

Sürme Hastalığına Karşı Dayanıklı ve Hassas Ekmeklik Buğdayların Genetik Çeşitliliğinin ISSR Markörleriyle Belirlenmesi

Gülçin AKGÖREN PALABIYIK¹, İsmail POYRAZ², Ahmet UMay¹

¹ Bilecik Üniversitesi Pazaryeri MYO, Pazaryeri, 11800 Bilecik, TÜRKİYE

² Bilecik Şeyh Edebali Üniversitesi, Moleküler Biyoloji ve Genetik Bölümü, 11210 Bilecik, TÜRKİYE

Geliş Tarihi: 20.05.2015

Kabul Tarihi: 05.06.2015

Sorumlu Yazar: ahmetumays@hotmail.com

Özet

Tilletia foetida (laevis) ve *Tilletia caries* (tritici), Türkiye buğdaylarda sürme hastalığına neden olan en yaygın fungal patojenlerdir. Hastalığa karşı mücadelede dayanıklı buğday çeşitlerinin geliştirilmesi hem ekonomik hem de çevresel olarak önemli avantajlar sağlamaktadır. Bu çalışmada, sürme hastalığına karşı dayanıklı ve duyarlı on bir ekmeklik buğday çeşidi çalışma materyali olarak kullanılmış ve bu örneklerin genetik çeşitliliklerinin ortaya konulması amaçlanmıştır. Genetik çeşitliliği belirlemek için on ISSR (Basit Dizi Tekrarları Arası) markörü kullanılmıştır. Buğday çeşitlerinden alınan yaprak örneklerinden klasik CTAB (Cetyltrimethylammoniumbromide)-DNA izolasyon yöntemiyle DNA izolasyonları gerçekleştirilmiştir. İzole edilen DNA'lar kalıp olarak kullanılarak her bir ISSR primeri ile PCR (Polimeraz Zincir Reaksiyonu) kurulmuştur. PCR işlemi sonucu amplifiye olan DNA parçaları % 1.2'lik agaroz jelde yürütülmüş ve elde edilen bant'lar jel dökümantasyon sistemi ile fotoğraflanmıştır. Buğday çeşitlerinin filogenetik analizi, PCR ürünlerinin bant sonuçlarından binary yöntemiyle elde edilen veriler ile UPGMA metodu kullanılarak yapılmıştır. Jaccard Benzerlik Matrix'i kullanılarak buğday çeşitleri arasındaki yakınlık ve uzaklığı gösteren filogenetik ağaç oluşturulmuştur. Filogenetik analiz verileri ile sürme hastalığına karşı direnç durumları arasındaki olası korelasyon, karşılaştırma yapılarak araştırılmıştır.

Anahtar Kelimeler: Ekmeklik Buğday, Dayanıklılık, *Tilletia foetida*, *Tilletia caries*, Sürme, ISSR Markörü

Determination of Genetic Diversity in Resistant and Sensitive Bread Wheats Against Common Bunt with ISSR Markers

Abstract

Tilletia foetida (laevis) ve *Tilletia caries* (tritici) are most epidemic fungal pathogens causing common bunt disease in wheat in Turkey. Development of resistant wheat varieties against this disease provides important advantages as both economically and environmental. In this study, the resistant and sensitive eleven bread wheat varieties against common bunt disease were used as work material and determination of genetic diversity of these samples was aimed. Ten ISSR (Inter Simple Sequence Repeat) markers were used for determination of genetic diversity. DNA isolations from leaf samples of wheat varieties were carried with classic CTAB (Cetyltrimethylammoniumbromide)-DNA isolation method. PCR (Polymerase Chain Reaction) process was carried with ISSR primers using isolated DNA samples. Amplified DNA fragments using PCR process were run on the 1.2 % agarose gel and obtained bands were photographed with gel documentation system. Phylogenetic analysis of wheat varieties were carried with UPGMA methods, using obtained data with binary method from band results of PCR yields. Phylogenetic tree showing similarity and distance among wheat varieties was drawn using Jaccard Similarity Matrix. The possible correlation between phylogenetic analysis data and resistance rates against common bunt was investigated with comparison process.

Keywords: Bread Wheat, Resistance, *Tilletia foetida*, *Tilletia caries*, Common Bunt, ISSR Marker

Dünya nüfusu arttıkça buna paralel olarak artan besin ihtiyacının karşılanması da önem kazanmaktadır. Temel gıda maddelerimizin en önemlilerinden biri olan ekmeğin ana bileşeni buğdaydır. Buğdayda hem verim kayıplarını önlemek hem de kaliteyi arttırmak besin açığını kapatmada önemli bir rol oynamaktadır.

Ülkemizde buğdayın önemli hastalıklarından biri sürmedir (Özkan, 1956; İren, 1962). Sürme hastalığı etmeni olan *T. foetida* Kuhn (syn. *T. levis*, *T. laevis* (Wallr.) Liro, *T. foetens* (Berk. & Curt.) Schoert.) ve *Tilletia caries* (Bjerk.) Wint. (syn. *T. tiritici* (DC) Tul) buğdaylarda önemli verim kayıplarına ve ürün kalitesinin azalması neden olan iki mantar türüdür (Goates ve ark., 1996; Cristina ve ark., 2007; Nagy ve Moldovan, 2007). Hastalıkla 2-3 yıl mücadele yapılmadığı durumlarda % 90'lara varan oranında zarar yaptığı bildirilmektedir (Gassner ve Göydün, 1938; Bremer, 1948).

Hastalıkla, kimyasal ilaç kullanarak yada dayanıklı buğday hatları geliştirilerek mücadele edilmektedir. Buğday tohumlarının 2-3 yıl ilaçlanmaması durumunda % 90'a varan oranda ürün kaybı olmaktadır (Gassner ve Göydün, 1938; Bremer, 1948). Ancak, kimyasal ilaç kullanımını çevreye zarar vermesi, ekonomik olmaması ve organik tarımda açısından uygun olmaması sebebiyle tercih edilmemektedir. Verim kayıplarını önlemek için atılacak diğer bir adım ise hastalığa karşı dayanıklı buğday hatlarının geliştirilmesidir. Buğdaylarda sürme hastalığına karşı dayanıklılık bt (bt1, bt2, bt3, bt4, bt5, bt6, bt7, bt8, bt9, bt10, bt11, bt12, bt13, bt14, bt15) genleriyle kontrol edilmektedir (Matanguihan ve Murphy, 2011).

Direnç kaynakları, kültürü yapılan çeşitlerde ıslah programları için önemli bir araçtır. Klasik ıslah sürecinde sürmeye direnç, doğal ve yapay çevre koşulları altında seleksiyon yapılarak değerlendirilmektedir (Cota ve ark., 2010). Klasik bitki ıslahı, melezleme sonucu elde edilen ve açılım gösteren döller arasından üstün genotiplerin fenotipik reaksiyonlarına dayanmaktadır. Ancak, genotip ve çevre etkileşiminden dolayı bu uygulama oldukça zorlaşmaktadır. Markör destekli seleksiyonla, klasik bitki ıslahında karşılaşılan bu sorunlara alternatif geliştirmek olasıdır (Güleç ve ark., 2010).

Moleküler markörlerin, bitki türlerinin genetik çeşitliliğini belirlemede iyi bir teknik olduğu kanıtlanmıştır (Kellerhals ve ark., 2000) Yapılan çalışmalarda, moleküler markörlerin genetik kaynakların varyasyonunu tespit etmede gen bankaları tarafından kullanılacak yararlı bir araç olduğu da belirtilmiştir (Güleç ve ark., 2010).

Bu çalışmada, sürme hastalığına karşı dayanıklı ve hassas buğday çeşitlerinin genetik yakınlıkları ISSR-PCR yöntemi ile belirlenmesi ve oluşturulan filogenetik ağaç ile buğday

çeşitlerinin, patojen virülensine karşı genotipik çeşitliliklerine bağlı olarak ağaç üzerinde nasıl gruplandıklarını tespit etmek amaçlanmıştır.

MATERYAL VE METOT

Çalışma materyali

Çalışmada, Eskişehir Geçit Kuşağı Tarımsal Araştırma Enstitüsünden temin edilen 11 adet ekmeçlik buğday çeşidi ve karışık sürme izolatları materyal olarak kullanılmıştır (Tablo 1).

Tablo 1. Tarla denemelerinde kullanılan buğday çeşitleri ve kullanılan hastalık etmenleri

ÇEŞİTLER	ÇEŞİT NO	SÜRME İZOLATLARI
İKİZCE	1	<i>T. foetida</i> , <i>T. caries</i>
MÜFİTBEY	2	<i>T. foetida</i> , <i>T. caries</i>
YAYLA 305	3	<i>T. foetida</i> , <i>T. caries</i>
KIRAÇ 66	4	<i>T. foetida</i> , <i>T. caries</i>
SOYER 02	5	<i>T. foetida</i> , <i>T. caries</i>
SULTAN 95	6	<i>T. foetida</i> , <i>T. caries</i>
ALPU 01	7	<i>T. foetida</i> , <i>T. caries</i>
NACİBEY	8	<i>T. foetida</i> , <i>T. caries</i>
PI178383	9	<i>T. foetida</i> , <i>T. caries</i>
M732154	10	<i>T. foetida</i> , <i>T. caries</i>
ALTAY 2000	11	<i>T. foetida</i> , <i>T. caries</i>

DNA izolasyonu

Alınan yaprak örnekleri moleküler çalışmalar için -20 °C de muhafaza edilmiştir. Genomik DNA izolasyonu için 2XCTAB yöntemi kullanılmıştır (Doyle ve Doyle, 1987). Bu yöntem göre; 300 mg taze yaprak dokusu sıvı azotla toz haline getirilmiştir. Toz halindeki numuneler ependorf tüplerine alınarak CTAB solüsyonu eklenmiştir. Örnekler su banyosunda yaklaşık 30 dk. bekletildikten sonra ependorf tüplerine kloroform:izoamilalkol (24:1) (Sigma) eklenerek 10000 rpm'de 10 dk. santrifüjleme işlemi yapılmıştır. Santrifüjlenen örneklerin üst fazları alınarak yeni ependorf tüplerine aktarılmıştır. Tüplerin üzerine izopropanol (Sigma) eklenerek 2 saat -20 °C'de bekletilmiştir. İnkübasyon sonunda örnekler 7500 rpm de 5 dk. santrifüjlenerek ependorf tüpünün dibinde DNA peleti oluşumu sağlanmıştır. DNA pelet

oluşumundan sonra İzopropanol dökülerek örnekler alkol ile yıkanmış ve oda ısısında kurutulmuştur. Kurutulan peletlerin her biri DNA'ya zarar vermeyecek şekilde saf su ile çözülmüştür.

ISSR- PCR

Buğday ve sürme örneklerinin ISSR-PCR analizi için, dizi bilgileri British Columbia Üniversitesi Biyoteknoloji Laboratuvarından (Kanada) temin edilen 15 farklı ISSR primeri taranmış ve bu primerlerden 10 tanesi yüksek oranda polimorfizm göstermesinden dolayı genetik çeşitliliği belirlemede kullanılmıştır (Tablo 2).

Her bir reaksiyon (25 µl), 2,5 mM MgCl₂ (Fermentas), 0,2 mM dNTP (dATP, dCTP, dGTP, dTTP), (Fermentas), 1 µM Primer (Sigma), 1 U TaqPolymerase (Fermentas), 2,5 µl 10XPCR tampon (Fermentas), 10 ng genomik DNA içermektedir.

PCR reaksiyonu; 95 °C 4 dakika ön denatürasyon, 94 °C 45 saniye denatürasyon, 40-65 °C arası farklı primerler için 45 saniye oturma ısısı, 72 °C 90 saniye uzama ve 72 °C 7 dakika final uzaması şeklinde 45 döngü olarak Techne TC Plus thermal cycler (Techne Inc., Amerika) cihazında gerçekleştirilmiştir. Tüm reaksiyonlar 3 tekrar şeklinde gerçekleştirilmiştir. PCR ürünleri, Etidyum Bromür (0,5 µg/mL) içeren % 1,2'lik agaroz jelde yürütülmüştür. Yürütme işlemi tamamlandıktan sonra oluşan bant profilleri U.V. transillüminatör altında gözlemlenmiş ve Gel Logic 212Pro (Carestream, Amerika) jel dökümantasyon sistemi kullanılarak fotoğraflanmıştır. PCR sonrasında oluşan bantların büyüklükleri 100 bp Plus DNA Ladder (Fermentas) kullanılarak kıyaslanmıştır.

Tablo 2. Taranan ISSR primerleri ve tarama sonuçları.

	Primer Kodu	Primerin Dizisi (5'...3')	TA°C	Sonuç
1	ISSR-01	GAGAGAGAGAGAGAGG	52.8	Polimorfik
2	ISSR-02	GAGAGAGAGAGAGAGAT	50.4	Polimorfik
3	ISSR-10	GGGTGGGTTGGGGTG	58.8	Polimorfik
4	ISSR-829	TCTCTCTCTCTCTCG	52.8	Polimorfik
5	ISSR-847	CACACACACACACARC	53.7	Polimorfik
6	ISSR-861	ACCACCACCACCACC	60.5	Polimorfik
7	ISSR-866	CTCCTCCTCCTCCTC	60.5	Polimorfik
8	ISSR-890	CCGCCGCCGCCGCCG	47.9	Polimorfik
9	ISSR-08	GTGCGTGCGTGCGTG	59.4	Polimorfik
10	ISSR-06	GAGAGAGAGAGAGAGAC	52.8	Polimorfik
11	ISSR-814	CTCTCTCTCTCTCTA	50.4	Sonuç çıkmadı
12	ISSR-819	CACACACACACACAG	50.4	Sonuç çıkmadı
13	ISSR-862	AGCAGCAGCAGCAGC	60.5	Sonuç çıkmadı
14	ISSR-7	GACAGACAGACAGACA	49.2	Sonuç çıkmadı
15	ISSR-9	GGATGGATGGATGGAT	49.2	Sonuç çıkmadı

Veri analizi

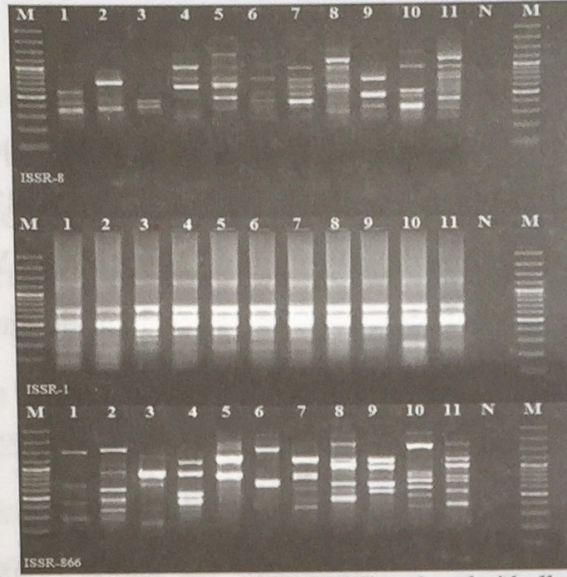
Elde edilen bantlar Phoretix1DPro program ile analiz edilerek, var (1) ya da yok (0) şeklinde (Binary yöntemine göre) değerlendirilmiştir. UPGMA yöntemine göre Jaccard benzerlik ve mesafe matrisi oluşturulmuş, elde edilen veriler ile filogenetik ağaç çizimi gerçekleştirilmiştir.

Etmenin patojenisite etkisini belirlemek için buğday çeşitlerinin ekilmesi

Buğday çeşitlerinde sürme hastalık oranlarının belirlenmesi için yapılan denemeler 2011-2012 yıllarında Eskişehir Geçit Kuşağı Tarımsal Araştırma Enstitüsü tarlalarında kurulmuştur. Çeşitler 1m X 1m boyutlarındaki parsellere, sıra arası 30 cm ve bloklar arasında 50 cm mesafe kalacak şekilde ekilmiştir. Hastalık oranları Hoffman ve Kendrick (1968) skalası ile değerlendirilmiştir. Buna göre % 11 den yüksek oranda hastalık belirlenen çeşitler hassas olarak değerlendirilmiştir.

SONUÇLAR

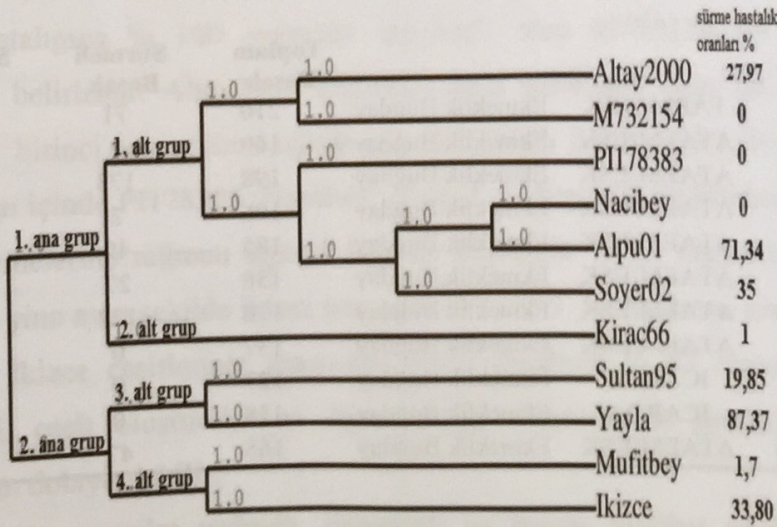
Buğday çeşitlerinde genetik çeşitliliği belirlemek, DNA düzeyindeki genetik farklılıkları ve benzerlikleri tespit etmek için 10 ISSR primerleri kullanılarak yapılan PCR çalışmaları sonucunda toplam 289 DNA bant'ı elde edilmiştir. Rastgele seçilen 3 ISSR primerinin bantlaşması Şekil 1' de gösterilmiştir. Elde edilen bantların tamamı polimorfik olup polimorfizm oranı % 100 dür. En yüksek bantlaşma 37 DNA bant'ı ile ISSR-866 ve ISSR-8 primerlerinde görülürken, en az bantlaşma 15 DNA bant'ı ile ISSR-890 no.'lu primerinde görülmüştür (Tablo 3). Elde edilen bu bantlardan UPGMA yöntemine göre Jaccard benzerlik ve mesafe matrisi oluşturulmuş (Şekil 2), filogenetik ağaç çizimi gerçekleştirilmiştir (Şekil 3).



Şekil 1. 11 buğday çeşidine ait ISSR-8, ISSR-1 ve ISSR-899 ile primerleri kullanılarak elde edilen bant görüntüleri. M: 100 bp Plus DNA Ladder (Fermentas), 1-11:Buğday çeşitleri, N: Negatif kontrol

No	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
1	1	0.175	0.115	0.091	0.099	0.096	0.081	0.089	0.087	0.159	0.115
2		1	0.156	0.091	0.130	0.152	0.133	0.172	0.107	0.112	0.094
3			1	0.154	0.130	0.162	0.133	0.136	0.103	0.132	0.096
4				1	0.120	0.116	0.173	0.158	0.161	0.156	0.156
5					1	0.149	0.185	0.189	0.174	0.148	0.141
6						1	0.139	0.184	0.107	0.124	0.124
7							1	0.228	0.163	0.188	0.152
8								1	0.198	0.178	0.184
9									1	0.161	0.169
10										1	0.193
11											1

Şekil 2. Jaccard Benzerlik Matrisi: 1.Ikizce, 2.Mufitbey, 3.Yayla, 4.Kirac66, 5.Soyer02, 6.Sultan95, 7.Alpu01, 8.Nacibey, 9. PII78383, 10. M732154, 11. Altay 2000



Şekil 3. UPGMA cluster analizi ile elde edilen buğday çeşitlerinin genetik çeşitliliğini gösteren dendrogram.

Yapılan tarla çalışmaları sonucunda buğday çeşitlerinin sürmeye karşı hastalık oranları belirlenmiştir (Tablo 4). Müfitbey, Kıraç66, Nacibey, PI178383 ve M732154 çeşitleri hastalığa karşı % 100'e varan oranda dayanıklılık gösterirken, Yayla305'in % 87.37 ve Alpu01'in ise % 71.34 oranında hastalığa karşı hassas çeşitler olduğu tespit edilmiştir.

Tablo 3. Buğday çeşitlerinde 10 ISSR primeri kullanılarak elde edilen bantlaşma sonuçları.

Primer No	Primerin Dizisi (5'...3')	Toplam Bant Sayısı	Polimorfik Bant Sayısı	Monomorfik Bant Sayısı	Polimorfizm Oranı (%)
ISSR-01	GAGAGAGAGAGAGAGG	29	29	-	100
ISSR-02	GAGAGAGAGAGAGAGAT	26	26	-	100
ISSR-10	GGGTGGGTTGGGGTG	31	31	-	100
ISSR-829	TCT CTC TCT CTC TCT CG	31	31	-	100
ISSR-847	CAC ACA CAC ACA CAC ARC	27	27	-	100
ISSR-861	ACC ACC ACC ACC ACC ACC	25	25	-	100
ISSR-866	CTC CTC CTC CTC CTC CTC	37	37	-	100
ISSR-890	CCG CCG CCG CCG CCG CCG	15	15	-	100
ISSR-08	GTGCGTGCGTGCGTGC	37	37	-	100
ISSR-06	GAGAGAGAGAGAGAGAC	31	31	-	100

Tablo 4. Yapılan tarla çalışmaları sonucunda elde edilen sürme hastalık oranları.

No	Çeşit/Melez	Buğday Tipi	Sürme	Hastalık Reaksiyonu			
			Toplam Başak	Sürmeli Başak	Sürme hastalık oranı%		
1	İkizce 96	TARM/ANK	Ekmeklik Buğday	210	71	33.8	S
2	Müfitbey	ATAEM/ESK	Ekmeklik Buğday	169	3	1.7	R
3	Yayla 305	ATAEM/ESK	Ekmeklik Buğday	198	173	87.37	S
4	Kıraç66	ATAEM/ESK	Ekmeklik Buğday	196	2	1	R
5	Soyer02	ATAEM/ESK	Ekmeklik Buğday	185	49	35	S
6	Sultan 95	ATAEM/ESK	Ekmeklik Buğday	136	27	19.85	S
7	Alpu 2001	ATAEM/ESK	Ekmeklik Buğday	178	127	71.34	S
8	Nacibey	ATAEM/ESK	Ekmeklik Buğday	137	0	0	R
9	PI178383	ICARDA	Ekmeklik Buğday	127	0	0	R
10	M732154	ICARDA	Ekmeklik Buğday	118	0	0	R
11	Altay 2000	ATAEM/ESK	Ekmeklik Buğday	168	47	27.97	S

TARTIŞMA

PCR temelli moleküller DNA markörü olan ISSR (Inter Simple Sequence Repeat) basit dizi tekrarları olarak da tanımlanmaktadır. Furan ve Yüce'nin 2009 yılında yaptıkları bir çalışmada, ISSR markörleri kullanarak ekmeklik buğdaylardaki polimorfizm ile sarı pasa dayanıklılığın ilişkisini ortaya çıkarmayı amaçlamışlardır. 5 ISSR primerinden elde ettikleri sonuçlardan, dayanıklı ve duyarlı bitkilerin farklı bantlaşmalara sahip olduklarını gözlemlemişlerdir (Furan ve Yüce'nin 2009). Khavarinejad ve ark.'nın 2013 yılında 10 buğday çeşidi üzerinde yaptıkları bir çalışmada da, 6 RAPD markörü kullanarak 33 polimorfik allel tespit ederken ve 5 SSR markörü ile 17 polimorfik allel tespit etmişlerdir. (Khavarinejad ve ark., 2013). Fakat her iki çalışmada da dayanıklılığı doğrudan gösteren spesifik bir markör gen varlığı teyit edilememiştir. Bu çalışmada, sürmeye karşı reaksiyonları açısından dayanıklı ve hassas durumları daha önceden bilinen 11 ekmeklik buğday çeşidi kullanılmıştır. Buğday örneklerinin genetik çeşitliliğini belirlemek için 10 ISSR markörü kullanılarak PCR reaksiyon sonuçları karşılaştırılmış ve bir filogenetik ağaç oluşturulmuştur. Elde edilen bulgular sonucunda, UPGMA yöntemi ile çizilen filogenetik ağaç üzerinde 2 ana ve bunlara bağlı 4 alt grup olduğu görülmüştür (şekil 3). Alt gruplarda kümelenme gösteren çeşitlerin genotip olarak birbirine en yakın çeşitler olduğu düşünülmektedir. Bu 4 alt gruptan altay2000, M732154, PI178383, Nacibey, Alpu01, Soyer02 çeşitleri birinci alt grubun içinde benzer genotipe sahip kümelenmeler gösterirken, 2. alt grubu oluşturan kıraç66 çeşidi tek başına bir grup oluşturarak 1. alt gruptan ayrılmıştır. Birinci ana gruptan genotipik farklılıklar göstererek ayrılan ikinci ana grubu ise Sultan ve Yayla çeşitleri (3. alt grup) ve Müfitbey ve İkizce çeşitleri (4. alt grup) oluşturmuştur.

Sürme hastalığına % 100 oranında dayanıklı olan M732154 ile % 72 oranında dayanıklı olduğu belirlenen Altay2000 çeşidinin hem genotipik hem de fenotipik olarak benzer oldukları, birinci ana grubun içinde aynı alt grupta bulunmaları ile tespit edilmiştir. Yine bu alt grubun içinde PI178383, Nacibey, Alpu01 ve Soyer02 çeşitlerinin benzer genetik çeşitlenme göstermelerine rağmen alpu01 buğday çeşidinin % 71 oranında hastalığa karşı hassas olması, ve yine aynı şekilde ikinci ana grubun 2. ve 3. alt kollarını oluşturan Sultan95, Yayla, Müfitbey İkizce çeşitlerinin arasından yayla çeşidinin % 87 oranında aşırı hassas olmasının sebebi, çeşit oluşturulurken dayanıklılığı oluşturan bt genlerinin tam olarak aktarılmamasından dolayı olabilir.

Bu elde edilen veriler ışığında, dayanıklı ve hassas buğday çeşitlerinin genomik çeşitliliklerinin sürme hastalığına direnç bakımından da büyük oranda benzerlik gösterdiği

tespit edilmiştir. Bu durum; genomik benzerlikleri olan çeşitlerin, hastalığa dirençli olmaları bakımından da yakın oldukları ve örtüşüklerini ortaya koymaktadır. Sultan 95 ve Yayla 305 aynı grup içerisinde aynı oranlarda genetik çeşitlilik gösterirken, Müfitbey ve İkizce de 4. alt grupta yakın oranda benzerlik göstermiştir.

Sonuç olarak bu çalışmada sürme hastalığına karşı markör geliştirme çalışmalarına kaynak teşkil edebilecek bir ön araştırma niteliğine sahiptir. Aynı zamanda dayanıklılık ıslahı çalışmalarında moleküler markör yöntemlerin gerekliliği ve önemi vurgulanmaya çalışılmıştır.

Teşekkür

Çalışmada, buğday örneklerinin teminindeki yardımlarından dolayı Eskişehir Geçit Kuşağı Tarımsal Araştırma Enstitüsünden Aysel YORGANCILAR'a ve bilimsel katkılarından dolayı Prof. Dr. Fahri ALTAY'a teşekkür ederiz.

Kaynaklar

- Bremer, H., 1948. Türkiye Fitopatolojisi. II. Kısım I. Güney Matbaacılık ve Gazetecilik T.A.O. Ankara, 237.
- Cota, C. L., Pamfil, D., Botez, C., Grigoras, M., 2010. Preliminary Studies on Microsatellite Marker Analysis of Resistance to Common Bunt in several Wheat Genotypes (*Triticum aestivum* L.), Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj., 38 (2), 42-47.
- Cristina, C. L., Botez, C., Bota, D., Lucaci, M., 2007. Genetic Marker Assisted Selection For Common Bunt Resistance (*Tilletia* sp.) in Some Wheat Lines. Bulletin USAMV-CN, 60-63.
- Furan, M. A., Yüce, S., 2009. Buğdayda Sarı Pasa Dayanıklı ve Duyarlı Bazı Çeşit ve Hatların SSR Analizleri, Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi, ISSN 1018-8851
- Gassner, G., ve Göydün, A., 1938. Muhtelif *Tilletia foetens* ve *Tilletia ititici* Soylarının İntaş Süratleri İle Enfeksiyon Kabiliyetlerine Dair Tetkikler, Zir. Vekaleti Yay., Seri B., Takım 10 (2), 40-45.
- Goates, B. J., 1996. Common bunt dwarf bunt. Bunt and smut diseases of wheat: concept and methods of disease management, Mexico, 12-25.
- Güleç, T. E., Yıldırım, A., Sönmezoglu, Ö. A., 2010. Bitkilerde Markör Destekli Seleksiyon, Türk Bilimsel Derlemeler Dergisi, 3 (2): 67-79.
- İren, S. 1962. Tarla Bitkileri Hastalıkları, Türk Ziraat Yüksek Mühendisleri Birliği Neşriyatı, Sayı 27:64.
- Kellerhals, M., Koch, T., Gessler, C., 2000. Virulence Pattern of *Venturia inaequalis* Field Isolates and Corresponding Differential Resistance in *Malus domestica*. Swiss Federal Research Station for Fruit-Growing, Wädenswil, Switzerland.
- Khavarinejad, M. S., Karimov, M., Samadi, M., 2013. Evaluation of RAPD and SSR Molecular Markers in Bread Wheat Genotypes, International Journal of Plant, Animal and Environmental Science, 2231-4490. Matanguihan, J. B., Murphy, K. M., 2011. Control of Common Bunt In Organic Wheat, Plant Disease, 95, 92-103.
- Nagy, E. ve Moldovan, V., 2007. The Effect on fungicides treatments on the wheat common bunt (*Tilletia* spp.) in Transylvania. Romanian Agricultural Research, 24:33-38.
- Özkan, M., 1956. Sürme Hastalığının Türkiye'de Yayılışı, Biyolojisi ve Mücadelesi Üzerine Araştırmalar, Tar. Bak. Yay., Sanat Matbaa Ankara.
- Doyle, J. J. and Doyle, J. L., 1987. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. Phytochem. Bull., 19, 11-15.
- Hoffman, I. A., ve Kendrick, E. L., 1968. A new pathogenic race of *Tilletia foetida*. Pl. Dis. Repr., 52:7, 569-570.