS-D1* gen bölgesinin sekans analizinin yapılması sonucunda, bu gen bölgesi içinde polimorfik SNP bulunduğunu, 40 bp uzunluğunda INDEL saptandığını ve bunlarında düşük ve yüksek 1000 dane ağırlığı ile ilişkili olduğu rapor etmişlerdir (Zhang ve 2014a). 40 bp uzunluğundaki INDEL DNA markörünün farklı çeşitlerde kullanılabilmesi için Zhang ve ark. (2014b) tarafından kodominant STS markörü geliştirilmiştir. Zhang ve ark. (2014a) yaptıkları çalışmada geliştirdikleri kodominant STS markörü ile 175 Çin orijinli buğday çeşidini genotiplemişler ve *TaGS-D1*'in gen bölgesinin tane ağırlığı ile önemli derecede ilişkili olduğunu bulmuşlardır. Aynı zamanda araştırmacılar, *TaGS-D1* lokusunun Sırbistan, Japonya, Avustralya, Kanada ve Çin'in yetiştirilen bazı yazlık ve kışlık buğday çeşitlerinde yüksek frekansta bulunduğunu belirtmişlerdir.

Yukarıda ifade edilen ve farklı araştırmacılar tarafından geliştirilen ve 1000 dane ağırlığı ile ilişkili fonksiyonel DNA markörleri CIMMYT ve ICARDA gibi uluslararası buğday ıslah programlarında amaca uygun seleksiyon yapmak için yoğun olarak kullanılmaktadır.

2.3.5. Kuraklığa Dayanıklılık

Küresel ısınmanın artması ile sıcaklık artışı tarım alanlarını ve insanları olumsuz olarak etkilemektedir. Küresel ısınmadan dolayı kuraklık stresi bitkisel üretimi sınırlayan en önemli faktörlerden biridir. Ülkemizde buğday üretim alanları genellikle kuru tarım alanları olup, kuraklık bu alanlardaki tarım ürünlerinde özellikle buğday üretiminde ciddi problemlere neden olmaktadır. Yağış miktarındaki yetersizlik ve yağış miktarının düzensiz dağılımından dolayı kuraklık

stresi oluşmaktadır. Buğdayda en fazla kuraklık stresi genellikle çiçeklenmeye yakın dönemde ve tane dolum döneminde yaşanmaktadır.

Buğdayda kuraklık üzerine yapılan çalışmalarda, buğday anterine özel olan invertaz genlerinin kuraklıkla ilişkisi olduğu rapor edilmiştir (Jiang ve ark. 2015). Buğday bitkisi, invertazı sakarozu hidroliz ederek glikoz ve fruktoza çevirmektedir (Jiang ve ark. 2015). Üç tip invertazdan biri olan hücre duvarları invertazının (CWI), bitki gelişimi için gerekli olduğu Jiang ve ark. (2015) tarafından gösterilmiştir. Yapılan genetik çalışmalar sonucunda, *TaCWI* geninin buğdayın 4A, 5B ve 5D kromozomlarından bulunduğunu saptanmıştır (Jiang ve ark., 2015). Bu gen bölgelerinin klonlanması ve sekanslanması sonucunda; 4A kromozomundan elde edilen *TaCWI-4A* geninin promotör bölgesinde iki adet SNP, *TaCWI-5D* geninde de dört SNP ve iki INDEL'in bulunduğunu, *TaCWI-5B* gen bölgesinde ise herhangi bir SNP bulunmadığı Jiang ve ark. (2015) tarafından rapor edilmiştir. Daha sonra yapılan çalışmalarda, CAPS markörleri olan *caps4A* ve *caps5D*, (*TaCWI-4A* ve *TaCWI-5D*) markörleri geliştirilmiştir (Jiang ve ark. 2015). Aynı çalışmalarda markör/karakter ilişkilendirme analizlerinde; birden fazla bölgede yetiştirilen 348 adet Çin orijinli buğday materyali *caps4A* ve *caps5D* markörleri ile genotiplenmiş ve kuraklıkla ilişkilendirilmiştir. Araştırmacıların yapmış olduğu çalışma sonunda ise modern çeşitlerin *Hap-5D-C* alleleline oldukça fazla sıklıkta sahip oldukları rapor edilmiştir.

Jiang ve ark. (2015) tarafından yapılan çalışmalar sonucunda *TaCWI-4A*'daki haplotiplerinin kuraklıkta 1000 dane ağırlığı üzerindeki dengeleyici etkileri belirlenmiş ve başakta dane sayısı üzerine olumlu etki yaptığı, yoğun yağışlı bölgelerde ise özellikle buğday genotiplerinin *Hap-4A-C* alleleline sahip olmasının, sulu şartlarda ise *Hap-4A-T* alleleline sahip olmasının aynı zamanda 1000 dane ağırlığını yükselteceğini, bundan dolayı bu fonksiyonel DNA markörünün buğday ıslahında yoğun olarak kullanılması gerektiği rapor edilmiştir.

Zhang ve ark. (2015), çeltik MOC1 (monoculm) geninin ortoloğu olan TaMOC1 genini buğdayda izole etmişler ve bu gen bölgesi için fonksiyonel DNA

markörü geliştirmişlerdir. Yaptıkları çalışma sonucunda, TaMOC1-7A HapH haplotipinin başakta başakçık sayısı ile önemli derecede ilişkili olduğunu bildirmişlerdir.

Dreb genlerinin; kuraklık, tuzluluk, düşük sıcaklık ve diğer abiyotik stres faktörlerine karşı toleranslılığı sağladığı rapor edilmiştir (Wei ve ark. 2009). Bu çalışmada *Dreb1* genleri için fonksiyonel DNA markörleri geliştirilmiş ve kullanılabilirliği araştırılmıştır. Özellikle buğdayın 3A, 3B ve 3D kromozomlarında *Dreb* genlerinin bulunduğu rapor edilmiş ve bu gen bölgeleri için fonksiyonel DNA markörleri geliştirilmiştir (Wei ve ark. 2009). Yapılan çalışmalar, özellikle bu DNA markörünün buğday ıslah programlarından amaca uygun bir şekilde kullanılabileceğini göstermiştir (Rasheed ve ark., 2016).

2.3.6. Başakta Çimlenme

Buğdayda tane olum süresince ve dane oluştuktan sonra hava koşullarının değişmesi ile yağışların olması dane verimini ve un kalitesini olumsuz etkilemektedir. Tohum dormansisi, ekmeklik buğdayda başakta tanenin çimlenmesini engelleyen önemli bir faktördür (Zhang ve ark 2014b). Tahılların hasat öncesinde olgunlaşmış başaklarda tanenin çimlenmesi, buğday üretiminde büyük bir sorundur (Liu ve ark. 2013). Yapılan genetik çalışmalar, ekmeklik buğdayın 3 BL kromozomunda başakta çimlenmeye karşı toleranslılığı sağlayan bir gen bölgesinin olduğunu göstermiştir (Yang ve ark. 2007). Bulunan gen bölgesinin (*Vp-1B*) iki allelik formunun olduğu ve bunların da *Vp-1Bb* ve *Vp-1Bc* olarak isimlendirildiği rapor edilmiştir (Yang ve ark. 2007). Bu genin allelik formları için araştırmacılar tarafından fonksiyonel DNA markörleri geliştirilmiş ve buğday ıslah programlarında kullanılmaya başlanmıştır.

Beyaz daneli buğday genotiplerinde başakta çimlenmeye karşı dayanıklılığı sağlayacak gen bölgelerinin belirlenmesi için yapılan çalışma sonucunda, 3A kromozomunda bulunan ve *TaPHS1* olarak isimlendirilen bir gen bölgesi

tanımlanmış ve bu gen bölgesi için fonksiyonel DNA markörü geliştirilmiştir (Liu ve ark 2013).

Buğdaydaki *TaSdr* genleri, çeltikte tohum dormansisini sağlayan *OsSdr4*'ün ortologlarının karşılaştırmalı genomik yaklaşımları sonucunda klonlamışlardır (Zhang ve ark 2014b). Yapılan klonlama sonucunda, üç farklı gen bölgesi tanımlanmış olup bunlar; *TaSdr-A1*, *TaSdr-B1* ve *TaSdr-D1* olarak isimlendirilmişlerdir (Zhang ve ark 2014b). Zhang ve ark. (2014b), çekirdek buğday koleksiyonunda, *TaSdr-B1* lokusundaki allelik formların dağılımlarını belirlemek için yaptıkları araştırmalarında, düşük çimlenme indeksi ile ilişkili *TaSdr-B1a* frekanslarının Japonya, Avustralya, Arjantin, Orta ve Aşağı Yangtze Vadisi kışlık buğday bölgesinde yüksek olduğu belirlenmiş ve çalışma sonucunda elde edilen bu fonksiyonel DNA markörlerinin buğday ıslahında başarılı bir şekilde kullanılabileceğini rapor etmişlerdir.

2.3.7. Danede Sarı Pigment İçeriği

Buğdayda yüksek sarı pigment içeriğini etkileyen en önemli faktör buğdayda dane rengidir. Örneğin, Asya ülkelerinde tüketilen noodle (erişte) üretiminde beyaz veya sarıya kaçan beyaz unların kullanılmasını tercih edilir (Crosbie ve ark. 1996). Buğday tohumunun son ürünü olan un sadece Asya ülkelerinde değil Dünya'nın farklı bölgelerinde farklı amaçlar için kullanılmaktadır. Sarı pigment (YP), özellikle parlak sarı renkte eriştelerin tüketildiği Japonya, Singapur ve Tayland gibi ülkelerde tercih sebebi olmaktadır (Kruger ve ark 1992). Un kalitesi; sarı pigment içeriği (YPC), polyfenoloksidaz (PPO) ve Lipoxigenaz (LOX) olarak tarafından kontrol edilmektedir (He, 2007; Sun, 2005; Feng, 2010).

Zhang ve ark. (2016) *Psy-A1*, *Psy-B1*, *TaZds-A1*, *TaZds-D1*, *TaLox-B1*, *Ppo-A1* ve *Ppo-D1* gen bölgelerine ait 7 adet fonksiyonel DNA markörünün multiplex PCR olarak yapıp yapılmayacağını araştırdıkları bir çalışmada, 155 adet buğday çeşit ve hattında *PsyB1a*, *Psy-B1b* ve *Psy-B1c* allellerinin frekanslarını sırasıyla %33.5, %58.7 ve %7.7 bulurlarken, *TaZds-A1* lokusunda sadece iki allelin (*TaZds-*

Ala ve *TaZdsAlb*) bulunduğunu ve bunların frekanslarının sırasıyla %40.0 ve %60 olarak belirlendiğini bildirmişlerdir. Aynı şekilde *TaZds-D1* lokusu için de iki allelin (*TaZds-D1a* ve *TaZds-D1b*) bulunduğunu ve frekanslarının %98.7 ve %1.3 olarak belirlendiğini rapor etmişlerdir. Çalışma sonucunda, bu fonksiyonel DNA markörlerinin amaca uygun bir şekilde kullanılabileceğini bildirmişlerdir.

Karotenoid biyosentezinde önemli rol oynayan Fitoen sentaz (Psy) enziminin, buğday tohumunda sarı pigment (YP) içeriği ile ilişkili olduğunu He ve ark. (2008) tarafından yapılan çalışmada rapor edilmiştir. Özellikle makarnalık buğday için Fitoen sentaz (Psy) enziminin karakterizasyonu ve bu genle ilişkili fonksiyonel DNA markörlerinin geliştirilmesi önem arz etmektedir. He ve ark. (2008), yapmış oldukları çalışmada, Fitoen sentaz (Psy) enzimini kontrol eden gen bölgesinin buğdayın 7A kromozomu üzerinde bulunduğunu rapor etmişlerdir. Araştırmacılar, bu gen bölgesini klonlamışlar ve *Psy-A1* için iki farklı haplotip tespit etmişlerdir. Bu haplotipler için geliştirilen fonksiyonel DNA markörlerinin PCR analizi sonucunda, danede yüksek ve düşük sarı pigment içeriğine sahip genotipler için sırasıyla 194 ve 231 bp PCR ürünü elde edildiğini rapor etmişlerdir. Geliştirilen bu DNA markörleri halen yoğun olarak buğday ıslah programlarında kullanılmaktadır.

2.3.8. Buğday Depo Proteinleri

Buğdayda bulunan gliadin ve glütenin (HMW-GS ve LMW-GS) proteinleri, buğday ununun reolojisini ve son ürün yapım özelliklerine etkileyen gluten proteininin ana bileşenleridir. Buğday endosperminde glutenin alt birimlerine ait 2 temel sınıf tanımlanmış olup bunlar SDS-PAGE'deki hareketlerine göre yüksek moleküler ağırlıklı (HMW) ve düşük moleküler ağırlıklı (LMW) glutenin alt birimleri olarak isimlendirilmiştir. Yapılan çalışmalar, yüksek moleküler ağırlıklı glutenin alt birimlerinin buğday unu hamurunun kendine özgü visko-elastik özelliklerinin belirlenmesinde önemli bir rol oynadığını göstermiştir (Payne, 1987; Luo ve ark. 2001). Bu konuda daha önce yapılan çalışmalarda,

ekmeklik buğdayda birçok HMW glutenin alleli bulunmuş olup, bu allellerin 1A,1B ve 1D kromozomlarının uzun kollarındaki *Glu-A1*, *Glu-B1* ve *Glu-D1* lokusları tarafından kontrol edildiği, her bir lokusun farklı moleküler ağırlıktaki “x” ve “y” tipi olarak isimlendirilen iki bağlı gene sahip olduğu rapor edilmiştir (Forde ve ark. 1985). Bu çalışmaya ek olarak PCR tekniği kullanılarak glutenin farklı allelik kombinasyonları için (*Dx2*, *Dx2.1*, *Dx5*, *Dy10* ve *Dy12* alt birimleri ile alakalı) 10 adet özel primer çifti geliştirilmiştir (Zamani ve ark. 2014).

HMW-GS için geliştirilmiş olan fonksiyonel DNA markörleri buğday çeşitlerinde ve hatlarında moleküler ağırlığın tanımlanmasında etkili olarak kullanılmaktadır (Liang ve ark. 2010; Jin ve ark. 2011; Ram ve ark. 2011). Bulunan bu alleller üzerinde yapılan çalışmalar sonucu *Glu-D1* lokusunda bulunan 5+10 allellerin ekmeklik kalite değerlerini yükselttiği bildirilmiştir (Ishikawa ve Nakamura, 2007). Ancak *Glu-D1* lokusunda bulunan bazı farklı allellerin ise, örneğin 2+12 alleli, ekmeklik kalitesini düşürdüğü rapor edilmiştir (Gupta ve MacRitchie, 1994). Özellikle buğdayın 1AL, 1BL ve 1DL kromozomlarında bulunan HMW glutenin allellerinin kaliteyi farklı şekilde etkilediği saptanmıştır. Kaliteli ekmeklik bir buğday çeşidinde *Glu-A1* lokusu için *Ax1* veya *Ax2**; *Glu-B1* lokusu için *Bx7+By8*, *Bx17+By18* ve *Bx13+By16* allelik formların herhangi birisinin ve *Glu-D1* lokusu için ise *Dx5+ Dy10* allelik formunun bulunması gerektiği rapor edilmiştir (Shao ve ark, 2015). Aynı şekilde 1AS, 1BS ve 1DS kromozomlarında bulunan glutenin ve gliadin alt üniteleri kaliteyi olumlu/olumsuz etkileyebilmektedir. Bu gen bölgelerini tanımlamaya yarayan birçok DNA markörü geliştirilmiştir (Liu ve ark. 2008a; Ragupathy ve ark., 2008). Bir başka çalışmada ise ekmeklik buğday çeşitlerinde HMW glütenin *IDx5* lokusunun olup olmadığını tespit etmek için DNA markörü geliştirilmiştir (D’Ovidio ve Anderson, 1994).

Li ve ark. (2014), yaptıkları çalışmada 1590 adet ekmeklik buğdayda *Bx7OE* alt birimini; SDS_PAGE (sodium dodecylsulphate–polyacrylamide jel elektroforezi), RP-HPLC ve STS markörleri ile karakterize etmişlerdir ve 31 adet ekmeklik buğday çeşidinin *Bx7OE* taşıdığını rapor etmişlerdir.

Buğdayda depo proteinleri ile ilişkili birçok fonksiyonel DNA markörü geliştirilmiş ve halen yoğun bir şekilde buğday ıslah programlarında kullanılmaktadır.

2.4. Hastalıklar

2.4.1. Pas Hastalıkları

Islahçıların en önemli amaçlarından biri de ellerindeki ıslah materyalinin hastalıklardan arı olması ve bu özelliği ıslah teknikleri kullanarak hedef materyale aktarmaktır. Bu işlem için büyük çaba ve zaman harcamakla birlikte kimi zaman bu aktarım buğdayın akrabalarından veya buğday türleri arasında olabilmektedir.

Buğdayda gözlemlenen fungal hastalıklar üç gruba ayrılır. Bunlar; kök ve kök boğazı hastalıkları, sap ve yaprak hastalıkları ve başak hastalıklarıdır. Buğdayda kara pas hastalığının *Puccinia graminis Persf. F. tritici (Pgt)* fungusu tarafından meydana getirildiği ve buğday üretimini sınırlayan en önemli faktörlerden birisi olduğu rapor edilmiştir (Mert ve ark. 2012). Kara pasa dayanıklılık geni *Sr2*, 1940'lardan itibaren buğday ıslahında kullanılmış ve kara pasa karşı geniş spektrumlu koruma sağladığı rapor edilmiştir (Mago ve ark. 2011). Kara pas ile ilgili bir çalışmada Pretorius ve ark. (2000), *Sr2* geninin *Ug99* dahil bütün kara pas ırklarına karşı dirençlilik sağladığını bildirmişlerdir. Bu gen bölgesi için Mago ve ark. (2011) tarafından kara pasın bütün ırklarına karşı dayanıklılık sağlayan fonksiyonel DNA markörleri geliştirilmiş ve başarılı bir şekilde kullanılmaya başlanmıştır. Sarı pas ile ilgili bir çalışmada, Kassem ve ark. (2011) kullandıkları makarnalık buğday setinde *Lr19* direnç geni için geliştirdikleri SSR markörünün, incelenen çeşitlerin ancak %52'sinde bulunduğunu, diğerlerinde ise bulunmadığını rapor etmiştir.

Kara pasın yanında kahverengi pas, buğdayda görülen en yaygın hastalıklarından birisidir. Kahverengi pas buğdayda %50'lere varan oranda verim kaybına neden olmaktadır. Özellikle kahverengi pas hastalığı buğday yapraklarının fotosentez alanını kapattığından; 1000 tane ağırlığı ve hektolitre ağırlığında ciddi

derecede düşüŖlere neden olmaktadır. Pas hastalıklarına dayanım üzerine yapılan çalışmalarda *Lr34 / Yr18 / Pm38* lokusunu kontrol eden gen bölgelerinin, buğday bitkisine zarar veren kahverengi pas, sarı pas ve külleme patojenlerine karşı kısmen dayanıklılık direnci sağladığı rapor edilmiştir (Tommasini ve ark. 2006, Lagudah ve ark. 2009). Bu dayanıklılık kaynağı üzerine yapılan genetik çalışmalar, geniş spektrumlu bu direncin, tek bir gen tarafından kontrol edildiğini göstermiştir (Lagudah ve ark. 2009). Bu bağlamda bu üç genin bir buğday çeşidinde bulunması patojenlere karşı çoklu dayanıklılık sağlamakta olup, bu gen bölgesi için geliştirilen fonksiyonel DNA markörleri yoğun bir şekilde buğday ıslahında kullanılmaktadır. Kahverengi pas ile ilgili başka bir çalışmada (Herrera-Foessel ve ark. 2012) Parula çeşidinde her üç pas çeşidine karşı dayanıklılık olduğu ve bu dayanıklılığın *Lr34*, *Lr46* ve *Lr68* tarafından kontrol edildiği rapor edilmiştir.

DNA markörleri yoğun olarak buğday ıslah programlarında kullanılmaktadır. Son yıllarda yapılan çalışmalarla, *Lr34* geni için SNP markörleri geliştirilmiştir (Lagudah ve ark. 2009). Yeni geliştirilen ve doğruluğu tanımlanmış bu fonksiyonel DNA markörleri sayesinde buğday genotiplerinde *Lr34/Yr18/Pm38* lokusunu taşıyan çeşitlerin, kahverengi pas, sarı pas ve külleme gibi fungal hastalıklara dayanıklılık sağladığı ve dayanıklılık genini taşıyıp taşımadıklarının hızlı bir şekilde tespit edilebildiği rapor edilmiştir (Lagudah ve ark. 2009).

2.4.2. Fusarium Başak Yanıklığı

Serim iklim tahıllarının yetiştirildiği bölgelerde genel olarak kök ve kök boğazı çürüklüğü hastalıkları gözlemlenmektedir. *Fusarium* ssp; buğdayda kök çürüklüğü ve başak yanıklığı hastalıklarına neden olmaktadır. Hastalık toprağın altındaki kök sisteminden başlayarak bitkinin iletim sistemini tıkamakta ve ilerleyen dönemde başaklarda yanıkların oluşmasını neden olmaktadır (Anderson, 2007). Hastalık, buğday veriminin düşmesine ve elde edilen ürünün kalitesiz olmasına sebep olmaktadır.

Buğdayda başak yanıklığı hastalığına karşı dayanıklılığı sağlayan gen bölgelerinin bulunması önem arz etmektedir. Bu bağlamda yapılan genetik çalışmalar sonucunda, buğdayın 3BS kromozomunda bulunan ve *fhb1* olarak isimlendirilen bir kantitatif özellik bölgesinin başak yanıklığına karşı dayanıklılık sağladığı rapor edilmiştir (Liu ve ark. 2008b). Bu konuda yapılan detaylı çalışmalar sonucu “Sumai-3” genotipinde bulunan bu kantitatif özellik bölgesi için DNA markörleri geliştirilmiş ve buğday ıslah programlarında yoğun olarak kullanılmaya başlanmıştır (Liu ve ark. 2008b).



3. MATERYAL VE METOD

3.1 Materyal

Bu araştırmada 54 adet Türkiye ve yabancı orijinli ticari ekmeklik buğday çeşidi materyal olarak kullanılmıştır. Çizelge 3.1 de kullanılan bitki materyaline ait detaylı bilgi verilmiştir.

Çizelge 3.1. Araştırmada Kullanılan Ekmeklik Buğday Çeşitleri

ÇEŞİT ADI	İSLAHÇI KURULUŞ	TESCİL YILI
C59311	-----	-----
S-24	-----	-----
YAYLA_305	GKTAEM	1935
SERTAK_52	GKTAEM	1936
SERTAK	TARM	1936
P8/8	GKTAEM	1963
AKOVA	SAKARYA, MISIR ARAŞTIRMA	1964
KIRAÇ_66	GKTAEM	1966
BERKMEN_469	TARM	1968
YEKTAY_406	GEÇİT KUŞAĞI TAE	1968
HALBERD	AUSTRALIA	1969
CLARKS	KANSAS	1972
BOLAL_2973	GKTAEM	1973
TOSUN_144	TARM	1979
SALVIA	İTALYA	1981
ATA_81	EGE TARIMSAL ARAŞTIRMA ENS	1981
POBEDA	BULGARIA	1984
İZMİR_85	EGE TARIMSAL ARAŞTIRMA ENS	1985
KAKLIÇ_88	EGE TARIMSAL ARAŞTIRMA	1988
SERİ_82	DATAEM	1991
KUTLUK_94	GKTAEM	1994
DAĞDAŞ_94	BAHRİ D.UTAEM	1994
KIRGIZ_95	GKTAEM	1995
SULTAN_95	GKTAEM	1995
KAŞIFBEY_95	EGE TARIMSAL ARAŞTIRMA	1995
UZUNYAYLA	TARM	1995
RENEZANSA	YUGOSLAVYA	1995

Çizelge 3.1. devamı

ÇEŞİT ADI	İSLAHÇI KURULUŞ	TESCİL YILI
PALANDÖKEN	DOĞU ANADOLU TAE	1997
KINACI_97	BAHRİ D.UTAEM	1997
YILDIZ_98	GKTAEM	1998
GENÇ_99	Ç. Ü. ZİRAAT FAKÜLTESİ	1999
TOPBAŞ	-----	-----
BALATTİLA	Ç.Ü. ZİRAAT FAKÜLTESİ	2000
CHAM_8	ICARDA	2000
SÖNMEZ_2001	GKTAEM	2001
NURKENT	GAP	2001
ATLI_2002	TARM	2002
DARIEL	HAZERA TOHUMCULUK TİC. A.Ş.	2002
SAKİN	KARADENİZ TAE	2002
ESER	TARM	2003
CHAM_10	ICARDA	2004
TOSUNBEY	TARM	2004
MENEMEN	EGE TARIMSAL ARAŞTIRMA ENS	2004
MÜFİTBİY	GKTAEM	2006
NACİBEY	GEÇİT KUŞAĞI TAE (ESKİŞEHİR)	2008
ALORA	ALMANYA	2008
QUKAU	CIMMYT	2008
SCIROCCO	ALMANYA	2011
AYYILDIZ	DATAEM	2011
ALTINDANE	KTAE	2012
MESUT	GEÇİT KUŞAĞI TAE (ESKİŞEHİR)	2013
KAYRA	EGE TARIMSAL ARAŞTIRMA ENS	2014
ALTINÖZ	DOĞU AKDENİZ TAR. ARŞ	2015
TOROS 1003	TEKFEN TARIM	2016

Çalışmada kullanılan 54 adet ekmeklik buğday çeşidi 2016-2017 buğday yetiştirme sezonunda Çukurova Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümü Uygulama ve Araştırma alanına ekilmiştir. Ekimler, 2 m uzunluğundaki sıralara sıra arası 30 cm, sıra üzeri 5 cm olacak şekilde elle yapılmıştır. Ekimler Kasım 2016 ayının ilk haftasında yapılmıştır. Dekara toplam 16 kg saf N ve 6-8 kg P₂O₅ gelecek şekilde gübreleme yapılmıştır. Ekimden önce dekara 8 kg/da saf N ve

8 kg P_2O_5 gelecek şekilde 20-20-0 kompoze gübre verilmiş ve bu sayede azotun yarısı ve fosforun tamamı toprağa verilmiştir. Azotun diğer yarısı ise kardeşlenme-sapa kalkma dönemlerinde iki eşit kısımda amonyum nitrat gübresi olarak verilmiştir. Bitki gelişmesi sırasında yabancı ot kontrolü elle yapılmıştır. Bitkiler hasat olgunluğuna geldiğinde, elle hasat edilmiştir. Bitkilerde herhangi bir fenotipik gözlem alınmamış olup, bitkiler 3-5 yapraklı aşamadayken DNA izolasyonunda kullanılmak için yaprak örnekleri alınmıştır. Bitkiler hasat olgunluğuna geldiklerinde tek tek hasat edilmiş ve tek başak harman makinesinde harman edilerek tohumları soğuk hava deposunda muhafaza altına alınmıştır.

3.2. Moleküler Analizler

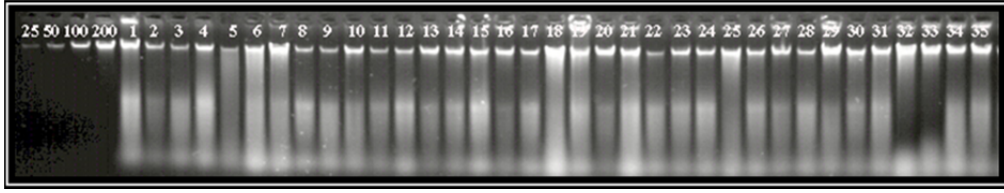
3.2.1. DNA İzolasyonu

Genomik DNA analizi, Doyle ve Doyle (1987)'nin geliştirdiği ve Kafkas ve ark. (2006) tarafından modifiye edilen CTAB yöntemine göre yapılmıştır. Her buğday çeşidi için araziden alınan genç yaprak örnekleri Heto marka dry-freezer'da kurutulmuş ve bu örnekler silika jel içerisinde buzdolabında saklanmış ve DNA izolasyonunda bu örnekler kullanılmıştır.

Kurutulan buğday örneklerinden her çeşit için ayrı ayrı olmak koşulu ile 2 ml'lik tüplerin içerisine 45 mg'lık yaprak örnekleri tartılarak konulmuş ve öğütme aletinde öğütülmüştür. Öğütülmüş yaprak örnekleri bulunan tüpler içerisine, 0.9 ml CTAB tampon çözeltisi (100 mM Tris-HCl, 1,4 M NaCl, 20 mM EDTA, %2 CTAB, %2 PVP, %0.1 $Na_2S_2O_5$) ilave edilmiş ve örnekler daha önceden sıcaklığı $65^{\circ}C$ olan su banyosuna konulmuştur. İçerisinde öğütülmüş yaprak örnekleri bulunan tüpler, 75 dakika boyunca otomatik çalkalama özelliği bulunan sıcak su banyosunda tutulmuştur. Su banyosundan çıkarılan örnekler oda sıcaklığında 10 dakika soğuması için bekletilmiş ve daha sonra tüplerin içerisine, DNA ekstraksiyon tampon çözeltisi ile eşit oranda (0.9 ml), kloroform: isoamil alkol (24:1) ilave edilmiştir. Tüpler yavaş bir şekilde 15 dakika boyunca yatay çalkalayıcıya çalkalanmıştır. Çalkalanan tüpler 12000 rpm'de 15 dakika süre ile

santrifüj edilmiştir. Santrifüj olan örneklerin üst faz kısmı alınarak (yaklaşık 0.5 ml) yeni bir tüpe aktarılmış, üst fazın aktarıldığı yeni tüplerin içerisine -20°C 'de bekletilmiş soğuk 2-Propanol (0.5 ml) eklenmiştir. 2-Propanol ile muamele edilen üst faz el yordamıyla yavaşça alt üst edilerek DNA bulutsu yapıda görünür hale gelinceye kadar tüpler elle yavaşça alt üst edilmiştir, eğer DNA'nın bulutsu yapısında çökelme olmamış ise daha iyi bir çökelme sağlamak için örnekler 2 saat -80°C 'de veya 1 gece -25°C 'de bekletilmiştir. Soğuk ortamda bekletilen tüpler oda sıcaklığında çözündürülmüş ve tüpler 5000 rpm'de 30 saniye santrifüj edilmiştir. Bu işlemten sonra tüp içerisindeki 2-Propanol pipet yardımıyla uzaklaştırılmıştır. Bu işlemlerden sonra tüplerin içerisine, içerisinde 10 mM amonyum asetat bulunan %76'lık etanol'den 0,7 ml ilave edilmiş ve tüpler 30 dakika yatay çalkalayıcıda çalkalandıktan sonra 3500 rpm'de 15 saniye santrifüj edilerek DNA tüplerin dibine çöktürülmüştür. Bu işlemten sonra üst faz tüplerden uzaklaştırılmış ve tüplerin kapağı açık bırakılarak oda sıcaklığında kuruması sağlanmıştır. Kurutulan tüplerin içerisine DNA'nın çözülmesi için 50 μl steril saf su eklenmiş ve DNA'ların çözülmesi sağlanmıştır. Steril saf su içerisinde çözündürülmüş DNA'ların konsantrasyonunun belirlenmesi için; her bir genotipin reaksiyon hacmi 20 μl olacak şekilde, 2 μl stok DNA örneği ile 18 μl seyreltilmiş jel yükleme boyası (bromophenol blue, gliserol ve 5X TBE karışımı) karıştırılarak vortekste iyice karıştırılmış, sonra da kısa süreli santrifüj yapılarak örnekler hazırlanmıştır. Hazırlanan örneklerin toplam reaksiyon hacminden 10 μl ve konsantrasyonu belli λ DNA'lardan 10 μl (1 μl λ DNA+9 μl boya-su karışımı), %0.8 konsantrasyonda hazırlanmış agaroz jel üzerindeki kuyucuklara yüklenmiş ve yatay elektroforez aletinde 120 voltta 50 dakika koşturma işlemi yapılmıştır. DNA koşturma işleminin ardından "ethidium bromide" boyasıyla jel boyanmış, boyandıktan sonra UV transilluminatör yardımıyla agaroz jelin görüntüsü alınmış ve genotiplere ait DNA miktarı, konsantrasyonu belli λ DNA'lar (50ng-100ng-200ng) ile karşılaştırılmış ve tahmin yapılmıştır (Şekil 3.1).

Genotipler arasında DNA kalitesi yeterli olmayan veya kontaminasyon olan DNA'larda DNA izolasyonu tekrarlanmıştır. Her bir genotip için λ DNA konsantrasyonuna göre hesaplanmalar yapılmıştır. Hesaplanan genotiplerin DNA konsantrasyonları, PCR analizlerin standart kurmak adına her bir DNA örneğinin konsantrasyonu 10 ng/ μ l olacak şekilde ayarlanmıştır (Şekil 3.1).



Şekil 3.1. 35 adet Buğday Çeşidinden Elde Edilmiş DNA'ların Konsantrasyonu ve Kalitesine Ait Bir Görüntü. DNA konsantrasyonlarını belirlemede kullanılan Lamda DNA'lar (25ng - 50ng - 100ng - 200 ng) jelin başlangıcında verilmiştir.

3.2.2. Fonksiyonel DNA Markörü Analizleri

Bu çalışmada 32 adet adaptasyon, kalite, biyotik ve abiyotik faktörlere dayanıklılığı kapsayan fonksiyonel DNA markörünü kullanılmıştır. Bu DNA markörleri yoğun olarak ekmeklik buğday ıslah programlarından kullanılmaktadır. Kullanılan DNA markörlerine ait detaylı bilgiler Çizelge 3.2 de verilmiştir.

KASP fonksiyonel DNA markör analizleri hizmet satın alımı şeklinde Çin'de yaptırılmıştır. Bununla birlikte seçilen bazı ekmeklik buğday çeşitlerinde kullanılan fonksiyonel DNA markörlerinin doğrulama analizleri Tekfen Tarım Moleküler Genetik Laboratuvarında yapılmıştır.

KASP analizleri üç bileşenden oluşmaktadır. Bunlar; kullanılan DNA (50 ng), ana KASP karışımı ve KASP analiz karışımıdır. KASP analizlerinde kullanılan kitler patenli olup, PCR için bu kitlerin alınması gerekmektedir. Bu bağlamda çalışma için gerekli kitler <https://www.lgcgroup.com/./kasp-genotyping-chemistry/> adresinden temin edilmiştir. Fonksiyonel DNA markörleri kullanılarak yapılan PCR-KASP analizlerinde; 3 μ l (10-50 ng/ μ l DNA), 3 μ l 1X KASP ana

kariřım ve 0.056 µl primer kariřımı kullanılmıřtır. PCR-KASP dngs olarak ilk nce 15 dakika boyunca 95°C'de, ardından on dng (20 saniye iin 95°C, bařlangıta 65°C'de ve her dngde yapıřma sıcaklıęı 1°C dřrlmř ve sre 25 saniye olarak ayarlanmıřtır), daha sonra 30 dng (10 saniye sreyle 95°C; 60 saniye sreyle 57°C) yapılmıřtır. Elde edilen PCR rnlerinin uzunluęu yaklařık olarak 120 baz uzunluęu olmuřtur. PCR analizleri gerek zamanlı BioRad®, CFX-96 sisteminde gerekleřtirilmiřtir.



Çizelge 3.2. Çalışmada kullanılan KASP primerlerin gen bölgesi, primer ismi ve sekansları

Gen	Primer İsmi	FAM primer	HEX primer	Ortak primer
<i>Rht-B1</i>	<i>Rht-B1_SNP</i>	CCCATGGCCATCTCCAGCTG	CCCATGGCCATCTCCAGCTA	TCGGGTACAAGGTGCGGGCG
<i>Rht-D1</i>	<i>Rht-D1_SNP</i>	CATGGCCATCTCGAGCTGCTC	CATGGCCATCTCGAGCTGCTA	CGGGTACAAGGTGCGCGCC
<i>Lr34</i>	<i>Lr34_TCCIN D</i>	GGTATGCCATTTAACATAATCATGA A	GGTATGCCATTTAACATAATCATGA T	TACTATATGGGAGCATTATTTTT TCC
<i>Sr2</i>	<i>Sr2_ger9 3p</i>	GTGCGAGACATCCAACACTCAC	GTGCGAGACATCCAACACTCAT	CTCAAATGGTCGAGCACAAGCTC TA
<i>Fhb1</i>	<i>UMN10_SN P</i>	GAATTACTCATTTTTAGATTTGTCTA CATACA	GAATTACTCATTTTTAGATTTGTCT ACATACG	GAAGTTCATGCCACGCATATGCTA GTA
<i>GluD 1</i>	<i>Glu-D1d_SNP</i>	ATAGTATGAAACCTGCTGCGGAG	ATAGTATGAAACCTGCTGCGGAC	TACTAAAAAGGTATTACCCAAGT GTAACCT
<i>Sus2</i>	<i>TaSus2-2B_SNP</i>	GCGGTGTCCTTGAGCTTCTCA	GCGGTGTCCTTGAGCTTCTCG	ACTGCTGAGTACAATGCCGCGAT CCCA
<i>Ppd-D1</i>	<i>TaPpdDD00 1</i>	CAAGGAAGTATGAGCAGCGGTT	AAGAGGAAACATGTTGGGGTCC	GCCTCCCCTACACTGGGC
<i>Ppd-D1</i>	<i>TaPpdDI001</i>	TGACTTATACACCCGACGGAG	GAACATGACACACAACCAACGC	TGTTAATTAATTGTACTGGCTCG GTA
<i>Ppd-D1</i>	<i>TaPpdDD00 2</i>	CGAGCAGCTCCCGACG	GGGCGAGCAGCTCCAAC	GGTCTCCAATCAAGGCGGT
<i>Ppd-B1</i>	<i>TaPpdBJ001</i>	CCGTTTTCGCGGCCTT	GACGTTATGAACGCTTGGA	GGGTTCGTCGGGAGCTGT
<i>Ppd-A1</i>	<i>GS100-1027IND</i>	CCAGTATCTTTAGATGCACCATGC	GCCGGCGGCTAAAAGG	CTATACAATGCTAAAGTCGCACAT
<i>Ppd-A1</i>	<i>GS105-1117IND</i>	GGGGACCAAATACCGCTCG	CGTTTGGTGGTGGACGGG	GAAACAGAGGGGTGGTTTGAAT
<i>Vrn-A1</i>	<i>Vrn-A1_9K0001</i>	AGAGTTTTCCAAAAAGATAGATCAA TGTAAT	GAGTTTTCCAAAAAGATAGATCAA TGTAAC	GTTAGTAGTGATGGTCCAATAATG CCAAA
<i>Vrn-A1</i>	<i>Vrn1_new</i>	CAACTCCTTGAGATTCAAAGATTCA AG	GCAACTCCTTGAGATTCAAAGATT AAA	CATCCTGCATCTGCAGGCATCTC

Çizelge 3.2. devamı

<i>Vrn-B1</i>	<i>Vrn-B1_A</i>	GGCAGCTAATGTGGGGTAGTCA	GGCAGCTAATGTGGGGTAGTCT	CACAGGCTTTCCTATCATTCGT
<i>Vrn-D1</i>	<i>Vrn-D1-D1a_A</i>	ATCATTCGAATTGCTAGCTCCGG	ATCATTCGAATTGCTAGCTCCGC	GCCTGAACGCCTAGCCTGTGTA
<i>Glu-A1</i>	<i>Glu-Ax1/x2*_SNP</i>	AAGTGTAACCTCTCCGCAACG	ACCTAAGTGTAACCTCTCCGCAACA	CGAAGAAGCTTGGCCTGGATAGTAT
<i>Glu-A1</i>	<i>Glu-Ax2_IND</i>	ATTCTTGTTGTCCTTGTCCTGGCT	CTTGTTGTCCTTGTCCTGGCC	GGTTTCATACTATCCAGGCCAAGCTT
<i>TaGs3-D1</i>	<i>TaGS-D1</i>	GCCAAGAAATGTCGCTCTCAG	GCCAAGAAATGTCGCTCTCAT	CAAGAATTTTGGGACGGAGGGA
<i>TaSdr-D1</i>	<i>TaSdr-B1</i>	TCAGCAGACTTCGACTCGCA	TCAGCAGACTTCGACTCGCG	AGGATCTCGTTGGCCTTGACG
<i>l-feh-w3</i>	<i>lfeh-w3</i>	CTCCCCCTTCCTTCTGTCC	CTCCCCCTTCCTTCTGTCT	AGGAAGACGGCCCGAGCTTT
<i>Zds-A1</i>	<i>Zds-A1_SNP</i>	CCATGCACTTGGACCTAATAG	CCATGCACTTGGACCTAATAC	AAGCCGACGCGGATTTTGAA
<i>Vp1B1</i>	<i>Vp1B1-193</i>	GGCATCGTCTATCTAGCAACGC	CATATGATGGGAATCCGGGAG	GCGCACTACGAATGCATGCTAC
<i>Vp1B1</i>	<i>Vp1B2-83</i>	CGCTCTTATATTAGTTTACGGAGGGAG	CTCATTTTGATAGCTCTAGCTAA	CTTCTTCCGAAGTGTATCATATG
<i>TaCKX-D1</i>	<i>TaCKX-D1</i>	CGTCGATAGTCTCATGCATATGC	ATGCATGCATGCATGCGT	AACTTTTCACGGTGAACAG
<i>Rht-B1</i>	<i>Rht-B1_197IND</i>	CATGCCCTAACTTGTCTATC	CAGCACGAATATTTACCAAGG	CACGCAAGTACTTGAAATGT
<i>Rht-B1</i>	<i>Rht-B1_160IND</i>	TGTCGTGTGCGTAGCAGCGCTCT	TGGTGGGCTCAGGATTTGTA	AGACAAACTTCGCCATCCAG
<i>TaPHS1-666</i>	<i>PHS1-666</i>	GTGAGTGTTATATGAACTAATGATCATT	GTGAGTGTTATATGAACTAATGATCATT	ACCGGGTGGAACAGATGCAACTAAA
<i>CWI-4A</i>	<i>CWI_4A_1523</i>	TTTATTTAAAATTTGATGAACTTTTACATAAAC	TTTATTTAAAATTTGATGAACTTTTACATAAAC	CATCGAATTGAAGAAAAGTTCACGC
<i>Bx7^{OE}</i>	<i>7OE-866</i>	GTGGAATATTAGTGATGGCGTGAG	GTGGAATATTAGTGATGGCGTGAC	TTCTTCTCTCGTTGGCCTTATCGC
<i>TGW6</i>	<i>TGW6-1050-AL1</i>	CTGCGCTTCACCAACGGTGTTGACGTCG	CTGCGCTTCACCAACGGTGTTGACGTCAC	GTGAAGTAGACTTGACCCGTAAC TTGAT
<i>TaMoc-A</i>	<i>TaMoc-2433</i>	CGGAAAGCTTAGAAATGCACGG	CGGAAAGCTTAGAAATGCACGT	CACCTCTAATCCAATGCGATCC
<i>Dreb</i>	<i>Dreb-B1</i>	CCTGCGCACTTTCTTCTTCCTGT	CTGCGCACTTTCTTCTTCCTGG	TTTACCTTGTGATATGGATTGCTTGAT

3. MATERIAL VE METOD

Ahmet Can DİVİTLİOĞLU

3.3. Verilerin Değerlendirilmesi

Fonksiyonel DNA markörleri kullanılarak elde edilen veriler Excel paket programı kullanılarak analiz edilmiştir.





4. BULGULAR VE TARTIŞMA

4.1. Fonksiyonel DNA Moleküler Markörleri ile Karakterizasyon

Bu çalışmada 54 farklı ticari ekmeklik buğday çeşidi 23 adet fonksiyonel DNA markörü kullanılarak karakterize edilmiş, bazı genlerin allelik durumları belirlenmiştir. Elde edilen sonuçlar kendi içerisinde konu başlıkları altında aşağıda verilmiştir.

4.1.1. Adaptasyon ve Agro-Morfolojik Özellikler

4.1.1.1. Fotoperyot İlişkisi

İncelenen 54 farklı ticari ekmeklik buğday çeşidinde *Ppd-A1*, *Ppd-B1*, *Ppd-D1* lokuslarını kontrol eden 6 adet fonksiyonel DNA markörü kullanılmış ve elde edilen sonuçlar Çizelge 4.1’de verilmiştir.

Çizelge 4.1. 54 adet ekmeklik buğday çeşidinde *Ppd-A1*, *Ppd-B1*, *Ppd-D1* lokuslarının allelik durumları, fenotipi, sayısı ve frekans değerleri

Gen	Lokus	Allel	Fenotip	Sayı	Frekans (%)
<i>Ppd</i>	<i>Ppd-A1</i>	<i>Ppd-A1a</i>	Tepkisiz	43	80
		<i>Ppd-A1b</i>	Duyarlı,	10	18
			GS-105	1	2
<i>Ppd</i>	<i>Ppd-B1</i>	<i>Ppd-B1b</i>	Duyarsız	0	0
		<i>Ppd-B1a</i> (Sonoro)	Tepkisiz	27	50
		<i>Ppd-B1a</i> (Cs-type)	Tepkisiz	25	46
		<i>Ppd-B1a</i> (Cs-trunat)	Tepkisiz	2	4
		Paragon	Er.çiçek.	51	94
		Chayanne (<i>Ppd-B1b</i>)	G. çiçek	3	6
<i>Ppd</i>	<i>Ppd-D1</i>	2kb Del	Duyarlı	23	57
		2kb İns	Tepkisiz	31	43
		Mercia	Duyarlı	48	89
		Wildtype	Duyarsız	6	11
		5 bp Del	Duyarsız	15	28
		Wildtype	Duyarlı	39	72

Çizelge 4.1’de görüldüğü gibi; gün uzunluğuna ilişkili olan *Ppd-A1* allelinin 54 ticari ekmeklik buğday çeşitlerinde dağılımı incelendiğinde, 43 ekmeklik buğday çeşidinde, diğer bir değişle %80’inde tepkisiz *Ppd-A1a* allelinin olduğu, 11 adet ekmeklik buğday çeşidinde (%18) ise *Ppd-A1b* allelinin olduğu belirlenmiştir.

Ppd-B1 lokusu için incelenen 54 adet ekmeklik buğday çeşidinde 2 adet *Ppd-B1a* CS-truncated tip, 25 adet *Ppd-B1a* CS-type tip ve 27 adet *Ppd-B1a* Sonoro tip allelin olduğu saptanmıştır. *Ppd-B1* için bir diğer markör birleşiminde 54 adet ekmeklik buğday çeşitlerinin 51 adedinde erkenci Paragon-type alleli ve 3 adedinde ise geççi Chayenne-type alleli bulunduğu tespit edilmiştir. Bu ticari ekmeklik buğday çeşitlerinde *Ppd-B1a* alleli için; %4 CS-truncated, %46 CS-type ve %50 Sonoro tip frekans dağılımı saptanmıştır. *Ppd-B1b* alleli için, kullanılan çeşitlerin %94 ü erkenci, %6 geççi çiçek açma yapısında frekans dağılımı göstermiştir. İncelenen genotipler içinde *Ppd-B1b* alleli bulunmamıştır.

Ppd-D1 lokusu için incelenen 54 adet ekmeklik buğday çeşidinden 23 adedinin gün ışığına duyarlılık sağlayan 2kb Del alleli, 31 adedinin ise tepkisiz 2kb Ins alleleline sahip olduğu tespit edilmiştir. Bu duruma göre incelenen genotiplerin %43’ünün duyarlı ve %57’sinin tepkisiz olduğu saptanmıştır. 2kb Del lokusu gibi duyarlılık sağlayan Mercia tipi allele sahip çeşitlerin sayısı 48 adet olup 6 adet genotipte duyarsız Wild tip tespit edilmiştir. Bu alleller için ise çeşitlerdeki frekansın %89’u Mercia tipi, %11’i Wild tip olarak tespit edilmiştir. Bu lokusta incelenen bir diğer allel olan gün ışığına tepkisiz 5bp Del 15 adet genotipte, duyarlı olan Wild tip alleli ise 39 adet genotipte saptanmış ve sırasıyla frekans dağılımı da %28 ve %72 olarak saptanmıştır.

Ppd-D1 fotoperiyot tepkisizliğinde en büyük etkiye sahiptir. Bu alleli sırasıyla *Ppd-B1* ve *Ppd-A1* takip etmektedir (Worland ve ark. 1998). Mohler ve ark (2004) fotoperiyota duyarsızlaşmasının özellikle grup 2 kromozomlarında yer alan ve *Ppd-A1*, *Ppd-B1* ve *Ppd-D1* dominant genlerinden oluşan ortolog bir dizi tarafından kontrol edildiğini bildirmişlerdir. İngiltere’de kışlık buğday çeşidi olan

Mercia'ya özel olarak tanımlanan üç fotoperiyot duyarsızlık geni ile, sera koşulları altında hassas genetik analizinde, *Ppd-D1* taşıyan hatların en erkenci, *Ppd-B1* alleli taşıyan genotiplerin ise geçici olduğu, *Ppd-A1* genini taşıyanların ise ikisinin arasında olduğunu bildirilmiştir (Butterworth ve ark., 2001).

Rasheed ve ark (2015), Pakistan orijinli 121 eski buğday çeşidi ve 107 yerel çeşit kullanarak yaptıkları bir araştırmada; son ürün kalitesi, adaptasyon ve verimle ilişkili 31 gen bölgesini incelediklerini, çalışma sonucunda 121 adet eski buğday çeşidinden %89.9 unda fotoperiyota duyarsız *Ppd-D1a* geni bulunduğunu, geri kalan %10.1'inde fotoperiyot duyarlı *Ppd-D1b* alleli bulunduğunu, 107 yerel çeşitten de %12.1'inde fotoperiyot duyarsız *Ppd-D1a* geni ve geri kalanın ise (%87.9) fotoperiyota duyarlı *Ppd-D1b* alleli taşıdığının saptandığını rapor etmişlerdir.

4.1.1.2. Vernalizasyon Genleri

İncelenen 54 farklı ticari ekmeklik buğday çeşidinde vernalizasyon genlerinin allelik durumu 4 adet fonksiyonel DNA markörü kullanılarak incelenmiş ve elde edilen sonuçlar Çizelge 4.2'de verilmiştir.

Çizelge 4.2. 54 adet ekmeklik buğday çeşidinde vernalizasyon genlerinin allelik durumları, fenotipi, sayısı ve frekans değerleri

Gen	Lokus	Allel	Fenotip	Sayı	Frekans (%)
<i>VRN1</i>	<i>Vrn-A1</i>	<i>Vrn-A1 (1X)</i>	Yazlık tip	24	44
		<i>vrn-A1 (3X)</i>	Kışlık tip	30	56
		Jagger type	Kısa vernalizasyon	30	56
		2147 type	Uzun vernalizasyon	24	44
	<i>Vrn-B1</i>	<i>vrn-B1</i>	Kışlık	1	2
		<i>Vrn-B1a</i>	Yazlık	53	98
	<i>Vrn-D1</i>	<i>Vrn-D1a</i>	Yazlık	53	98
		<i>vrn-D1</i>	Kışlık	1	2

Çizelge 4.2’de görüldüğü üzere 54 ticari ekmeklik buğday çeşidinde *Vrn-A1* lokusu incelendiğinde, 24 adet genotipin (%44) *Vrn-A1* alleli taşıdığı ve bundan dolayı yazlık olduğu, 30 adet genotipin (%56) ise *vrn-A1* alleli taşıdığı ve bundan dolayı kışlık olduğu tespit edilmiştir. Aynı lokus bölgesi farklı bir fonksiyonel DNA markörü ile analiz edildiğinde incelenen 30 genotipin (%56) jagger tipine (kısa vernalizasyon ihtiyacı), 24 genotipin (%44) ise 2147 (uzun Vernalizasyon ihtiyacı) tipine sahip olduğu belirlenmiştir.

Vrn-B1 lokus bölgesi incelendiğinde, kışlık resesif *vrn-B1* ve yazlık *Vrn-B1a* allellerine sahip çeşitlerin sayılarının sırasıyla 1 ve 53 olduğu, frekanslarının ise sırasıyla %2 ile %98 bulunduğu saptanmıştır.

Vrn-D1 lokus bölgesi incelendiğinde, dominant *Vrn-D1a* yazlık alleli taşıyan çeşitlerin sayısının *Vrn-B1* lokus bölgesi ile benzerlik gösterdiği, *Vrn-D1a* alleli taşıyan genotip sayısının 53 olduğu diğer bir değişle incelenen genotiplerin %98’inde yazlık allel bulunduğu, sadece bir genotipin (%2) kışlık resesif *vrn-D1* allelini taşıdığı saptanmıştır.

Vernalizasyon ihtiyacının engellenmesinde en geniş etkiye *Vrn-A1*’in sahip olduğu ve bu geni *Vrn-D1* ve *Vrn-B1* genlerinin takip ettiği rapor edilmiştir (Goncharov, 2004).

Rasheed ve ark. (2015) Pakistan’ın yerel çeşitlerini kullanarak yaptıkları bir araştırmada, inceledikleri yerel çeşitlerden hiçbirisinin *Vrn-A1* alleleline sahip olmadığını, *Vrn-D1a* allelinin frekansının ise %40 olduğunu bildirmişlerdir. Aynı çalışmada kullanılan eski ticari çeşitlerde ise *Vrn-A1* allel frekans değerinin %44.6 olduğu belirtilmiştir.

Farklı ülkelerde yapılan çalışmalarda *Vrn-A1* lokusunun dağılımı detaylı incelenmiştir. Örneğin, Stelmakh (1988), incelediği buğday genotiplerinin %25’inin, Zhang ve ark. (2008) Çin orijinli genotiplerin %44.2’sinin, Fu ve ark. (2005) Arjantin ve Kaliforniya buğday çeşitlerinin %56’sının, Iqbal ve ark. (2007) Kanada yazlık buğday çeşitlerinin %85’inin, Iqbal ve ark. (2011) Pakistan çeşitlerinin % 36’sının, Santra ve ark. (2009) Pasifik Kuzey Batı Amerika

bölgesindeki yetiştirilen buğday çeşitlerinin %83'ünün ve Leonova ve ark. (2003) Rusya modern çeşitlerin %98'inin *Vrn-A1* lokusuna sahip olduğunu bildirmişlerdir.

Rasheed ve ark (2016), Çin orijinli 300 buğday çeşidi ve farklı ülkelerden elde ettikleri 13 buğday çeşidi kullanarak yaptıkları çalışmalarında, inceledikleri genotiplerin %2.7'sinin *Vrn-A1*, %96.3'ünün ise *vrn-A1* alleli taşıdığını bildirmişlerdir. Aynı çalışmada incelenen genotiplerin %19.9'unun Jagger-tipine ve %80.1'inin ise 2174-tipine sahip olduğunu saptamıştır. Aynı çalışmada *Vrn-B1* geni için incelenen genotiplerin %89.6'sının *vrn-B1* alleli, %6.3'ünün *Vrn-B1a* alleli ve %4.1'inin ise *Vrn-B1b* alleli taşıdığını belirtmişlerdir. Ayrıca *Vrn-D1* geni için de yaptıkları çalışma sonucunda incelenen genotiplerin %64.2'sinde *vrn-D1* alleli ve %35.8'inde *Vrn-D1* alleli saptandığını bildirmişlerdir.

Buğday yetiştirme döneminin uzun olduğu Asya, Japonya ve Çin gibi subtropik bölgelerde yapılan araştırmalarda *Vrn-D1* allelinin buğday genotiplerinde yüksek oranda bulunduğu bildirilmiştir (Gotoh, 1979; Stelmakh, 1990). Fu ve ark. (2005) Arjantin ve Kaliforniya buğday çeşitlerinde bu allel için %48.5, Iqbal ve ark. (2007) yaptıkları çalışmalarda Kanada yazlık buğday çeşitlerinde bu allele rastlamamışlardır. Santra ve ark. (2009) Pasifik Kuzey Batı Amerika bölgesinde yetiştirilen buğday çeşitlerinde bu allelin incelenen genotipler içinde %31.4 oranında bulunduğunu bildirmişlerdir. Türkiye, Hindistan, Rusya ve komşu bölgelerdeki buğday çeşitlerinde yapılan çalışmada bu allelin incelenen genotiplerdeki frekansının sırasıyla %27.1, %70 ve %1 olduğu tespit edilmiştir (Andeden ve ark. 2011).

4.1.2. Bitki Boyu Genleri

İncelenen 54 farklı ticari ekmeklik buğday çeşidinde cücelik genlerinin allelik durumu 3 adet fonksiyonel DNA markörü kullanılarak incelenmiş ve elde edilen sonuçlar Çizelge 4.3'de verilmiştir.

Çizelge 4.3. 54 adet ekmeklik buğday çeşidinde cücelik genlerinin allelik durumları fenotipi, sayısı ve frekans değerleri

Gen	Lokus	Allel	Fenotip	Sayı	Frekans (%)
<i>Rht</i>	<i>Rht-B1</i>	<i>Rht-B1a</i>	Uzun Boy	28	52
		<i>Rht-B1b</i>	Kısa Boy	21	39
		<i>Rht-B1a</i> +160bp	Kısa Boy	4	7
		<i>Rht-B1a</i> +197bp	Kısa Boy	1	2
	<i>Rht-D1</i>	<i>Rht-D1a</i>	Uzun Boy	48	89
		<i>Rht-D1b</i>	Kısa Boy	6	11

Çizelge 4.3’de görüldüğü gibi *Rht-B1* lokusunda kısa boylulukla ilgili 4 allel tespit edilmiştir. *Rht-B1* lokusu bakımından incelenen 54 adet ekmeklik buğday genotipinin 28 adedinin, diğer bir ifade ile %52’sinin *Rht-B1a* alleleline, 21 adedinin (%39) *Rht-B1b* alleleline, 4 adedinin *Rht-B1a*+160bp alleleline ve 1 adedinin ise *Rht-B1a*+197bp sahip olduğu belirlenmiştir.

Rht-B1 lokusu incelendiğinde çeşitlerin %52’sinin uzun boylu, %48’sinin ise kısa boylu olduğu belirlenmiştir.

Ezici (2019), yaptığı çalışmada kısa boylulukla ilgili *Rht* geni için 6 allel tespit ettiğini, *Rht-B1a* allel frekansının %40.3, kısa boylulukla ilgili diğer allelerin toplam frekansının ise %59.7 olduğunu rapor etmiştir.

Kısa boylulukla ilişkili *Rht-B1b* ve *Rht-D1b* allellere sahip kısa boylu çeşitler yeşil devrimden sonra yoğun olarak buğday ıslah programlarında kullanılmaya başlanılmıştır (Worland ve ark. 1998). Yeşil devrimin ardından CIMMYT tarafında geliştirilen Sonora 64 çeşidi *Rht-B1b* alleleline sahip olup dünyadaki buğday ıslah programlarında kullanılmaya başlanılmıştır. Rasheed ve ark. (2015), yaptıkları bir çalışmada, *Rht-B1b* ve *Rht-D1b* allellerini eski ve modern buğday çeşitlerinde karşılaştırmış, *Rht-B1b* ve *Rht-D1b* allellerinin frekanslarının eski çeşitlerde daha yüksek olduğunu rapor etmişlerdir. Bu çalışma sonuçları CIMMYT (Liang ve ark. 2009), Çin (Zhang ve ark. 2006), Avustralya

(Eagles ve ark. 2009), Birleşik Amerika (Guedira ve ark. 2010), Almanya (Knopf ve ark. 2008), Türkiye (Yediay ve ark. 2011) ve Rusya'daki (Divashuk ve ark. 2013) buğday çeşitleri ile yapılan çalışmalarla uyum içerisinde. Özellikle bu durum, yeşil devrim sonrasında, dünyanın genelinde cücelik genlerinin allelik durumlarında ciddi bir değişimin olduğunu bize göstermiştir.

Rasheed ve ark (2016), Çin orijinli 300 buğday çeşidi ile farklı ülkelere temin edilen 13 buğday genotipinde cücelik genlerinin allelik durumlarını araştırdıkları çalışmalarında, inceledikleri buğday genotiplerinin *Rht-B1* lokusu için %46.4'ünün *Rht-B1a* allelini, %4.4'ünün *Rht-B1a-160* allelini, %12.2'sinin *Rht-B1a-197* allelini ve %36.9'unun ise *Rht-B1b* allelini taşıdığını rapor etmişlerdir. Aynı çalışmada *Rht-D1* lokusu için incelenen genotiplerin %61.4'inin *Rht-D1a* ve %38.6'sının ise *Rht-D1b* alleleline sahip olduğunu rapor etmişlerdir.

Rasheed ve ark (2015), Pakistan orijinli 121 adet eski buğday çeşidi ve 107 adet yerel çeşitte cücelik genlerinin dağılımını araştırdıkları çalışmada, incelenen 121 adet eski buğday çeşidinin %32.2 sinde uzun bitki boyu ile ilişkili *Rht-B1a* alleli, %67.8'sinde kısa bitki boyu ile ilişkili *Rht-B1b* alleli olduğunu tespit etmişlerdir.

4.1.3. 1000 Dane Ağırlığı

İncelenen 54 farklı ticari ekmeklik buğday çeşidinde 1000 dane ağırlığını kontrol eden 3 gen bölgesi allelik durumu (*Sus*, *GS* (dane boyutu) ve *GW* (dane ağırlığı)) 3 adet fonksiyonel DNA markörü kullanılarak incelenmiş ve elde edilen sonuçlar Çizelge 4.4'de verilmiştir.

Sukroz sentetaz (*Sus*) gen bölgesinin dane ağırlığını olumlu/olumsuz etkilediği birçok araştırmacı tarafından bildirilmiştir. *TaSus2-2B* lokusundaki *Hap-L* ve *Hap-H* yüksek bin dane ağırlığı ile ilgili olup sırasıyla düşük bin dane ağırlığı ve yüksek bin dane ağırlığı olarak isimlendirilmiştir.

Çizelge 4.4. 54 adet ekmeklik buğday çeşidinde 1000 dane ağırlığını kontrol eden genlerinin allelik durumları, fenotipi, sayısı ve frekans değerleri

Gen	Lokus	Allel	Fenotip	Sayı	Frekans (%)
<i>Sus</i>	TaSus2-2B	Hap-L	Düşük BDA	42	77
		Hap-H	Yüksek BDA	12	23
<i>GS</i>	TaGS3-D1	TaGS-D1a	Yüksek BDA	33	61
		TaGS-D1b	Düşük BDA	20	37
		NA	NA	1	2
<i>GW</i>	TGW6-2A	TaTGW6-A1a	Yüksek BDA	43	80
		TaTGW6-A1b	Düşük BDA	11	20

Jiang ve ark. (2011), modern buğday çeşitlerinde *TaSus2-2B* lokus bölgesindeki iki haplotipin bulunmakta olduğunu, “*Hap-H*”ve “*Hap-L*” haplotiplerinin bin dane ağırlığı ile önemli derecede ilişkili olduğunu, özellikle *Hap-H* allelinin bin dane ağırlığı üzerinde oldukça pozitif etki sağladığını bildirmişlerdir. Bu çalışmada incelenen ticari ekmeklik buğday çeşitlerinin bu alleler bakımından durumu incelendiğinde, incelenen genotipleri 47 adedinin (%77) *Hap-L*, 14 adedinin (%23) ise *Hap-H* allelini taşıdığı tesbit edilmiştir.

Rasheed ve ark (2016), Çin orijinli 300 çeşit ve farklı ülkelerden temin edilen 13 buğday çeşidinde yaptıkları çalışmalarında bin tane ağırlığı ile ilişkili *TaSus2-2b* geni için incelenen genotiplerin %42.4’inin *Hap-H* ve %57.6’sının *Hap-L* alleli taşıdığını rapor etmişlerdir. Rasheed ve ark (2015), yaptıkları bir çalışmada inceledikleri eski buğday çeşitlerinin %64.5’inde düşük bin tane ağırlığı ile ilişkili *Hap-L* alleli olduğunu, %35.5’sinde ise yüksek bin tane ağırlığı ile ilişkili *Hap-H* alleli bulduklarını bildirmişlerdir. Ayrıca aynı çalışmada yerel çeşitlerde ise bu oranının %95.3 *Hap-L* ve %4.7 *Hap-H* olduğunu rapor etmişlerdir.

Ekmeklik buğdaylarda dane ağırlığını ve boyutu ile ilişkili diğer bir lokus *TaGS3-D1*’dir. Bu lokusun 54 genotipte allelik dağılımı incelendiğinde 33 adedinin (%61) *TaGS3-D1a* alleli taşıdığı, 20 adedinin (%37) ise *TaGS3-D1b* allelini taşıdığı tesbit edilmişken, genotiplerden biri olan Topbaş’tan (%2) bu allel için

PCR ürünü alınamamıştır. Yüksek bin dane ağırlığı ile ilgili minör etkili lokus olan *TGW6-2A* lokusunda bulunan ve yüksek bin dane ağırlığı için yapılan analizde, incelenen genotiplerin 41 adedinin (%80) *TaTGW6-A1a* allelini, 11 adedinin (%16.9) ise *TaTGW6-A1b* allelini taşıdığı saptanmıştır.

242 adet ekmeklik buğday çeşidi kullanılarak Çin’de yapılan bir çalışmada, *TaTGW6-A1a* allel frekansının %79.8, *TaTGW6-A1b* allel frekansını ise %16.9 olduğu bildirmişlerdir (Hanif ve ark. 2016). Rasheed ve ark (2016), Çin orijinli 300 çeşit ve farklı ülkelerden temin edilen 13 buğday çeşidinden yaptıkları çalışmalarında, bin tane ağırlığı ile ilişkili olan *TaGS-D1* lokusu için incelenen genotiplerin %71.6’sının *TaGS-D1a* ve %28.4’ünün ise *TaGS-D1b* alleli taşıdığını bildirmişlerdir. Rasheed ve ark (2015), Pakistan orijinli 121 eski buğday çeşidinde ve 107 yerel buğday genotipinde *TaGS-D1* lokusu için yaptıkları çalışmada, eski buğday çeşitlerinde yüksek bin tane ağırlığı ile ilişkili olan *TaGS-D1a* frekansının %56.3 ve düşük bin tane ağırlığı ile ilişkili *TaGS-D1b* frekansının ise %43.7 olduğunu, yerel buğday genotipleri için bu oranın sırasıyla %14 ve %86 olduğunu rapor etmişlerdir. Rasheed ve ark (2016), Çin orijinli 300 çeşit ve farklı ülkelerden temin edilmiş 13 ekmek buğday çeşidinde *TaTGW6-3A* lokusunun allellik durumunu inceledikleri çalışmada, analiz edilen genotiplerin %74.7’sinin *TaTGW6-A1a* ve %25.2’sinin *TaTGW6-A1b* alleli taşıdığını rapor etmişlerdir.

4.2. Kuraklığa Dayanıklılık ve Başakta Çimlenme ile İlgili Lokuslar

4.2.1. Kuraklığa Dayanıklılıkla İlgili Lokuslar

54 farklı ticari ekmeklik buğday popülasyonunda kuraklıkla ilişkili 4 farklı gen bölgesinin allellik durumları, fenotipi, sayısı ve frekans değerleri Çizelge 4.5’de verilmiştir.

Çizelge 4.5. 54 farklı ticari ekmeklik buğday çeşidinde kuraklık ile ilişkili 4 farklı gen bölgesinin allellik durumları, fenotipi, sayısı ve frekans değerleri

Gen	Lokus	Allel	Fenotip	Sayı	Frekans (%)
CWI	<i>CWI-4A</i>	Hap-4A-C	Kuraklıkta Yüksek Verim	15	28
		Hap-4A-T	Kuraklıkta Düşük Verim	39	72
feh	<i>1-feh-w3</i>	Kauz type	Kuraklıkta Yüksek Dayanım	34	63
		Westonia type	Kuraklıkta Düşük Dayanım	20	37
MOC	<i>TaMoc-A1</i>	Hap-H	Kuraklıkta Yüksek Verim	1	2
		Hap-L	Kuraklıkta Düşük Verim	53	98
Dreb	<i>Dreb-B1</i>	TaDREB-B1a	Dayanıklı	25	46
		TaDREB-B1b	Hassas	29	54

CWI (hücre duvarı invertaz) gen bölgesinin, iklim koşullarının kurak geçtiğinde kuraklılığa dayanıklılık dolayısıyla dane verimini pozitif etkileyen ve kuraklıkta yüksek verimle alakalı bir gen olduğu birçok araştırmacı tarafından rapor edilmiştir. Bu genin allelik durumu 54 adet ekmeklik buğday çeşidinde incelendiğinde, 15 adet genotipin (%28) kuraklıkta yüksek verim ile ilişkili *Hap-4A-C* allelini taşıdı, 39 adedinin (%72) ise düşük verimle ilişkili *Hap-4A-T* allelini bulundurduğu tesbit edilmiştir.

1-feh-w3 (fructan exohydrolases) gen bölgesinin, kuraklık stress koşullarında yüksek ifade edilen gen/genlerin enzim aktivitesini artırarak daneye suda çözünabilir karbonhidrat taşınmasını teşvik ettiği, bu sayede danenin kurak koşullarda zayıf kalmamasına zemin hazırladığı Zhang ve ark. (2014a) tarafından rapor edilmiştir. Bu gen lokusu 54 adet ekmeklik buğday genotipinde incelendiğinde, 34 adedinin (%63) kurağa dayanım sağlayan ve verimi artırma potansiyeli sağlayan Kauz tipine sahip olduğu, 20 adedinin (%37) ise kurağa dayanımı düşük olan Westonia tipi alleli taşıdığı tesbit edilmiştir.

Kuraklık şartlarında yüksek verim ile ilgili olan ve başakta dane sayısını pozitif etkileyen *TaMoC-A1* (MONOCULM 1) lokusunun allelik durumu 54

ekmeklik buğday çeşidinde incelendiğinde, incelenen 53 çeşidin (%98) düşük verimle ilgili olan Hap-L'ni taşıdığı, 1 çeşidin (%2) ise yüksek verimle ilgili Hap-H alleleline sahip olduğu saptanmıştır.

Dreb (Dehydration-responsive element binding) gen bölgesinin kuraklılığa dayanım ile ilişkili olduğu birçok araştırmacı tarafından rapor edilmiştir. *Dreb-B1* lokusunun allelik durumu 54 adet ekmeklik buğday çeşidinde incelendiğinde, 25 adedinin (%46) *TaDREB-B1a* alleleline, 29 adedinin (%54) ise kuraklığa karşı hassas *TaDREB-B1b* alleleline sahip olduğu saptanmıştır.

Gao ve ark. (2015) Çin'de 201 adet ekmeklik buğday çeşidi kullanarak yaptıkları bir çalışmada, incelenen 201 buğday çeşidinin 47 tanesinde kuraklığa hassaslık ile ilişkisi bilinen *TaDREB-B1b* alleli bulunduğunu bildirmişlerdir.

Rasheed ve ark (2016), Çin orijinli 300 çeşit ve farklı ülkelerden temin edilen 13 buğday çeşidinde *Dreb-B1* lokusunun allelik dağılımını inceledikleri çalışmalarında, *TaDREB-B1a* allelinin frekansının %60.7, *TaDREB-B1b* allelinin frekansının ise %39.3 olduğunu, aynı şekilde *1-few w3* lokusu için incelenen genotiplerin %58.5'inin Westonia-tipi, %41.5'inin ise Kauz-tipi olduğunu rapor etmişlerdir.

Rasheed ve ark (2016), Çin orijinli 300 çeşit ve farklı ülkelerden temin edilen 13 buğday çeşidinden *TaMoC-A1* (MONOCULM 1) lokusunun allelik durumunu araştırdıkları çalışmalarında, incelenen genotiplerin %10.1'inin Hap-H ve % 89.9'unun Hap-L allelini taşıdığını bildirmişlerdir. Aynı şekilde *Cwi-4A* lokusu için yapmış oldukları analizlerde ise incelenen genotiplerin %71.9'inin Hap-4A-C allelini, %28.1'inin ise Hap-4A-T allelini taşıdığını saptamışlardır.

4.2.2. Başakta Çimlenme

54 farklı ticari ekmeklik buğday çeşidinde başakta çimlenme ile ilişkili 3 farklı gen bölgesinin allelik durumları, fenotipi, sayısı ve frekans değerleri Çizelge 4.6'da verilmiştir.

Çizelge 4.6. 54 farklı ticari ekmeklik buğday çeşidinde kuraklık ile ilişkili 3 farklı gen bölgesinin allellik durumları, fenotipi, sayısı ve frekans değerleri

Gen	Lokus	Allel	Fenotip	Sayı	Frekans (%)
Vp1	<i>Vp1B1</i>	Vp1-B1a	PHS hassas	19	35
		Vp1-B1b	-	1	2
		Vp1-B1c	PHS dayanıklı	34	63
SDR	<i>TaSdr-B1</i>	TaSdr-B1a	Düşük çimlenme	5	9
		TaSdr-B1b	Yüksek çimlenme	49	91
PHS	<i>TaPHS1-gen</i>	Rio Blanco Type	PHS dayanıklı	43	80
		NW97S186 Type	PHS hassas	11	20

Başakta çimlenmenin genetik mekanizmasını anlamak için birçok araştırma yapılmıştır. Özellikle, Zhang ve ark. (2009) yapmış oldukları çalışmada, *Vp1-B1* (Viviparous-1) gen bölgesinin başakta çimlenme üzerine etkisi olduğu, bu gen bölgesi için 4 farklı allelin bulunduğunu, bunların *Vp1-B1a*, *Vp1-B1b*, *Vp1-B1c* ve *Vp1-B1e* olarak adlandırıldığını, *Vp1-B1a* alleleline sahip çeşitlerin başakta çimlenmeye diğer allellere göre daha dayanıklı olduğunu, diğer allellerin de farklı oranlarda başakta çimlenmeyi azalttığını, etki derecesinin yüksekten aza doğru *Vp1-B1b*, *Vp1-B1c* ve *Vp1-B1e* olarak belirlendiğini rapor etmişlerdir.

Bu çalışmada 54 ekmeklik buğday genotipinin *Vp1B1* lokusu bakımından allelic durumu incelendiğinde, incelenen 54 genotipin, 19 adedinin (%35) *Vp1-B1a* allelini, 1 adedinin (%2) *Vp1-B1b* allelini, 34 tanesinin (%63) ise *Vp1-B1c* allelini taşıdığı belirlenmiştir.

54 adet ekmeklik buğday çeşidinin *TaSdr-B1* lokusundaki allelic durumu araştırıldığında incelenen 54 adet ekmeklik buğday çeşidinin 5 adedinin (%9) *TaSdr-B1a* allelini, 49 adedinin (91) ise *TaSdr-B1b* allelini taşıdığı saptanmıştır.

Hasat öncesi başakta danenin çimlenmesi ile ilgili olan *TaPHS1* lokusundaki allelic durum 54 ekmeklik buğday çeşidinde incelendiğinde, 43 adet (%80) ekmeklik buğday çeşidinin başakta çimlenmeye dayanıklılık sağlayan

RioBlanceo tipine, 11 adedinin ise (%20) başakta çimlenmeye hassaslığı kontrol eden NW97S186 alleleline sahip olduğu belirlenmiştir.

Zhang ve ark. (2014b), 144 adet ekmeklik buğday çeşidi kullanarak TaSdr-B1 lokusunun allelic durumunu inceledikleri araştırmalarında, incelenen 144 adet çeşitten 29 adedinin (%20.1) *TaSdr-A1a* alleli taşıdığını, bunların 24'ünün yerel çeşitler 5'ini ise mevcut çeşitler olduğunu bildirmişlerdir.

Rasheed ve ark (2016), Çin orijinli 300 çeşit ve farklı ülkelerden toplanmış olan 13 buğday çeşidinde *TaPHS1* gen bölgesinin allelik durumunu araştırdığı çalışmada, incelenen genotiplerin %75.8'inin RioBlanceo tipine, %24.2'sinin ise NW97S186 tip alleleline sahip olduğunu, Vp1B1 lokusu için % 40.5'inin *TaVp-1Ba* alleleline, %1.3 ise *TaVp-1Bb* sahip olduğunu, TaSdr-B1 lokusu için ise %33.4'sinin *TaSdr-B1a* alleleline, %66.6'sının ise *TaSdr-B1b* allelini taşıdığını göstermişlerdir.

4.3. Hastalıklara Dayanıklılıkla İlgili Lokuslar

54 farklı ticari ekmeklik buğday çeşidinde kahverengi pas, *Fusarium* başak yanıklığı ve kara pasa ile ilişkili gen bölgelerinin allelik durumları, fenotipi, sayısı ve frekans değerleri Çizelge 4.7'de verilmiştir.

Çizelge 4.7. 54 farklı ticari ekmeklik buğday çeşidinde kahverengi pas, fusarium başak yanıklığı ve kara pasa ile ilişkili 3 farklı gen bölgesinin allelik durumları, fenotipi, sayısı ve frekans değerleri

Gen	Lokus	Allel	Fenotip	Sayı	Frekans (%)
Lr	Lr34	Lr34+	Dayanıklı	12	22
		Lr34-	Hassas	42	78
	Lr46	Lr46+	Dayanıklı	28	52
		Lr46-	Hassas	26	48
Sr	Sr2	Sr2+	Dayanıklı	0	0
		Sr2-	Hassas	52	96
Fhb	Fhb1	Fhb1+	Dayanıklı	1	2
		Fhb1-	Hassas	53	98

Çizelge 4.7 incelendiğinde incelenen 54 ekmeklik buğday çeşidinin çoğunlukla incelenen hastalığa dayanıklılık genlerini taşımadığı belirlenmiştir. Kara pasa dayanıklılığı sağlayan Sr2 genin durumu incelendiğinde, incelenen 52 çeşitte bu dayanıklılık genini taşımadığı, Yayla_305 ve Ayyıldız genotiplerinde ise PCR ürünü alınamadığı tesbit edilmiştir. Aynı şekilde, incelenen ekmeklik buğday çeşitleri içerisinde Fhb1 gen bölgesi incelendiğinde, sadece bir adet ekmeklik buğday çeşidinin Fusarium başak yanıklığına karşı dayanıklılığı sağlayan Fhb1+ allelini taşıdığı saptanmıştır. Fusarium başak yanıklığı için sadece C59311 çeşidinde dayanıklılık tespit edilmiştir. Özellikle bu çeşidin melezleme ıslahında bu gen bölgesini elit hatlara aktarmak için kullanılabileceği sonucuna varılmıştır.

Özellikle bu bölgenin izlenmesinde Marköre Dayalı Seleksiyon Islahının kullanılmasının uygun olduğu sonucuna varılmıştır. Kahverengi pasa dayanıklılık bakımından Lr34 ve Lr46 lokusunun allelik durumu incelendiğinde, 12 çeşidin (%22) Lr34+ dayanıklılık allelini taşıdığı, 28 çeşidin (%52) ise Lr46+ dayanıklılık alleleline sahip olduğu belirlenmiştir.

Wu ve ark. (2015), Çin yerel buğday popülasyonlarında yaptıkları çalışmada, popülasyonu *Lr34/Yr18/Pm38* fonksiyonel markörleri ile taramışlar ve incelenen genotiplerin %82.1'inin *Lr34/Yr18/Pm38* alleli taşıdığını tespit etmişlerdir.

Lillemo ve ark (2013), Avocet (Dayanıklı) X Saar melezlerinden elde edilen 114 rekombinant hattını Lr34 ve L46 lokusları bakımından incelemişler ve incelenen 114 genotipin 63 adedinin (%55) bu allellerin her ikisini de içerdiğini rapor etmişlerdir. Rasheed ve ark (2016), Çin orijinli 300 çeşit ve farklı ülkelere temin edilmiş 13 buğday çeşidini *Sr2* ve *Fhb1* lokusları bakımından analiz etmişler ve incelenen 313 adet buğday genotipinden 105 adedinin *Sr2+* allelini, 29 çeşitte ise *Fhb1+* alleli taşıdığını bildirmiştir.

4.4. Kalite ile İlgili Lokuslardaki Allelik Sayı ve Frekanslar Dağılımı

Özellikle buğday bitkisinde son ürün olan un ve unlu ürünlerin kalitesini etkileyen bu gen bölgelerinin incelenmesi önem arz etmektedir. Buğday ıslahçısı bitkinin verim ve hastalık özellikleri haricinde son ürün tüketimini de düşünmelidir. 54 farklı ticari ekmeklik buğday çeşidinde gluten kalitesini ve ekmeklik buğday un kalitesini kontrol eden bazı gen bölgelerinin (*Glu-A1*, *Glu-B1*, *Glu-D1*) allelik durumları fenotipi, sayısı ve frekans değerleri Çizelge 4.8’de verilmiştir.

Çizelge 4.8. 54 farklı ticari ekmeklik buğday çeşidinde gluten kalitesini (*Glu-A1*, *Glu-B1*, *Glu-D1*) kontrol eden bazı gen bölgelerinin allelik durumları, fenotipi, sayısı ve frekans değerleri

Gen	Lokus	Allel	Fenotip	Sayı	Frekans (%)
<i>Glu</i>	Glu-A1	Null	Düşük Gluten	33	61
		1 ve 2*	Yüksek Gluten	21	39
	Glu-B1	Bx7OE+	Yüksek Gluten	5	9
		Bx7OE-	Düşük Gluten	49	91
	Glu-D1	5+10	Yüksek Gluten	33	61
		2+12	Düşük Gluten	21	39

Çizelge 4.8’de görüldüğü Glu-A1 lokusu bakımından incelenen 54 ekmeklik buğday çeşidinin 33 adedinde (%61) düşük gluten içeriği oluşmasını

sağlayan “Null” alleli bulunurken, 21 adedinde (%39) yüksek gluten içeriği oluşmasını teşvik eden “1 ve 2*” alleli olduğu belirlenmiştir. Glu-B1 lokusu incelendiğinde ise 5 genotipin (%9) yüksek gluten oluşmasını sağlayan Bx7OE+ allelini taşıdığı, 49 genotipin (%91) ise Bx7OE allelini taşımadığı saptanmıştır. Glu-D1 lokusu incelendiğinde ise 33 genotipin (%61) yüksek gluten içeriğini sağlayan “5+10” allelini, 21 adedinin (%39) ise düşük gluten içeriğini sağlayan “2+12” allelini içerdiği belirlenmiştir.

Ticari buğday çeşitlerinde veya yerel çeşitlerde özellikle yüksek gluten ağırlığı Bx7 alt birimi (*Bx7OE*)’nin yüksek ifade edilmesinin artan hamur direncini desteklediği, bundan dolayı da aralarında pozitif bir korelasyonun olduğu bazı araştırmacılar tarafından rapor edilmiştir (Lukow ve ark. 1992; Marchylo ve ark. 1992; D’Ovidio ve ark. 1997; Lerner ve ark. 2003). Li ve ark. (2014) yaptıkları bir çalışmada, 1590 adet ekmeklik buğday genotipinde poliakrilamid gel elektroforezi, RP-HPLC ve STS markörleri kullanarak *Bx7OE* alt birimini karakterize etmiş, çalışma sonunda sadece 31 adet ekmeklik buğday çeşidinin *Bx7OE* taşıdığını rapor etmişlerdir. Yıldız (2011), 59 ekmeklik buğday çeşidinde *Glu-D1* lokusundaki allelik durumu araştırmış, incelediği ekmeklik buğday çeşitlerinin %35.6’sının “5+10” allelini taşıdığını tesbit etmiştir.

Rasheed ve ark (2015), Pakistan orijinli 121 eski buğday çeşidi ve 107 yerel genotip kullanarak yaptıkları çalışma sonucunda, *Glu-A1* lokusu için “Null” allelinin frekansının eski buğday çeşitlerinde %33.9 yerel çeşitlerde ise %72 olarak bulunduğunu, Ax2* allelinin frekansının eski buğday çeşitlerinde %66.1 yerel çeşitlerde ise %28 olarak saptandığını bildirmişlerdir. Aynı şekilde, *Glu-B1* lokusu için eski buğday çeşitlerinde Bx7^{OE} allelinin frekansının %3.3 yerel çeşitlerde ise %6.5 bulunduğunu rapor etmişlerdir. Bir diğer gluten kalitesi ile ilgili *Glu-D1* lokusunu incelediklerinde, eski çeşitlerin %61.3’ü yerel çeşitlerin ise %9.3’ünün “5+10” alleleline sahip olduğunu bildirmişlerdir. Rasheed ve ark (2016), Çin orijinli 300 çeşit ve farklı ülkelerden temin edilen 13 buğday çeşidinden yaptıkları çalışmalarında *Glu-A1* lokusu için AxNull allelinin frekansını %37.4, Ax1 allelinin

frekansını %46.8 ve Ax2* allelinin frekansını ise %15.8 olarak bulunduklarını, *Glu-B1* geni için incelenen genotiplerin sadece %2.7'sinin Bx7^{OE} allelini taşıdığını, *Glu-D1* lokusu için ise incelenen genotiplerin %69.7'sinin “2+12” alleli, %20.3'ünün ise “5+10” alleli taşıdığını bildirmişlerdir.





5. SONUÇ VE ÖNERİLER

Bu çalışmada, 54 adet ekmeklik buğday çeşidi adaptasyon, kalite, biyotik ve abiyotik stres faktörlerine toleranslılık/dayanıklılık ile ilişkilendirilmiş 63 adet fonksiyonel DNA markörü kullanılarak karakterize edilmiş, her fonksiyonel DNA markörü için allelik durumlar ortaya çıkarılmıştır. Elde edilen sonuçlar maddeler halinde aşağıda özetlenmiştir.

1. Fotoperiyot ile ilişkili gen bölgelerindeki allelik durum incelendiğinde 43 buğday çeşidinin (%80) fotoperiyota tepkisizliğe neden olan *Ppd-A1a* allelini taşıdığı, “*Ppd-D1*” lokusu bakımından incelenen genotiplerin yarı yarıya hem duyarlı hem de hassas alleli taşıdığı, *Ppd-B1* lokusu için erken çiçeklenme sağlayan ‘Paragon’ tipinin incelenen buğday çeşitlerinden 51’inde (%94) bulunduğu belirlenmiştir.
2. İncelenen ekmeklik buğday çeşitlerinde vernalizasyon geni bakımından farklı allellik durumlar gözlemlenmiştir. İncelenen çeşitlerin %44’ünün *Vrn-A1(1X)* yazlık alleli bulundurduğu, %56’sının kışlık *vrn-A1(3X)* kışlık allele sahip olduğu, *Vrn-B1* ve *Vrn-D1* lokusları için ise incelenen genotiplerin %98’inin kışlık alleli taşıdığı saptanmıştır.
3. Ekmeklik buğday çeşitleri arasında uzun bitki boyuna neden olan *Rht-B1a* allel frekansı %52 olarak bulunurken, kısa bitki boyu ilgili diğer allellerin frekansı %48 olarak bulunmuştur. *Rht-D1* lokusunda ise uzun bitki boyu ile ilişkili *Rht-D1a* allelin frekansı (%89) oldukça yüksek bulunmuştur. Kısa bitki boyu ilgili *Rht-D1b* allelinin frekans değeri ise %11 olarak belirlenmiştir.
4. Çeşitler arasında yüksek bin dane ağırlığı ile ilişkili ve bin dane ağırlığını attırmayı sağlayan allel veya haplotiplerin (*Hap-H*, *TaGS-D1a* ve *TaTGW6-A1*) frekans dağılımları sırasıyla %23, %61 ve %80 olarak bulunmuştur. Düşük bin dane ağırlığına neden olan allellerin (*Hap-L*,

TaGS-D1b ve *TaTGW6-A1b*) frekans dağılımları ise sırasıyla %77, %37 ve %20 olarak saptanmıştır.

5. İncelenen ekmeklik buğday çeşitleri arasında *CWI-4A* lokusundaki kurak koşullarda yüksek verimle ilişkili ‘Hap-4A-C’ alleli için frekans değeri %28 olarak, düşük verimle ilişkili ‘Hap-4A-T’ allelinin ise frekans değeri %72 olarak saptanmıştır. *1-feh-W3* lokusunda kurak koşullara dayanıklılık sağlayan ‘Kauz’ tipi allellin frekans değeri incelenen çeşitler arasında %63 olarak bulunmuş, aynı koşullarda düşük dayanıklılığa neden olan ‘Westonia’ tipi allel için frekans değerinin %37 olduğu saptanmıştır. Kurak koşullarda yüksek ve düşük verimle ilgili diğer lokus olan *TaMOC-A1* lokusu için yüksek verim sağlayan *Hap-H* alleli sadece bir çeşitte bulunmuştur. Kuraklığa dayanıklılık sağlayan *Dreb-B1* lokusundaki *TaDREB-B1a* alleli çeşitlerin %46’sında, kuraklığa hassas *TaDREB-B1b* alleli ise çeşitlerin %54’ünde bulunmuştur.
6. Başakta çimlenme için dayanıklılık sağlayan *Vp1-B1c* allelinin incelenen çeşitlerin %63’ünde, bir diğer başakta çimlenmeye dayanıklılık sağlayan ve düşük çimlenme eğilimi gösteren *TaSdr-B1a* alleli ise çeşitlerin %9’unda bulunmuştur. *TaPHS1* lokusunda başakta çimlenmeye dayanıklılığı sağlayan RioBlanco tipi allelin frekansı %80, çimlenmeye hassas NW97S186 tipi allelin frekansı ise %20 olarak saptanmıştır.
7. 54 adet ekmeklik buğday çeşidi kahverengi pas, fusarium başak yanıklığı ve kara pasa dayanıklılığı sağlayan bazı allelleri taşıyıp taşıymasına göre fonksiyonel DNA markörleri ile analiz edilmiştir. Analiz sonucunda, incelenen genotiplerin %22’sinin *Lr34+* allelini taşıdığı, %52’sinin *Lr46+* allelini taşıdığı ve %2’sinin ise *Fhb1+* allelini taşıdığı saptanmıştır. Araştırma sonucunda kara pasa dayanıklılık sağlayan *Sr2+* allelinin hiçbir buğday genotipinde bulunmadığı tespit edilmiştir.
8. 54 farklı ticari ekmeklik buğday çeşidinde gluten kalitesini (*Glu-A1*, *Glu-B1*, *Glu-D1*) kontrol eden bazı gen bölgelerinin allellik durumları

incelenmiş, Glu-A1 lokusunda incelenen genotiplerin %61'inin "null" alleli, %39'unun ise yüksek gluten ile ilişkili "1 ve 2*" allelini taşıdığı belirlenmiştir. *Glu-B1* lokusunda Bx7OE+ allelinin durumu araştırıldığında bu allele çeşitlerin ancak %9'unun sahip olduğu tespit edilmiştir. *Glu-D1* lokusu incelendiğinde ise incelenen çeşitlerin %61'inin "5+10" alleleline sahip olduğu geri kalan %39'un ise "2+12" alleleline sahip olduğu saptanmıştır.

Türkiye ve yabancı orijinli 54 adet ekmeklik buğday çeşidinin fonksiyonel DNA markörleri ile karakterize edilmesi amacıyla yürütülen bu çalışmanın sonuçları; İncelenen ekmeklik buğday çeşitlerinde tespit edilmiş olan allelik durumların, ekmeklik buğday ıslah programlarında, özellikle Marköre Dayalı Seleksiyon yönteminin entegre edilmesi koşulu ile yoğun olarak kullanılabileceğini göstermiştir. İncelenen çeşitlerin buğday melezleme programlarında yoğun olarak kullanılması beklenmektedir. Son yıllarda yapılan bilimsel çalışmalarda daha farklı özellikler için fonksiyonel DNA markörleri geliştirilmiştir. Bu DNA markörlerinin 54 ekmeklik buğday çeşidinde kullanılması ve ileriye dönük bu çeşitler için sadece fonksiyonel DNA markörleri analiz sonuçlarını içeren kütük defterlerinin oluşturulması, buğday ıslah programında yapılacak melezlemelerin daha etkili ve bilinçli yapılmasına vesile olacaktır.



KAYNAKLAR

- Allan, R E.1970. Differentiating Between Norin 10/Brevor 14 Semi-Dwarfing Genes in a Common Genetic Background. *Seiken Ziho*, 22:83:90,
- Altıntaş, S., Toklu, F., Kafkas, S., Kilian, B., Brandolini, A., Özkan, H., 2008. Estimating Genetic Diversity in Durum and Bread Wheat Cultivars from Turkey Using AFLP and SAMPL Markers. *Plant Breeding*, 127(1):9-14.
- Andeden, E., Yediay, F., Baloch, F., Shaaf, S., Kilian, B., Nachit, M., Özkan, H., 2011. Distribution of Vernalization and Photoperiod Genes (*Vrn-A1*, *VrnB1*, *Vrn-D1*, *Vrn-B3*, *Ppd-D1*) in Turkish Bread Wheat Cultivars and Landraces. *Cereal Research Communications*, 39 (3): 352-364.
- Anderson, J. A., 2007. Marker-Assisted Selection For Fusarium Head Blight Resistance in Wheat. *International Journal of Food Microbiology*, 119 (1-2): 51-53.
- Atlı, A., Koçak, N., Aktan, M., 1999. Ülkemiz Çevre Koşullarının Kaliteli Makarnalık Buğday Yetiştirmeye Uygunluk Yönünden Değerlendirilmesi. Orta Anadolu'da Hububat Tarımının Sorunları ve Çözüm Yolları Sempozyumu, 8-11 Haziran, 345-351, Konya.
- Bai, C., Liang, Y., Hawkesford, M. J., 2013. Identification of Qtls Associated with Seedling Root Traits and Their Correlation with Plant Height in Wheat. *Journal of Experimental Botany*, 64(6):1745-1753.
- Balkan, A., 2006. Bazı Ekmeklik Buğday (*Triticum aestivum* L.) Çeşitlerinde Farklı Sıra Arası ve Tohumluk Miktarının Tane Verimi ve Verim Unsurlarına Etkileri. *Tarım Bilimleri Dergisi* 2008, 14(1):29-37.
- Beales, J., Turner, A., Simon, G., John, W. S., David, A. L., 2007. A Pseudo-Response Regulator is Misexpressed in the Photoperiod Insensitive Ppd-D1a Mutant of Wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 115(5):721-733.

- Birleşmiş Milletler, 2019. Department of Economics and Social Affairs News. <https://www.un.org/development/desa/en/news/population/world-population-prospects-2019.html>
- Börner, A., Worland, A.J., Plaschke, J., Schumann, E., Law, C.N., 1993. Pleiotropic Effects of Genes for Reduced Height (*Rht*) and Day-Length Insensitivity (*Ppd*) on Yield and its Components for Wheat Grown in Middle Europe. *Plant Breeding*, 111(3):204-216.
- Börner, A., Plaschke, J., Korzun, V., Worland, A.J., 1996. The Relationships Between the Dwarfing Genes of Wheat and Rye. *Euphytica* 89(1):69-75.
- Braun, H.J., Săulescu, N.N., 2002. Breeding Winter and Facultative Wheat; Global Importance of Winter Wheat. FAO <http://www.fao.org/docrep/006/y4011e/y4011e0f.htm>.
- Briggle, L.W., Curtis, B.C., 1987. Wheat Worldwide. In E.G. Heyne, ed. *Wheat and Wheat Improvement*, :1-32.
- Butterworth, K., Reid, A., Sayers, L., & Worland, A. J., 2001. A Comparison of The Pleiotropic Effects of Photoperiod Insensitive Genes *Ppd-A1*, *Ppd-B1* and *Ppd-D1* in a Mercia Winter Wheat Background. *Ann. Wheat Newsl*, 47, 230-231.
- Chao, S., Sharp, P. J., Worland, A., J., Warham, E. J., Koebner, R.M.D., Gale, M.D., 1989. RFLP-Based Genetic Maps of Wheat Homoeologous Group 7 Chromosomes. *Theoretical Applied Genetics*, 78:495-504.
- Chao, S., Zhang, W., Dubcovsky, J., Sorrells, M., 2007. Evaluation of Genetic Diversity and Genome-wide Linkage Disequilibrium Among U.S. Wheat (*Triticum aestivum* L.) Germplasm Representing Different Market Classes. *Crop Science of America*, 47(3):1018-1030.
- Crosbie, G. B., Solah, V. A., Chiu, P., Lambe, W. J., 1996. Selecting for Improved Colour Stability in Noodles. In *Proc. 46th Aust. Cereal Chem. Conf.* CW Wrigley, ed. Royal Australian Chem. Inst.: North Melbourne, Victoria, Australia (pp. 120-122).

- D'ovidio, R., Anderson, O. D., 1994. PCR Analysis to Distinguish Between Alleles of A Member of A Multigene Family Correlated with Wheat Bread-Making Quality. *Theoretical and Applied Genetics*, 88(6-7):759-763.
- D'ovidio, R., Simeone, M., Masci, S., Porceddu, E., 1997. Molecular Characterization of a LMW-GS Gene Located on Chromosome 1B and the Development of Primers Specific for the Glu-B3 Complex Locus in Durum Wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 95(7):1119-1126.
- Diaz, A., Zikhali, M., Turner, A. S., Isaac, P., Laurie, D. A., 2012. Variation Affecting the Photoperiod-B1 and Vernalization-A1 Genes Is Associated with Altered Flowering Time in Wheat (*Triticum aestivum*). *Plos One* 7(3).
- Dida, M. M., Devos, K. M., 2006. Genome Mapping and Molecular Breeding in Plants Cereals and Millets. C Kole, Berlin: Springer-Verlag:333-343.
- Divashuk, M. G., Bessalova, L. A., Vasilyev, A. V., Fesenko, I. A., Puzyrnaya, O. Y., Karlov, G. I., 2013. Reduced Height Genes and Their Importance in Winter Wheat Cultivars Grown in Southern Russia. *Euphytica*, 190 (1): 137-144.
- Doyle, J. J., Doyle, J. L., 1987. A Rapid Isolation Procedure for Small Quantities of Fresh Leaf Tissue. *Phytochemical Bulletin*, 19:11-15.
- Dubcovsky, J., 2004. Marker-Assisted Selection in Public Breeding Programs: The Wheat Experience. *Crop Science*, 44(6).
- Eagles, H. A., Bariana, H. S., Ogbonnaya, F. C., Rebertzke, G. J., Hollamby, G. J., Henry, R. J., Henschke, P. H., Carter, M., 2001. Implementation of Markers in Australian Wheat Breeding. *Australian Journal of Agricultural Research*, 52(12):1349–1356.
- Eagles, H. A., Cane, K., Vallance, N., 2009. The Flow of Alleles of Important Photoperiod and Vernalisation Genes Through Australian Wheat. *Crop and Pasture Science*, 60 (7): 646-657.

- Ellis, M., Spielmeier, W., Gale, K., Rebetzke, G., Richards, R., 2002. 'Perfect' Markers for the *Rht-B1b* and *Rht-D1b* Dwarfing Genes in Wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 105(6-7):1038-1042.
- Evans, L. T., 1993. *Crop Evolution, Adaptation, and Yield*. Cambridge University Press, Cambridge. 500s.
- Ezici, A. A., 2019. Ekmeklik Buğdayda Bazı Agro Morfolojik ve Kalite Özelliklerine Ait Kantitatif Özellik Bölgelerinin İlişkili Haritalama Metodu ile Belirlenmesi. Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi, Adana.
- FAO, 2017. FAOSTAT, Food and Agriculture Organization of the United Nations, <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>.
- Feldman, M., Sears, E. R., 1981. The Wild Gene Resources of Wheat. *Scientific American*, 244(1):102-113.
- Feng, B., Dong, Z., Xu, Z., An, X., Qin, H., Wu, N., Wang, D., Wang, T., 2010. Molecular Analysis of Lipoxygenase (LOX) Genes in Common Wheat and Phylogenetic Investigation of LOX Proteins from Model and Crop Plants. *Journal of Cereal Science* 52(3):387-394.
- Flood, R. G., Halloran, G. M., 1986. Genetics and Physiology of Vernalization Response in Wheat, *Advances in Agronomy*, 39:87-125.
- Forde, B. G., Kreis, M., Williamson, M. S., Fry, R. P., Pywell, J., Shewry, P. R., Bunce, N., Mifflin, B. J., 1985. Short Tandem Repeats Shared by B- and C-hordein cDNAs Suggest A Common Evolutionary Origin for Two Groups of Cereal Storage Protein Genes. *The EMBO Journal*, 4 (1): 9-15.
- Fu, D., Szűcs, P., Yan, L., Helguera, M., Skinner, J. S., Zitzewitz, J., Hayes, P. M., Dubcovsky, J., 2005. Large Deletions Within the First Intron in VRN-1 Are Associated With Spring Growth Habit in Barley and Wheat. *Molecular Genetics and Genomics*, 273(1):54-65.
- Gale, M. D., Marshall, G. A., 1975. The Nature and Genetic Control of Gibberellin Insensitivity in Dwarf Wheat Grain. *Heredity*, 35:55-65.

- Gale, M. D., Gregory, R. S., 1977. A Rapid Method for Early Generation Selection of Dwarf Genotypes in Wheat. *Euphytica*, 26(3):733-738.
- Gale, M. D., Youssefian, S., 1985. Dwarfing Genes in Wheat, (G. E. Russell editör). *Progress in Plant Breeding-1*, Cambridge, s.1-37.
- Gao, Z., Shi, Z., Zhang, A., Guo, J., 2015. Distribution of Genes Associated with Yield Potential and Water-Saving in Chinese Zone II Wheat Detected by Developed Functional Markers. *Journal of Genetics*, 94(1) : 35-42.
- Goncharov, N. P., 2004. Response to Vernalization in Wheat: Its Quantitative or Qualitative Nature. *Cereal Research Communications*, 323-330.
- Gotoh, T., 1979. Ecological and Genetic Studies on Heading Behavior of Common Wheat. *Bulletin of The Tohoku National Agricultural Experiment Station*, Japan.
- Guedira, M., Brown-Guedira, G., Sanford, D. V., Sneller, C., Souza, E., Marshall, D., 2010. Distribution of Rht Genes in Modern and Historic Winter Wheat Cultivars from The Eastern and Central USA. *Crop Science*, 50 (5): 1811-1822.
- Guo, Z., Song, Y., Zhou, R., Ren, Z., Jia, J., 2010. Discovery, Evaluation and Distribution of Haplotypes of the Wheat *Ppd-D1* Gene. *New phytologist* 185(3):841–851.
- Gupta, R. B., MacRitch, F., 1994. Allelic Variation at Glutenin Subunit and Gliadin loci, *Glu-1*, *Glu-3* and *Gli-1* of Common Wheats. II. Biochemical Basis of the Allelic Effects on Dough Properties. *Journal of Cereal Science*, 19(1):19-29.
- Gupta, P., Balyan, H., Edwards, K., Isaac, P., Korzun, V., Röder, M., Gautier, M. F., Joudrier, P., Schlatter, A., Dubcovsky, J., De la Pena, R., Khairallah, M., Penner, G., Hayden, M., Sharp, P., 2002. Genetic Mapping of 66 New Microsatellite (SSR) Loci in Bread Wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 105(2–3):413–422.

- Gupta, P. K., Mir, R. R., Mohan, A., Kumar, J., 2008. Wheat Genomics: Present Status and Future Prospects. *International Journal of Plant Genomics*, 2008:36.
- Hanif, M., Gao, F., Liu, J., Wen, W., Zhang, Y., Rasheed, A. 2008. *TaTGW6-A1*, an Ortholog of Rice *TGW6*, is Associated With Grain Weight and Yield in Bread Wheat. *Molecular Breeding*, 36:1.
- Hanif, M., Gao, F., Liu, J., Wen, W., Zhang, Y., Rasheed, A., Xia, X., He, Z., Cao, S., 2016. *Tatgw6-A1*, An Ortholog of Rice *TGW6*, is Associated with Grain Weight and Yield in Bread Wheat. *Molecular Breeding*, 36(1):1.
- He, X. Y., He, Z. H., Zhang, L. P., Sun, D. J., Morris, C. F., Fuerst, E. P., Xia, X. C., 2007. Allelic Variation of Polyphenol Oxidase (PPO) Genes Located on Chromosomes 2A and 2D and Development of Functional Markers for The PPO Genes in Common Wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 115(1):47-58.
- He, X. Y., Zhang, L., He, Z. H., Wu, Y. P., Xiao, Y. G., Ma, C. X., Xia, X. C., 2008. Characterization of Phytoene Synthase 1 Gene (Psy1) Located on Common Wheat Chromosome 7A and Development of a Functional Marker. *Theoretical and Applied Genetics*, 116(2) : 213-221.
- Herrera-Foessel, S. A., Sing, R. P., Huerta-Espino, J., Rosewarne, G. M., Periyannan, S. K., Viccars, L., Calvo-Salazar, V., Lan, C. X., Lagudah, E. S., 2012. Lr68: A New Gene Conferring Slow Rusting Resistance to Leaf Rust in Wheat. *Theoret Appl Genet*, 124:1475-1486.
- Hou, J., Jiang, Q., Hao, C., Wang, Y., Zhang, H., Zhang, X., 2014. Global Selection on Sucrose Synthase Haplotypes During a Century of Wheat Breeding. *Plant Physiology*, 164(4):1553-1555.
- Iqbal, M., Navabi, A., Yang, R. C., Salmon, D. F., Spaner, D., 2007. Molecular Characterization of Vernalization Response Genes in Canadian Spring Wheat. *Genome*, 50 (5): 511-516.

- Iqbal, M., Shahzad, A., Ahmed, I., 2011. Allelic Variation at *The Vrn-A1, Vrn-B1, Vrn-D1, Vrn-B3* and *Ppd-D1a* Loci of Pakistani Spring Wheat Cultivars. *Electronic Journal of Biotechnology*, 14 (1): 1-2.
- Ishikawa, G., Nakamura, T., 2007. A New Co-Dominant PCR-Based Marker to Identify The High-Molecular-Weight Glutenin Subunit Combination "5+10" of Common Wheat. *Wheat Information Service*, 103:1-4.
- Jiang, Q., Hou, J., Hao, C., Wang, L., Ge, H., Dong, Y., 2011. The Wheat (*T. aestivum*) Sucrose Synthase 2 Gene (*TaSus2*) Active in Endosperm Development is Associated with Yield Traits. *Functional & Integrative Genomics* 11(1):49-61.
- Jiang, Y., Jiang Q., Hao, C., Hao, J., Wang, L., Zhang, H., 2015. A Yield-Associated Gene *TaCWI*, in Wheat: Its Function, Selection and Evolution in Global Breeding Revealed by Haplotype Analysis. *Theoretical and Applied Genetics*, 128(1):131-143.
- Jin, H., Yan, J., Peña, R. J., Xia, X. C., Morgounov, A., Han, L. M., Zhang, Y., He, Z., 2011. Molecular Detection of High-and Low-Molecular-Weight Glutenin Subunit Genes in Common Wheat Cultivars from 20 Countries Using Allele-Specific Markers. *Crop And Pasture Science*, 62(9): 746-754.
- Kafkas, S., Özkan, H., Ak, B. E., Acar, I., Atlı, H. S., Koyuncu, S., 2006. Detecting DNA Polymorphism and Genetic Diversity in a Wide *Pistachio* Germplasm: Comparison of AFLP, ISSR and RAPD Markers. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 131(4):522–529.
- Kassem, M., El-Ahmed, A., Hakim, S. M., Al-Saleh, A. El-Khalifeh, M., Nachit, M., 2011. Identifying Leaf Rust Resistance Gene Lr19 in Durum Wheat Using Simple Sequence Repeat (SSR) Marker. *African Journal of Biotechnology*, 10(44):8716-8719.

- Kim, K. H., Shin, S. H., Park, S., Park, J. C., Kang, C. S., Park, C. S., 2014. Relationship Between Pre-Harvest Sprouting and Functional Markers Associated with Grain Weight, *TaSus2-2B*, *TaGW2-6A*, and *TaCwi-A1*, in Korean Wheat Cultivars. *Journal of Breeding & Genetics*, 46(2):319-328.
- Kirigwi, F. M., Ginkel, M. V., Brown-Guedira, G., Gill, B. S., Paulsen, G. M., Fritz, A. K., 2007. Markers Associated With a QTL for Grain Yield in Wheat Under Drought. *Molecular Breeding*, 20:401-413.
- Klahr, A., Mohler, V., Herz, M., Wenzel, G., Schwarz, G., 2004. Enhanced Power of QTL Detection for Fusarium Head Blight Resistance in Wheat by Means of Codominant Scoring of Hemizygous Molecular Markers. *Molecular Breeding*, 13:289-300.
- Knopf, C., Becker, H., Ebmeyer, E., Korzun, V., 2008. Occurrence of Three Dwarfing Rht Genes in German Winter Wheat Varieties. *Cereal Research Communications*, 36 (4): 553-560.
- Kruger, J. E., Matsuo, R. R., Preston, K., 1992. A Comparison of Methods for The Prediction of Cantonese Noodle Colour. *Canadian Journal of Plant Science*, 72(4):1021-1029.
- Lagudah, E. S., Krattinger, S. G., Herrera-Foessel, S., Singh, R. P., Huerta-Espino, J., Spielmeyer, W., Brown-Guedira, G., Selter, L. L., 2009. Gene-specific Markers for the Wheat Gene *Lr34/Yr18/Pm38* Which Confers Resistance to Multiple Fungal Pathogens. *Theoretical and Applied Genetics*, 119(5):889-898.
- Lange, C., Whittaker, J. C., 2001. On Prediction of Genetic Values in Marker-Assisted Selection. *Genetics*, 159(3):1375-1381.
- Law, C.N., Sutka, J., Worland, A.J., 1978. A Genetic Study of Day-Length Response in Wheat. *Heredity*, 41: 185-191.
- Leonova, I., Pestsova, E., Salina, E., Efremova, T., Röder, M., Börner, A., Fischbeck, G., 2003. Mapping of The *Vrn-B1* Gene in *Triticum aestivum* Using Microsatellite Markers. *Plant breeding*, 122 (3): 209-212.

- Lerner, S. E., Ponzio, N. R., Rogers, W. J., 2003. Relationship of Overexpression of High Molecular Weight Glutenin Subunit *Bx7* with Gluten Strength in Bread Wheat. In Proceedings of The 10th International Wheat Genetics Symposium, Poestum, Italy (Pp. 1360-1362).
- Li, Y., Peng, J., Liu, Z., 1997. Heterosis and Combining Ability for Plant Height and Its Components in Hybrid Wheat with *Triticum timopheevi* Cytoplasm. *Euphytica*, 95(3):337-345.
- Li, J., Han, C., Zhen, S., Li, X., Yan, Y., 2014. Characterization of HMW Glutenin Subunit *Bx7* OE and Its Distribution in Common Wheat and Related Species. *Plant Genetic Resources*, 12 (2): 191-198.
- Liang, D., Yang, F., Y., He, Z., Yao, D., Xia, X., 2009. Characterization of *Lr34/Yr18*, *Rht-B1b*, *Rht-D1b* Genes in CIMMYT Wheat Cultivars and Advanced Lines Using STS Markers. *Scientia Agricultura Sinica*, 42 (1): 17-27.
- Liang, D., Tang, J., Peña, R. J., Singh, R., He, X., Shen, X., Yao, D., Xia, X., He, Z., 2010. Characterization of CIMMYT Bread Wheats for High-and Low Molecular Weight Glutenin Subunits and Other Quality-Related Genes with SDS-PAGE, RP-HPLC and Molecular Markers. *Euphytica*, 172(2): 235-250.
- Lillemo, M., Joshi, A. K., Prasad, R., Chand, R., Singh, R. P., 2013. QTL for Spot Blotch Resistance in Bread Wheat Line Saar Co-Locate to the Biotrophic Disease Resistance Loci *Lr34* and *Lr46*. *Theoretical and Applied Genetics*, 126(3):711-719.
- Liu, S., Chao, S., Anderson, J. A., 2008a. New DNA Markers for High Molecular Weight Glutenin Subunits in Wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 118:177.

- Liu S., Pumphrey, M., Gill, B., Trick, H., Zhang, J., Dolezel, J., Chalhoub, B., Anderson, J., 2008b. Toward Positional Cloning of *Fhb1*, a Major QTL for Fusarium Head Blight Resistance in Wheat. *Cereal Research Communications*, 36(6): 195-201
- Liu, S., Sehgal, S. K., Li, J., Lin, M., Trick, H. N., Yu, J., Gill, B. S., Bai, G., 2013. Cloning and Characterization of a Critical Regulator for Preharvest Sprouting in Wheat. *Genetics*, 195(1): 263 - 273.
- Liu, Y., Lin, y., Gao, S., Li, Z., Ma, J., Deng, M., Chen, G., Wei, Y., Zheng, Y., 2017. A Genome-Wide Association Study of 23 Agronomic Traits in Chinese Wheat Landraces. *The Plant Journal*, 91(5):861-873.
- Lukow, O. M., Forsyth, S. A., Payne, P. I., 1992. Over-Production of HMW [High Molecular Weight] Glutenin Subunits Coded on Chromosome 1B in Common Wheat-*Triticum aestivum* [in Israel and Canada]. *Journal of Genetics and Breeding (Italy)*.
- Luo, C., Griffin, W. B., Branlard, G., McNeil, D. L., 2001. Comparison of Low and High Molecular-Weight Wheat Glutenin Allele Effects on Flour Quality. *Theoretical and Applied Genetics*, 102(6-7):1088-1098.
- Ma, D., Yan, J., He, Z., Wu, L., Xia, X., 2012. Characterization of A Cell Wall Invertase Gene Tacwi-A1 on Common Wheat Chromosome 2A and Development of Functional Markers. *Molecular Breeding*, 29(1):43-52.
- Mago, R., Brown-Guedira, G., Dreisigacker, S., Breen, J., Jin, Y., Singh, R., Appels, R., Lagudah, E. S., Ellis, J., Spielmeier, W., 2011. An accurate DNA marker assay for stem rust resistance gene *Sr2* in wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 122(4):735-744.
- Marchylo, B. A., Lukow, O. M., Kruger, J. E., 1992. Quantitative Variation in High Molecular Weight Glutenin Subunit 7 in Some Canadian Wheats. *Journal of Cereal Science*, 15 (1): 29-37.

- Mert, Z., Karakaya, A., Düşünceli, F., Akan, K., Çetin, L., 2012. Determination of *Puccinia graminis* f. sp. *tritici* races of Wheat in Turkey. Turkish Journal of Agriculture and Forestry, 36(1):107-120.
- Miedaner, T., Korzun, V., 2012. Marker-Assisted Selection for Disease Resistance in Wheat and Barley Breeding. The American Phytopathology Society: 560-566.
- Milec, Z., Tomková, L., Sumíková, T., Pánková, K., 2012. A New Multiplex PCR Test for the Determination of *Vrn-B1* Alleles in Bread Wheat (*Triticum aestivum* L.). Molecular Breeding, 30(1):317-323.
- Molina, B.R., 1985. Genetic Analysis of Adaptation in Wheat: Influence of Genes Controlling Vernalization Response, Doktora Tezi, Kaliforniya Üniversitesi S-155.
- Mohler, V., Lukman, R., Ortiz-Islas, S., William, M., Worland, A.J., Beem, v.J., Wenzel, G., 2004. Genetic and Physical Mapping of Photoperiod Insensitive Gene Ppd-B1 in Common Wheat. Euphytica, 138(1):33-40.
- Payne, P. I., 1987. Genetics of Wheat Storge Proteins and the Effect of Allelic Variation on Bread-Making Quality. Annual Review of Plant Physiology, 38:141-153.
- Pomeranz, Y., 1987. Modern Cereal Science and Technology. VCH, Weinheim
- Pretorius, Z. A., Singh, R. P., Wagoire, W. W., Payne, T. S., 2000. Detection of Virulence to Wheat Stem Rust Resistance Gene Sr31 in *Puccinia graminis* f. sp. *tritici* in Uganda. Plant Disease, 84(2):203-203.
- Radovanovic, N., Cloutier, S., 2003. Gene-Assisted Selection for High Molecular Weight Glutenin Subunits in Wheat Doubled Haploid Breeding Programs. Molecular Breeding, 12(1):51–59.
- Ragupathy, R., Naeem, H. A., Reimer, E., Lukow, O. M., Sapirstein, H. D., Cloutier, S., 2008. Evolutionary Origin of the Segmental Duplication Encompassing the Wheat *GLU-B1* Locus Encoding the Overexpressed *Bx7* (*Bx7^{OE}*) High Molecular Weight Glutenin Subunit. Theoretical and Applied Genetics, 116(2):283-296.

- Ram, S., Sharma, S., Verma, A., Tyagi, B. S., Peña, R. J., 2011. Comparative Analyses of LMW Glutenin Alleles in Bread Wheat Using Allele-Specific PCR and SDS-PAGE. *Journal of Cereal Science*, 54(3):488-493.
- Ramya, P., Chaubal, A., Kulkarni, K., Gupta, L., Kadoo, N., Dhaliwal, H. S., Chhuneja, P., Lagu, M., Gupta, V., 2010. QTL Mapping of 1000-Kernel Weight, Kernel Length, and Kernel Width in Bread Wheat (*Triticum aestivum* L.). *Journal of Applied Genetics*, 51(4):421-429.
- Rasheed, A., Xia, X., Mahmood, T., Quraishi, U. M., Aziz, A., Bux, H., Mahmood, Z., Mirza, J. I., Mujeed-Kazi, A., He, Z., 2015. Comparison of Economically Important Loci in Landraces and Improved Wheat Cultivars from Pakistan. *Crop Sci.* 56:1-15.
- Rasheed, A., Wen, W., Gao, F., Zhai, S., Jin, H., Liu, J., Guo, Q., Zhang, Y., Dreisigacker, S., Xia, X., He, Z., 2016. Development and Validation of KASP Assays for Genes Underpinning Key Economic Traits in Bread Wheat. *Theoretical Applied Genetics*, 129(10):1843–1860.
- Richard, R., 1992. The Effect of Dwarfing Genes in Spring Wheat in Dry Environments. I. Agronomic Characteristics. *Australian Journal of Agricultural Research*, 43(3):517-527.
- Santra, D. K., Santra, M., Allan, R. E., Campbell, K. G., Kidwell, K. K., 2009. Genetic and Molecular Characterization of Vernalization Genes Vrn-A1, Vrn-B1, and Vrn-D1 in Spring Wheat Germplasm from The Pacific Northwest Region of The USA. *Plant Breeding*, 128 (6), 576-584.
- Semagn, K., Bjørnstad, Å., Skinnes, H., Marøy, A. G., Tarkegne, Y., William, M., 2006. Distribution of DArT, AFLP and SSR Markers in a Genetic Linkage Map of a Doubled-Haploid Hexaploid Wheat Population. *Genome*, 49(5):545-555.
- Shao H., Liu T., Ran C., Li L. Q., Yu J., Gao X., Li X., 2015. Isolation and molecular characterization of two novel HMW-GS genes from Chinese wheat (*Triticum aestivum* L.) landrace Banjiemang. *Genes&Genomics*, 37(1):45-53.

- Soylu, S. ve Sade, B., 2003. Makarnalık Buğdaylarda (*Triticum durum* L.) Bitki Boyu, Hasat İndeksi ve Bunlara Etkili Faktörlerin Kombinasyon Yeteneği ve Kalıtımı. Anadolu J. Of AARI, 13(1): 76-90.
- Stelmakh, A. F., 1988. Growth Habit in Common Wheat (*Triticum aestivum* L. EM. Thell.). Euphytica, 36 (2): 513-519.
- Stelmakh, A. F., 1990. Geographic Distribution of Vrn-Genes in Landraces and Improved Varieties of Spring Bread Wheat. Euphytica, 45 (2), 113-118.
- Su, Z., Hao, C., Wang, L., Dong, Y., Zhang, X., 2011. Identification and Development of A Functional Marker of *Tagw2* Associated with Grain Weight in Bread Wheat (*Triticum aestivum* L.). Theoretical and Applied Genetics, 122(1): 211-223.
- Sun, D. J., He, Z. H., Xia, X., C., Zhang, L. P., Morris, C. F., Appels, R., Ma, W. J., Wang, H., 2005. A Novel STS Marker for Polyphenol Oxidase Activity in Bread Wheat. Molecular Breeding, 16(3): 209-218.
- Sutka, J., Kovács, G., 1987. Chromosomal Location of Dwarfing Gene Rht12 in Wheat. Euphytica, 36(2):521-523.
- Tommasini, L., Yahiaoui, N., Srichumpa, P., Keller, B., 2006. Development of Functional Markers Specific for Seven Pm3 Resistance Alleles and Their Validation in The Bread Wheat Gene Pool. Theoretical and Applied Genetics, 114(1):165-175.
- TTSM, 2018. Tohumluk Tescil ve Sertifikasyon Merkez Müdürlüğü. Tescilli Çeşitler Listesi. <https://www.tarimorman.gov.tr/BUGEM/TTSM/Sayfalar/Detay.aspx?SayfaId=85>
- TÜİK 2018. Tahıllar ve diğer bitkisel ürünler raporu. <https://biruni.tuik.gov.tr/medas/?kn=92&locale=tr>
- Varshney, R., Graner, A., Sorrels, E. M., 2004. Genic Microsatellite Markers in Plants: Features and Applications. Trends in Biotechnology, 23(1):45-55.

- Vita, P., Nicosia, O., Nigro, F., Platani, C., Riefolo, C., Di Fonzo, N., Cattivelli, L., 2007. Breeding Progress in Morpho-Physiological, Agronomical and Qualitative Traits of Durum Wheat Cultivars Released in Italy During The 20th Century. *European Journal of Agronomy*, 26(1):39-53.
- Waldron, L.B., Sevilla, B. M., Anderson, J. A., Stack, R. W., Frohberg, R.C., 1997. RFLP Mapping of QTL for Fusarium Head Blight Resistance in Wheat. *Crop Science Society of America*. 39(3):805-811.
- Wei, B., Jing, R., Wang, C., Chen, J., Mao, X., Chang, X., Jia, J., 2009. *Dre1* Genes in Wheat (*Triticum aestivum* L.): Development of Functional Markers and Gene Mapping Based on SNPs. *Molecular Breeding*, 23(1):13-22.
- Welsh, J.R., Keim, D.L., McConnell, L.R. 1973. Inheritance of Photoperiodic Heading Response in Winter and Spring Cultivars of Bread Wheat. *Canadian Journal of Plant Science*, 53(2):247-250.
- Westcott, B., Gale, M. D., McVittie, J. A., 1978. A comparison of backcross and selfing methods for telocentric mapping in wheat. *Heredity*, 40:59-66.
- Wilhelm, E. P., Turner, A. S., Laurie, D. A., 2008. Photoperiod Insensitive Ppd-A1a Mutations in Tetraploid Wheat (*Triticum durum* Desf.). *Theoretical and Applied Genetics*, 118(2):285–294.
- Wilhelm, E. P., Boulton, M. I., Barber, T. E. S., Greenland, A. J., Powell, W., 2013. Genotype Analysis of The Wheat Semidwarf *Rht-B1b* and *Rht-D1b* Ancestral Lineage. *Plant Breeding*, 132:539-545.
- Worland, A. J., Law, C. N., Shakoor, A., 1986. The Genetical Analysis of an Induced Height Mutant in Wheat. *Heredity*, 45:61-71.
- Worland, A. J., Petrovic, S., 1988. The Gibberellic Acid Insensitive Dwarfing Gene from the Wheat Variety Saitama 27. *Euphytica*, 38(1):55-63.
- Worland, A. J., Law, C. N., Petrovic, S., 1990. Height Reducing Genes and Their Importance to Yugoslavian Winter Wheat Varieties. *Savremena Poljoprivreda*, 38:245-258.

- Worland, A. J., Korzun, V., Röder, M. S., Ganai, M. W., Law, C. N., 1998. Genetic Analysis The Dwarfing Gene Rht8 in Wheat. Part II. The Distribution and Adaptive Significance of Allelic Variants at the *Rht8* Locus of Wheat As Revealed by Microsatellite Screening. *Theoretical and Applied Genetics*, 96 (8): 1110-1120.
- Wu, L., Xia, X., Rosewarne, G.M., Zhu, H., Li, S., Zhan, Z., He, Z., 2015. Stripe Rust Resistance Gene Yr18 and Its Suppressor Gene in Chinese Wheat Landraces. *Plant Breeding*, 134:6.
- Yang, Y., Ma, Y. Z., Xu, Z. S., Chen, X. M., He, Z. H., Yu, Z., Wilkinson, M., Jones, H. D., Shewry, P. R., Xia, L. Q., 2007. Isolation and Characterization of Viviparous-1 Genes in Wheat Cultivars with Distinct ABA Sensitivity and Pre-Harvest Sprouting Tolerance. *Journal of Experimental Botany*, 58(11):2863-2871.
- Yasuda, S., Shimoyama, H., 1965; Analysis of Internal Factors Influencing the Heading Time of Wheat Varieties. *Berishcte d. Ohara Institus. Landw. Biol. Okayama Univ.* 13, 23-38.
- Yediay, F. E., Andeden, E. E., Baloch, F. S., Börner, A., Kilian, B., Özkan, H., 2011. The Allelic State at The Major Semi-Dwarfing Genes in A Panel of Turkish Bread Wheat Cultivars and Landraces. *Plant Genetic Resources*, 9 (3): 423-429.
- Yıldız, A., 2011. Bazı Kışlık Buğday (*T. aestivum* L.) Genotiplerinde Yüksek ve Düşük Molekül Ağırlıklı Glutenin Bant Desenlerinin Belirlenmesi ve Kalite Islahında Kullanımı. Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi.
- Yorgancılar, M., Yakışır, E., Erkoyuncu, M. T., 2015. Moleküler Markörlerin Bitki Islahında Kullanımı. *Bahri Dağdaş Bitkisel Araştırma Dergisi*, 4(2):1-12.

- Zamani, M. J., Bihamta, M. R., Khiabani, N. B., Tahernezhad, Z., Hallajian, M. T., Shamsi, M. V., 2014. Marker-Assisted Selection for Recognizing Wheat Mutant Genotypes Carrying HMW Glutenin Alleles Related to Baking Quality. *The Scientific World Journal*, 2014:5.
- Zečević, V., Knežević, D. ve Mićanović, D., 2004. Genetic Correlations and PathCoefficient Analysis of Yield and Quality Components in Wheat, *Triticum aestivum* L. *Genetika*, 36(1):13-21.
- Zhang, X., Yang, S., Zhou, Y., He, Z., Xia, X., 2006. Distribution of The *Rht-B1b*, *Rht-D1b* and *Rht8* Reduced Height Genes In Autumn-Sown Chinese Wheats Detected by Molecular Markers. *Euphytica*, 152(1):109-116.
- Zhang, X. K., Xiao, Y. G., Zhang, Y., Xia, X. C., Dubcovsky, J., He, Z. H., 2008. Allelic Variation at The Vernalization Genes *Vrn-A1*, *Vrn-B1*, *Vrn-D1*, and *Vrn-B3* in Chinese Wheat Cultivars and Their Association with Growth Habit. *Crop Science*, 48(2):458-470.
- Zhang, H., Cheng, C., JiMing, F., Bo, Y., HongQi, S., ChuanXi, M., 2009. Detecting and Identifying Polymorphism of Viviparous-B1 Gene and Its Seed Dormancy in Mini-Core Collection of Chinese Wheat Varieties. *Journal of Agricultural Biotechnology*, 17(4):690-694.
- Zhang, L., Zhao, Y. L., Gao, L. F., Zhao, G. Y., Zhou, R. H., Zhang, B. S., Jia, J. Z. 2012. Tackx6-D1, The Ortholog of Rice *Oscx2*, is Associated with Grain Weight in Hexaploid Wheat. *New Phytologist*, 195(3):574-584.
- Zhang, C., Gao, L., Sun, J., Jia, J., Ren, Z., 2014. Haplotype Variation of Green Revolution Gene *Rht-D1* During Wheat Domestication and Improvement. *Journal of Integrative Plant Biology*, 56 (8): 774-780.
- Zhang, Y., Liu, J., Xia, X., He, Z., 2014a. Tags-D1, An Ortholog of Rice *Osgs3*, is Associated with Grain Weight and Grain Length in Common Wheat. *Molecular Breeding*, 34 (3) 1097-1107.

- Zhang, Y., Miao, X., Xia, X., He, Z., 2014b. Cloning of Seed Dormancy Genes (*Tasdr*) Associated with Tolerance to Pre-Harvest Sprouting in Common Wheat and Development of A Functional Marker. *Theoretical and Applied Genetics*, 127 (4): 855-866.
- Zhang, B., Liu, X., Xu, W., Chang, J., Li, A., Mao, X., Zhang, X., Jing, R., 2015. Novel Function of A Putative MOC1 Ortholog Associated with Spikelet Number Per Spike in Common Wheat. *Scientific Reports*, 5: 12211.
- Zhang, Y., Wang, X., Wang, X., Jiang, L., Liu, F., He, X., Zhang, X., 2016. Development of Multiplex-PCR Systems For Genes Related to Flour Colour in Chinese Autumn-Sown Wheat Cultivars. *Quality Assurance and Safety of Crops & Foods*, 8 (2): 231-241.
- Zhou, W., Kolb, L. F., Bai, G., Shaner, G., Domier, L.L. 2002. Genetic analysis of scab resistance QTL in wheat with microsatellite and AFLP markers. *Genome*, 45(4): 719-727.
- Zuo, J., and Li, J., 2014. Molecular Genetic Dissection of Quantitative Trait Loci Regulating Rice Grain Size. *Annual Review of Genetics*, 48: 99-118.



ÖZGEÇMİŞ

08.12.1989 tarihinde İstanbul'da doğdu. İlkokulu ve ortaokulu Mustafa Aydın İlköğretim Okulunda, liseyi ise Çamlıca Bilfen Lisesinde tamamladı. 2013 yılında İstanbul Kültür Üniversitesi Moleküler Biyoloji ve Genetik Bölümünden mezun oldu. Aynı yıl Toros Tarım Sanayi ve Tic. A.Ş.'de Moleküler Araştırma Mühendisi olarak işe başladı. TUBİTAK 1511 öncelikli alanlar araştırma teknoloji geliştirme ve yenilik projeleri destekleme programı 1120144 Nolu Ülkemizin Farklı Ekolojik Bölgeleri İçin Biyotik ve Abiyotik Stres Koşullarına Dayanıklı, Kaliteli ve Yüksek Verimli Ekmeklik Buğday Çeşitlerinin Islahı projesine dahil oldu. 2015 yılında Çukurova Üniversitesi Biyoteknoloji Ana Bilim Dalında yüksek lisansa başladı. 2018 yılından beri Tekfen Tarımsal Araştırma, Üretim ve Pazarlama şirketinde Moleküler Araştırma Mühendisi olarak görev almaktadır.



EKLER



EK 1. Tablo 1. Çalışmada Kullanılan Ekmeklikk Buğday Çeşitlerinde, *Ppd-A1*, *Ppd-B1*, *Ppd-D1* Lokuslarının Allelik Durumları

Çeşit Adı	<i>Ppd-A1</i>	<i>Ppd-B1</i>		<i>Ppd-D1</i>		
S-24	Ppd-A1a	CS-type	Paragon-type	Wildtype	Wildtype	2kb ins
Topbaş	Ppd-A1a	Sonoro	Paragon-type	Wildtype	5bp Del (Hap-IV)	2kb-del
Akova	Ppd-A1a	CS-type	Paragon-type	TE (Mercia)	Wildtype	2kb ins
C59311	Ppd-A1a	Sonoro	Paragon-type	TE (Mercia)	Wildtype	2kb ins
Yektay 406	Ppd-A1a	CS-truncated	Paragon-type	Wildtype	5bp Del (Hap-IV)	2kb-del
Berkmen 469	Ppd-A1a	Sonoro	Paragon-type	TE (Mercia)	5bp Del (Hap-IV)	2kb-del
Yayla 305	Ppd-A1a	CS-type	Paragon-type	TE (Mercia)	5bp Del (Hap-IV)	2kb-del
Eser	Ppd-A1a	CS-type	Paragon-type	TE (Mercia)	Wildtype	2kb-del
Tosunbey	Ppd-A1b	CS-type	Paragon-type	TE (Mercia)	Wildtype	2kb ins
Tosun 144	Ppd-A1b	CS-type	Paragon-type	TE (Mercia)	Wildtype	2kb ins
P8/8	Ppd-A1a	CS-type	Paragon-type	TE (Mercia)	5bp Del (Hap-IV)	2kb-del
Sakin	Ppd-A1a	CS-truncated	Paragon-type	Wildtype	Wildtype	2kb-del
Kutluk 94	Ppd-A1a	Sonoro	Paragon-type	TE (Mercia)	5bp Del (Hap-IV)	2kb-del
Sönmez 2001	Ppd-A1a	CS-type	Paragon-type	TE (Mercia)	Wildtype	2kb ins
Kıraç 66	Ppd-A1a	CS-type	Paragon-type	Wildtype	5bp Del (Hap-IV)	2kb-del
Kırgız 95	Ppd-A1a	CS-type	Paragon-type	TE (Mercia)	Wildtype	2kb ins
Nacibey	Ppd-A1a	CS-type	Paragon-type	TE (Mercia)	Wildtype	2kb ins
Sultan 95	Ppd-A1a	CS-type	Paragon-type	TE (Mercia)	Wildtype	2kb-del
Kaklıç 88	Ppd-A1b	CS-type	Paragon-type	TE (Mercia)	Wildtype	2kb ins

Müfitbey	Ppd-A1a	CS-type	Paragon-type	TE (Mercia)	5bp Del (Hap-IV)	2kb-del
Bolal_2973	Ppd-A1a	CS-type	Paragon-type	TE (Mercia)	Wildtype	2kb ins
Genç_99	Ppd-A1a	Sonoro	Chayenne-type	TE (Mercia)	Wildtype	2kb ins
Balattila	Ppd-A1b	Sonoro	Paragon-type	TE (Mercia)	Wildtype	2kb-del
Seri_82	Ppd-A1b	Sonoro	Paragon-type	TE (Mercia)	Wildtype	2kb ins
Dariel	Ppd-A1b	CS-type	Paragon-type	TE (Mercia)	Wildtype	2kb ins
Dağdaş_94	Ppd-A1a	CS-type	Paragon-type	TE (Mercia)	Wildtype	2kb-del
Atlı_2002	Ppd-A1a	CS-type	Paragon-type	TE (Mercia)	5bp Del (Hap-IV)	2kb-del
Sertak_52	Ppd-A1a	Sonoro	Paragon-type	TE (Mercia)	Wildtype	2kb ins
Sertak	Ppd-A1a	Sonoro	Paragon-type	Wildtype	5bp Del (Hap-IV)	2kb-del
Renesansa	Ppd-A1a	Sonoro	Paragon-type	TE (Mercia)	Wildtype	2kb ins
Pobeda	Ppd-A1a	CS-type	Paragon-type	TE (Mercia)	Wildtype	2kb ins
Scirocco	Ppd-A1a	CS-type	Paragon-type	TE (Mercia)	5bp Del (Hap-IV)	2kb-del
Cham_8	Ppd-A1a	Sonoro	Paragon-type	TE (Mercia)	Wildtype	2kb ins
Cham_10	Ppd-A1a	Sonoro	Paragon-type	TE (Mercia)	Wildtype	2kb ins
Ayyıldız	Ppd-A1a	CS-type	Paragon-type	TE (Mercia)	5bp Del (Hap-IV)	2kb-del
Altındane	Ppd-A1a	Sonoro	Paragon-type	TE (Mercia)	Wildtype	2kb-del
Qukau	Ppd-A1a	Sonoro	Paragon-type	TE (Mercia)	Wildtype	2kb ins
Yıldız_98	Ppd-A1a	Sonoro	Paragon-type	TE (Mercia)	Wildtype	2kb-del
Kaşıfbey_95	Ppd-A1a	Sonoro	Paragon-type	TE (Mercia)	Wildtype	2kb ins
Halberd	Ppd-A1a	CS-type	Paragon-type	TE (Mercia)	5bp Del (Hap-IV)	2kb-del
Kayra	Ppd-A1a	CS-type	Paragon-type	TE (Mercia)	Wildtype	2kb ins
Palandöken_97	Ppd-A1a	Sonoro	Paragon-type	TE (Mercia)	Wildtype	2kb ins

Clark's Cream	Ppd-A1a	Sonoro	Paragon-type	TE (Mercia)	5bp Del (Hap-IV)	2kb-del
İzmir 85	Ppd-A1a	Sonoro	Paragon-type	TE (Mercia)	Wildtype	2kb ins
Ata 81	GS-105 type	Sonoro	Paragon-type	TE (Mercia)	Wildtype	2kb ins
Menemen	Ppd-A1a	CS-type	Paragon-type	TE (Mercia)	Wildtype	2kb ins
Altınöz	Ppd-A1b	Sonoro	Paragon-type	TE (Mercia)	Wildtype	2kb ins
Kınacı 97	Ppd-A1b	Sonoro	Paragon-type	TE (Mercia)	Wildtype	2kb ins
Uzunyayla	Ppd-A1a	Sonoro	Paragon-type	TE (Mercia)	Wildtype	2kb-del
Nurkent	Ppd-A1a	Sonoro	Paragon-type	TE (Mercia)	Wildtype	2kb ins
Toros_1003	Ppd-A1b	Sonoro	Chayenne-type	TE (Mercia)	Wildtype	2kb ins
Alora	Ppd-A1a	Sonoro	Paragon-type	TE (Mercia)	5bp Del (Hap-IV)	2kb-del
Mesut	Ppd-A1b	CS-type	Chayenne-type	TE (Mercia)	Wildtype	2kb ins
Salvia	Ppd-A1a	Sonoro	Paragon-type	TE (Mercia)	Wildtype	2kb ins

EK 1. Tablo 2. Çalışmada Kullanılan Ekmeklik Buğday Çeşitlerinde, *Vrn-A1*, *Vrn-B1*, *Vrn-D1* Lokuslarının Allellik Durumları

Çeşit Adı	<i>Vrn-A1</i>		<i>Vrn-B1</i>	<i>Vrn-D1</i>
S-24	Vrn-A1	Jagger-type	Vrn-B1a	vrn-D1
Topbaş	Vrn-A1	Jagger-type	Vrn-B1a	vrn-D1
Akova	vrn-A1	2147-type	Vrn-B1a	Vrn-D1a
C59311	vrn-A1	2147-type	Vrn-B1a	Vrn-D1a
Yektay 406	Vrn-A1	Jagger-type	Vrn-B1a	vrn-D1
Berkmen 469	vrn-A1	2147-type	Vrn-B1a	vrn-D1
Yayla 305	vrn-A1	2147-type	Vrn-B1a	vrn-D1
Eser	vrn-A1	2147-type	Vrn-B1a	vrn-D1
Tosunbey	Vrn-A1	Jagger-type	Vrn-B1a	vrn-D1
Tosun 144	Vrn-A1	Jagger-type	Vrn-B1a	vrn-D1
P8/8	vrn-A1	2147-type	Vrn-B1a	Vrn-D1a
Sakin	vrn-A1	2147-type	Vrn-B1a	vrn-D1
Kutluk 94	vrn-A1	2147-type	Vrn-B1a	vrn-D1
Sönmez 2001	vrn-A1	2147-type	Vrn-B1a	vrn-D1
Kıraç 66	Vrn-A1	Jagger-type	Vrn-B1a	Vrn-D1a
Kırgız 95	vrn-A1	2147-type	Vrn-B1a	Vrn-D1a
Nacibey	vrn-A1	2147-type	Vrn-B1a	vrn-D1
Sultan 95	vrn-A1	2147-type	Vrn-B1a	Vrn-D1a
Kaklıç 88	Vrn-A1	Jagger-type	Vrn-B1a	Vrn-D1a

Müfitbey	vrn-A1	2147-type	Vrn-B1a	Vrn-D1a
Bolal 2973	Vrn-A1	Jagger-type	Vrn-B1a	vrn-D1
Genç 99	vrn-A1	2147-type	Vrn-B1a	Vrn-D1a
Balattila	vrn-A1	2147-type	Vrn-B1a	Vrn-D1a
Seri 82	vrn-A1	2147-type	Vrn-B1a	Vrn-D1a
Dariel	vrn-A1	2147-type	Vrn-B1a	Vrn-D1a
Dağdaş 94	vrn-A1	2147-type	Vrn-B1a	vrn-D1
Atlı 2002	vrn-A1	2147-type	Vrn-B1a	vrn-D1
Sertak 52	Vrn-A1	Jagger-type	Vrn-B1a	Vrn-D1a
Sertak	Vrn-A1	Jagger-type	Vrn-B1a	Vrn-D1a
Renesansa	vrn-A1	2147-type	Vrn-B1a	Vrn-D1a
Pobeda	vrn-A1	2147-type	Vrn-B1a	vrn-D1
Scirocco	Vrn-A1	Jagger-type	Vrn-B1a	Vrn-D1a
Cham 8	Vrn-A1	Jagger-type	Vrn-B1a	Vrn-D1a
Cham 10	vrn-A1	2147-type	Vrn-B1a	Vrn-D1a
Ayyıldız	vrn-A1	2147-type	Vrn-B1a	Vrn-D1a
Altındane	Vrn-A1	Jagger-type	Vrn-B1a	Vrn-D1a
Qukau	vrn-A1	2147-type	Vrn-B1a	Vrn-D1a
Yıldız 98	vrn-A1	2147-type	Vrn-B1a	Vrn-D1a
Kaşıfbey 95	Vrn-A1	Jagger-type	Vrn-B1b	Vrn-D1a
Halberd	Vrn-A1	Jagger-type	Vrn-B1a	vrn-D1
Kayra	Vrn-A1	Jagger-type	Vrn-B1a	Vrn-D1a
Palandöken 97	vrn-A1	2147-type	Vrn-B1a	Vrn-D1a

Clark's Cream	vrn-A1	2147-type	Vrn-B1a	Vrn-D1a
İzmir 85	Vrn-A1	Jagger-type	Vrn-B1a	Vrn-D1a
Ata 81	Vrn-A1	Jagger-type	Vrn-B1a	Vrn-D1a
Menemen	Vrn-A1	Jagger-type	Vrn-B1a	Vrn-D1a
Altınöz	Vrn-A1	Jagger-type	Vrn-B1a	Vrn-D1a
Kınacı 97	vrn-A1	2147-type	Vrn-B1a	Vrn-D1a
Uzunyayla	Vrn-A1	Jagger-type	Vrn-B1a	Vrn-D1a
Nurkent	Vrn-A1	Jagger-type	Vrn-B1a	Vrn-D1a
Toros 1003	Vrn-A1	Jagger-type	Vrn-B1a	Vrn-D1a
Alora	Vrn-A1	Jagger-type	Vrn-B1a	vrn-D1
Mesut	vrn-A1	2147-type	Vrn-B1a	Vrn-D1a
Salvia	vrn-A1	2147-type	Vrn-B1a	Vrn-D1a

EK 1. Tablo 3. Çalışmada Kullanılan Ekmeklik Buğday Çeşitlerinde, *Rht-B1*, *Rht-D1*, *TaSus2-2B*, *TaGS3-D1*, *TGW6-2A* Lokuslarının Allellik Durumları

Çeşit Adı	Bitki Boyu		Bin Dane Ağırlığı		
	<i>Rht-B1</i>	<i>Rht-D1</i>	<i>TaSus2-2B</i>	<i>TaGS3-D1</i>	<i>TGW6-2A</i>
S-24	Rht-B1b	Rht-D1a	Hap-L	TaGS-D1a	TaTGW6-A1a
Topbaş	Rht-B1a	Rht-D1a	Hap-L	NA	TaTGW6-A1a
Akova	Rht-B1a+197 bp	Rht-D1a	Hap-L	TaGS-D1a	TaTGW6-A1a
C59311	Rht-B1a	Rht-D1a	Hap-H	TaGS-D1a	TaTGW6-A1a
Yektay 406	Rht-B1a	Rht-D1a	Hap-L	TaGS-D1a	TaTGW6-A1a
Berkmen 469	Rht-B1a	Rht-D1a	Hap-H	TaGS-D1b	TaTGW6-A1a
Yayla 305	Rht-B1a+160 bp	Rht-D1a	Hap-H	TaGS-D1b	TaTGW6-A1a
Eser	Rht-B1b	Rht-D1a	Hap-L	TaGS-D1a	TaTGW6-A1b
Tosunbey	Rht-B1a	Rht-D1b	Hap-L	TaGS-D1a	TaTGW6-A1a
Tosun 144	Rht-B1a	Rht-D1b	Hap-L	TaGS-D1a	TaTGW6-A1a
P8/8	Rht-B1a	Rht-D1a	Hap-L	TaGS-D1b	TaTGW6-A1a
Sakin	Rht-B1a+160 bp	Rht-D1a	Hap-H	TaGS-D1a	TaTGW6-A1a
Kutluk 94	Rht-B1a	Rht-D1b	Hap-H	TaGS-D1b	TaTGW6-A1b
Sönmez 2001	Rht-B1a	Rht-D1a	Hap-L	TaGS-D1b	TaTGW6-A1a
Kıraç 66	Rht-B1a	Rht-D1a	Hap-H	TaGS-D1a	TaTGW6-A1a
Kırgız 95	Rht-B1a	Rht-D1a	Hap-H	TaGS-D1b	TaTGW6-A1a
Nacibey	Rht-B1b	Rht-D1a	Hap-L	TaGS-D1a	TaTGW6-A1a
Sultan 95	Rht-B1b	Rht-D1a	Hap-L	TaGS-D1a	TaTGW6-A1b
Kaklıç 88	Rht-B1b	Rht-D1a	Hap-L	TaGS-D1a	TaTGW6-A1a

Müfitbey	Rht-B1a	Rht-D1a	Hap-L	TaGS-D1b	TaTGW6-A1a
Bolal_2973	Rht-B1a+160 bp	Rht-D1a	Hap-L	TaGS-D1a	TaTGW6-A1a
Genç_99	Rht-B1b	Rht-D1a	Hap-L	TaGS-D1a	TaTGW6-A1a
Balattila	Rht-B1b	Rht-D1a	Hap-L	TaGS-D1a	TaTGW6-A1a
Seri_82	Rht-B1b	Rht-D1a	Hap-L	TaGS-D1b	TaTGW6-A1a
Dariel	Rht-B1b	Rht-D1a	Hap-L	TaGS-D1b	TaTGW6-A1a
Dağdaş_94	Rht-B1a	Rht-D1a	Hap-H	TaGS-D1b	TaTGW6-A1b
Atlı_2002	Rht-B1a	Rht-D1a	Hap-L	TaGS-D1b	TaTGW6-A1b
Sertak_52	Rht-B1a	Rht-D1a	Hap-H	TaGS-D1b	TaTGW6-A1a
Sertak	Rht-B1a	Rht-D1a	Hap-L	TaGS-D1a	TaTGW6-A1a
Renesansa	Rht-B1a	Rht-D1a	Hap-L	TaGS-D1b	TaTGW6-A1b
Pobeda	Rht-B1a	Rht-D1a	Hap-L	TaGS-D1b	TaTGW6-A1a
Scirocco	Rht-B1a	Rht-D1a	Hap-H	TaGS-D1b	TaTGW6-A1a
Cham_8	Rht-B1b	Rht-D1a	Hap-L	TaGS-D1a	TaTGW6-A1a
Cham_10	Rht-B1b	Rht-D1a	Hap-L	TaGS-D1a	TaTGW6-A1a
Ayyıldız	Rht-B1a	Rht-D1a	Hap-L	TaGS-D1b	TaTGW6-A1a
Altındane	Rht-B1a	Rht-D1b	Hap-L	TaGS-D1a	TaTGW6-A1a
Qukau	Rht-B1b	Rht-D1a	Hap-L	TaGS-D1a	TaTGW6-A1b
Yıldız_98	Rht-B1b	Rht-D1a	Hap-L	TaGS-D1b	TaTGW6-A1a
Kaşıfbey_95	Rht-B1a	Rht-D1a	Hap-L	TaGS-D1a	TaTGW6-A1b
Halberd	Rht-B1a	Rht-D1a	Hap-L	TaGS-D1a	TaTGW6-A1a
Kayra	Rht-B1b	Rht-D1a	Hap-L	TaGS-D1a	TaTGW6-A1b
Palandöken_97	Rht-B1a	Rht-D1a	Hap-L	TaGS-D1a	TaTGW6-A1a

Clark's Cream	Rht-B1a+160 bp	Rht-D1a	Hap-L	TaGS-D1a	TaTGW6-A1a
İzmir 85	Rht-B1b	Rht-D1a	Hap-L	TaGS-D1a	TaTGW6-A1a
Ata 81	Rht-B1a	Rht-D1b	Hap-L	TaGS-D1a	TaTGW6-A1a
Menemen	Rht-B1b	Rht-D1a	Hap-L	TaGS-D1a	TaTGW6-A1b
Altınöz	Rht-B1b	Rht-D1a	Hap-L	TaGS-D1b	TaTGW6-A1a
Kınacı 97	Rht-B1b	Rht-D1a	Hap-L	TaGS-D1a	TaTGW6-A1a
Uzunyayla	Rht-B1a	Rht-D1a	Hap-H	TaGS-D1b	TaTGW6-A1b
Nurkent	Rht-B1b	Rht-D1a	Hap-L	TaGS-D1a	TaTGW6-A1a
Toros 1003	Rht-B1b	Rht-D1a	Hap-L	TaGS-D1a	TaTGW6-A1a
Alora	Rht-B1a	Rht-D1b	Hap-L	TaGS-D1b	TaTGW6-A1a
Mesut	Rht-B1a	Rht-D1a	Hap-L	TaGS-D1a	TaTGW6-A1a
Salvia	Rht-B1b	Rht-D1a	Hap-H	TaGS-D1a	TaTGW6-A1a

EK 1. Tablo 4. Çalışmada Kullanılan Ekmeklikk Buğday Çeşitlerinde, *CWI-4A*, *1-feh-w3*, *TaMoc-A1*, *Dreb-B1*, *Vp1B1*, *TaSdr-B1*, *TaPHS1-gen* Lokuslarının Allellik Durumları

Çeşit Adı	<i>Cwi-4A</i>	<i>1-feh-w3</i>	<i>TaMoc-A1</i>	<i>Dreb-B1</i>	<i>Vp1B1</i>	<i>TaSdr-B1</i>	<i>TaPHS1-gen</i>
S-24	Hap-4A-C	Kauz-type	Hap-L	TaDREB-B1b	Vp1-B1c	TaSdr-A1b	RioBlanco type
Topbaş	Hap-4A-T	Kauz-type	Hap-L	TaDREB-B1a	Vp1-B1c	TaSdr-A1b	NW97S186 type
Akova	Hap-4A-T	Westonia-type	Hap-L	TaDREB-B1a	Vp1-B1c	TaSdr-A1b	RioBlanco type
C59311	Hap-4A-C	Westonia-type	Hap-H	TaDREB-B1a	Vp1-B1c	TaSdr-A1b	RioBlanco type
Yektay 406	Hap-4A-C	Kauz-type	Hap-L	TaDREB-B1a	Vp1-B1c	TaSdr-A1b	RioBlanco type
Berkmen 469	Hap-4A-C	Westonia-type	Hap-L	TaDREB-B1b	Vp1-B1a	TaSdr-A1b	RioBlanco type
Yayla 305	Hap-4A-C	Westonia-type	Hap-L	TaDREB-B1a	Vp1-B1a	TaSdr-A1b	RioBlanco type
Eser	Hap-4A-C	Kauz-type	Hap-L	TaDREB-B1a	Vp1-B1a	TaSdr-A1a	RioBlanco type
Tosunbey	Hap-4A-C	Kauz-type	Hap-L	TaDREB-B1b	Vp1-B1c	TaSdr-A1b	RioBlanco type
Tosun 144	Hap-4A-C	Kauz-type	Hap-L	TaDREB-B1b	Vp1-B1c	TaSdr-A1b	RioBlanco type
P8/8	Hap-4A-C	Westonia-type	Hap-L	TaDREB-B1b	Vp1-B1a	TaSdr-A1b	RioBlanco type
Sakin	Hap-4A-T	Westonia-type	Hap-L	TaDREB-B1b	Vp1-B1c	TaSdr-A1b	NW97S186 type
Kutluk 94	Hap-4A-C	Westonia-type	Hap-L	TaDREB-B1a	Vp1-B1a	TaSdr-A1b	NW97S186 type
Sönmez 2001	Hap-4A-T	Kauz-type	Hap-L	TaDREB-B1a	Vp1-B1c	TaSdr-A1b	NW97S186 type
Kıraç 66	Hap-4A-C	Kauz-type	Hap-L	TaDREB-B1a	Vp1-B1c	TaSdr-A1b	RioBlanco type
Kırgız 95	Hap-4A-C	Kauz-type	Hap-L	TaDREB-B1b	Vp1-B1c	TaSdr-A1b	RioBlanco type
Nacibey	Hap-4A-C	Kauz-type	Hap-L	TaDREB-B1a	Vp1-B1a	TaSdr-A1b	NW97S186 type
Sultan 95	Hap-4A-C	Kauz-type	Hap-L	TaDREB-B1a	Vp1-B1a	TaSdr-A1a	RioBlanco type
Kaklıç 88	Hap-4A-T	Kauz-type	Hap-L	TaDREB-B1a	Vp1-B1b	TaSdr-A1b	NW97S186 type
Müfitbey	Hap-4A-T	Kauz-type	Hap-L	TaDREB-B1a	Vp1-B1a	TaSdr-A1b	RioBlanco type
Bolal 2973	Hap-4A-C	Kauz-type	Hap-L	TaDREB-B1a	Vp1-B1c	TaSdr-A1b	RioBlanco type
Genç 99	Hap-4A-C	Kauz-type	Hap-L	TaDREB-B1b	Vp1-B1c	TaSdr-A1a	RioBlanco type

Balattila	Hap-4A-C	Westonia-type	Hap-L	TaDREB-B1b	Vp1-B1c	TaSdr-A1a	RioBlanco type
Seri 82	Hap-4A-C	Kauz-type	Hap-L	TaDREB-B1b	Vp1-B1c	TaSdr-A1a	NW97S186 type
Dariel	Hap-4A-C	Kauz-type	Hap-L	TaDREB-B1b	Vp1-B1c	TaSdr-A1b	RioBlanco type
Dağdaş 94	Hap-4A-T	Kauz-type	Hap-L	TaDREB-B1a	Vp1-B1a	TaSdr-A1b	RioBlanco type
Atlı 2002	Hap-4A-C	Kauz-type	Hap-L	TaDREB-B1b	Vp1-B1c	TaSdr-A1b	RioBlanco type
Sertak 52	Hap-4A-C	Westonia-type	Hap-L	TaDREB-B1b	Vp1-B1a	TaSdr-A1b	RioBlanco type
Sertak	Hap-4A-C	Kauz-type	Hap-L	TaDREB-B1a	Vp1-B1c	TaSdr-A1b	RioBlanco type
Renesansa	Hap-4A-T	Kauz-type	Hap-L	TaDREB-B1a	Vp1-B1c	TaSdr-A1b	RioBlanco type
Pobeda	Hap-4A-C	Westonia-type	Hap-L	TaDREB-B1b	Vp1-B1c	TaSdr-A1b	RioBlanco type
Scirocco	Hap-4A-C	Westonia-type	Hap-L	TaDREB-B1a	Vp1-B1a	TaSdr-A1b	RioBlanco type
Cham 8	Hap-4A-T	Kauz-type	Hap-L	TaDREB-B1b	Vp1-B1c	TaSdr-A1a	RioBlanco type
Cham 10	Hap-4A-C	Kauz-type	Hap-L	TaDREB-B1b	Vp1-B1c	TaSdr-A1a	RioBlanco type
Ayyıldız	Hap-4A-T	Kauz-type	Hap-L	TaDREB-B1a	Vp1-B1a	TaSdr-A1b	RioBlanco type
Altındane	Hap-4A-C	Kauz-type	Hap-L	TaDREB-B1b	Vp1-B1c	TaSdr-A1b	NW97S186 type
Qukau	Hap-4A-T	Westonia-type	Hap-L	TaDREB-B1b	Vp1-B1c	TaSdr-A1a	RioBlanco type
Yıldız 98	Hap-4A-C	Kauz-type	Hap-L	TaDREB-B1b	Vp1-B1c	TaSdr-A1b	NW97S186 type
Kaşıfbey 95	Hap-4A-C	Kauz-type	Hap-L	TaDREB-B1b	Vp1-B1c	TaSdr-A1b	RioBlanco type
Halberd	Hap-4A-C	Westonia-type	Hap-L	TaDREB-B1a	Vp1-B1a	TaSdr-A1b	RioBlanco type
Kayra	Hap-4A-T	Kauz-type	Hap-L	TaDREB-B1b	Vp1-B1c	TaSdr-A1b	RioBlanco type
Palandöken 97	Hap-4A-C	Westonia-type	Hap-L	TaDREB-B1b	Vp1-B1a	TaSdr-A1b	RioBlanco type
Clark's Cream	Hap-4A-C	Westonia-type	Hap-L	TaDREB-B1b	Vp1-B1a	TaSdr-A1b	RioBlanco type
İzmir 85	Hap-4A-T	Kauz-type	Hap-L	TaDREB-B1b	Vp1-B1c	TaSdr-A1a	RioBlanco type
Ata 81	Hap-4A-C	Westonia-type	Hap-L	TaDREB-B1a	Vp1-B1c	TaSdr-A1a	RioBlanco type
Menemen	Hap-4A-C	Westonia-type	Hap-L	TaDREB-B1b	Vp1-B1c	TaSdr-A1a	RioBlanco type
Altınöz	Hap-4A-C	Kauz-type	Hap-L	TaDREB-B1b	Vp1-B1c	TaSdr-A1b	NW97S186 type
Kınacı 97	Hap-4A-C	Kauz-type	Hap-L	TaDREB-B1a	Vp1-B1a	TaSdr-A1b	NW97S186 type

Uzunyayla	Hap-4A-T	Kauz-type	Hap-L	TaDREB-B1b	Vp1-B1a	TaSdr-A1b	RioBlanceo type
Nurkent	Hap-4A-C	Kauz-type	Hap-L	TaDREB-B1b	Vp1-B1c	TaSdr-A1a	RioBlanceo type
Toros_1003	Hap-4A-C	Westonia-type	Hap-L	TaDREB-B1b	Vp1-B1a	TaSdr-A1a	RioBlanceo type
Alora	Hap-4A-C	Westonia-type	Hap-L	TaDREB-B1a	Vp1-B1c	TaSdr-A1b	RioBlanceo type
Mesut	Hap-4A-T	Kauz-type	Hap-L	TaDREB-B1a	Vp1-B1c	TaSdr-A1b	RioBlanceo type
Salvia	Hap-4A-C	Westonia-type	Hap-L	TaDREB-B1a	Vp1-B1a	TaSdr-A1b	RioBlanceo type

EK 1. Tablo 5. Çalışmada Kullanılan Ekmeklik Buğday Çeşitlerinde, *Lr34*, *Lr46*, *Sr2*, *Fhb1* Lokuslarının Allellik Durumları

Çeşit Adı	<i>Lr34</i>	<i>Lr46</i>	<i>Sr2</i>	<i>Fhb1</i>
S-24	Lr34-	Lr46+	Sr2-	Fhb1-
Topbaş	Lr34-	Lr46+	Sr2-	Fhb1-
Akova	Lr34-	Lr46-	Sr2-	Fhb1-
C59311	Lr34-	Lr46+	Sr2-	Fhb1+
Yektaş 406	Lr34-	Lr46-	Sr2-	Fhb1-
Berkmen 469	Lr34-	Lr46+	Sr2-	Fhb1-
Yayla 305	Lr34-	Lr46-	NA	Fhb1-
Eser	Lr34+	Lr46-	Sr2-	Fhb1-
Tosunbey	Lr34-	Lr46+	Sr2-	Fhb1-
Tosun 144	Lr34-	Lr46+	Sr2-	Fhb1-
P8/8	Lr34-	Lr46-	Sr2-	Fhb1-
Sakin	Lr34-	Lr46-	Sr2-	Fhb1-
Kutluk 94	Lr34-	Lr46-	Sr2-	Fhb1-
Sönmez 2001	Lr34-	Lr46-	Sr2-	Fhb1-
Kıraç 66	Lr34-	Lr46+	Sr2-	Fhb1-
Kırgız 95	Lr34-	Lr46+	Sr2-	Fhb1-
Nacibey	Lr34+	Lr46-	Sr2-	Fhb1-
Sultan 95	Lr34+	Lr46-	Sr2-	Fhb1-
Kaklıç 88	Lr34-	Lr46+	Sr2-	Fhb1-
Müfitbey	Lr34-	Lr46-	Sr2-	Fhb1-

Bolal 2973	Lr34-	Lr46-	Sr2-	Fhb1-
Genç 99	Lr34+	Lr46-	Sr2-	Fhb1-
Balattila	Lr34-	Lr46+	Sr2-	Fhb1-
Seri 82	Lr34-	Lr46+	Sr2-	Fhb1-
Dariel	Lr34-	Lr46+	Sr2-	Fhb1-
Dağdaş 94	Lr34-	Lr46-	Sr2-	Fhb1-
Atlı 2002	Lr34-	Lr46-	Sr2-	Fhb1-
Sertak 52	Lr34-	Lr46+	Sr2-	Fhb1-
Sertak	Lr34-	Lr46-	Sr2-	Fhb1-
Renesansa	Lr34-	Lr46+	Sr2-	Fhb1-
Pobeda	Lr34-	Lr46-	Sr2-	Fhb1-
Scirocco	Lr34-	Lr46+	Sr2-	Fhb1-
Cham 8	Lr34+	Lr46+	Sr2-	Fhb1-
Cham 10	Lr34+	Lr46-	Sr2-	Fhb1-
Ayyıldız	Lr34-	Lr46-	NA	Fhb1-
Altındane	Lr34+	Lr46-	Sr2-	Fhb1-
Qukau	Lr34-	Lr46+	Sr2-	Fhb1-
Yıldız 98	Lr34-	Lr46-	Sr2-	Fhb1-
Kaşıfbey 95	Lr34-	Lr46-	Sr2-	Fhb1-
Halberd	Lr34-	Lr46+	Sr2-	Fhb1-
Kayra	Lr34+	Lr46+	Sr2-	Fhb1-
Palandöken 97	Lr34-	Lr46-	Sr2-	Fhb1-
Clark's Cream	Lr34-	Lr46-	Sr2-	Fhb1-

İzmir 85	Lr34+	Lr46+	Sr2-	Fhb1-
Ata 81	Lr34+	Lr46+	Sr2-	Fhb1-
Menemen	Lr34+	Lr46+	Sr2-	Fhb1-
Altınöz	Lr34-	Lr46+	Sr2-	Fhb1-
Kınacı 97	Lr34-	Lr46-	Sr2-	Fhb1-
Uzunyayla	Lr34-	Lr46-	Sr2-	Fhb1-
Nurkent	Lr34+	Lr46-	Sr2-	Fhb1-
Toros 1003	Lr34-	Lr46+	Sr2-	Fhb1-
Alora	Lr34-	Lr46+	Sr2-	Fhb1-
Mesut	Lr34-	Lr46+	Sr2-	Fhb1-
Salvia	Lr34-	Lr46-	Sr2-	Fhb1-

EK 1. Tablo 6. Çalışmada Kullanılan Ekmeklik Buğday Çeşitlerinde, *Glu-A1*, *Glu-B1*, *Glu-D1* Lokuslarının Allelik Durumları

Çeşit Adı	<i>Glu-A1</i>	<i>Bx7OE</i>	<i>Glu-D1</i>
S-24	Ax1	Bx7OE+	2+12
Topbaş	Ax1	Bx7OE-	2+12
Akova	Ax1	Bx7OE-	2+12
C59311	Null	Bx7OE-	2+12
Yektay 406	Ax1	Bx7OE-	2+12
Berkmen 469	Ax1	Bx7OE-	2+12
Yayla 305	Ax1	Bx7OE-	2+12
Eser	Ax1	Bx7OE-	5+10
Tosunbey	Null	Bx7OE-	5+10
Tosun 144	Null	Bx7OE-	5+10
P8/8	Ax1	Bx7OE-	2+12
Sakin	Null	Bx7OE-	2+12
Kutluk 94	Ax1	Bx7OE-	2+12
Sönmez 2001	Null	Bx7OE-	5+10
Kıraç 66	Ax1	Bx7OE+	5+10
Kırgız 95	Ax1	Bx7OE-	2+12
Nacibey	Glu-Ax2*	Bx7OE-	2+12
Sultan 95	Ax1	Bx7OE-	5+10
Kaklıç 88	Ax1	Bx7OE-	5+10

Müfitbey	Ax1	Bx7OE-	5+10
Bolal 2973	Ax1	Bx7OE-	5+10
Genç 99	Ax1	Bx7OE-	5+10
Balattila	Ax1	Bx7OE-	5+10
Seri 82	Null	Bx7OE-	5+10
Dariel	Ax1	Bx7OE-	5+10
Dağdaş 94	Glu-Ax2*	Bx7OE-	5+10
Atlı 2002	Ax1	Bx7OE-	2+12
Sertak- 52	Ax1	Bx7OE-	2+12
Sertak	Ax1	Bx7OE-	2+12
Renesansa	Glu-Ax2*	Bx7OE+	2+12
Pobeda	Glu-Ax2*	Bx7OE-	2+12
Scirocco	Glu-Ax2*	Bx7OE-	5+10
Cham 8	Ax1	Bx7OE-	5+10
Cham 10	Ax1	Bx7OE-	5+10
Ayyıldız	Ax1	Bx7OE-	5+10
Altındane	Ax1	Bx7OE+	5+10
Qukau	Ax1	Bx7OE-	5+10
Yıldız 98	Null	Bx7OE-	5+10
Kaşıfbey_95	Ax1	Bx7OE-	5+10
Halberd	Null	Bx7OE-	5+10
Kayra	Ax1	Bx7OE-	5+10
Palandöken_97	Glu-Ax2*	Bx7OE-	5+10

Clark's Cream	Ax1	Bx7OE-	5+10
İzmir 85	Ax1	Bx7OE-	5+10
Ata 81	Ax1	Bx7OE-	2+12
Menemen	Ax1	Bx7OE-	5+10
Altınöz	Null	Bx7OE-	5+10
Kınacı 97	Null	Bx7OE-	2+12
Uzunyayla	Ax1	Bx7OE-	5+10
Nurkent	Null	Bx7OE-	2+12
Toros_1003	Null	Bx7OE-	5+10
Alora	Glu-Ax2*	Bx7OE-	5+10
Mesut	Null	Bx7OE+	2+12
Salvia	Null	Bx7OE-	5+10