

ANADOLU ÜNİVERSİTESİ



**BİLECİK ŞEYH EDEBALI
ÜNİVERSİTESİ**

**Fen Bilimleri Enstitüsü
Moleküler Biyoloji ve Genetik Anabilim Dalı**

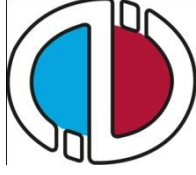
**BAZI EKMEKLİK BUĞDAY ÇEŞİTLERİNDE SÜRME
HASTALIĞINA KARŞI DAYANIKLILIĞIN KALITIMI**

**Gülçin AKGÖREN PALABIYIK
Doktora Tezi**

Yrd. Doç. Dr. İsmail POYRAZ

BİLECİK, 2016

Ref.No:10102164



ANADOLU ÜNİVERSİTESİ



**BİLECİK ŞEYH EDEBALI
ÜNİVERSİTESİ**

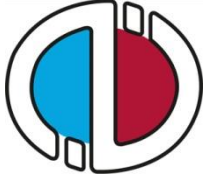
**Fen Bilimleri Enstitüsü
Moleküler Biyoloji ve Genetik Anabilim Dalı**

**BAZI EKMEKLİK BUĞDAY ÇEŞİTLERİNDE SÜRME
HASTALIĞINA KARŞI DAYANIKLILIĞIN KALITIMI**

**Gülçin AKGÖREN PALABIYIK
Doktora Tezi**

Yrd. Doç. Dr. İsmail POYRAZ

BİLECİK, 2016



ANADOLU UNIVERSITY



**BILECIK SEYH EDEBALI
UNIVERSITY**

**Graduate School of Sciences
Molecular Biology and Genetics**

**HEREDITY OF RESISTANCE AGAINST COMMON
BUNT IN SOME BREAD WHEAT VARIETIES**

**Gülçin AKGÖREN PALABIYIK
Doctoral Thesis**

**Thesis Advisor
Yrd.Doç.Dr. İsmail POYRAZ**

BILECIK, 2016



BİLECİK ŞEYH EDEBALI ÜNİVERSİTESİ

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

DOKTORA

JÜRİ ONAY FORMU

Bilecik Şeyh Edebali Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Yönetim Kurulunun 31/12/2015 tarih ve 51 sayılı kararıyla oluşturulan jüri tarafından 18/01/2016 tarihinde tez savunma sınavı yapılan Gülçin AKGÖREN PALABİYİK'in, "Bazı Ekmeklik Buğdaylarda Sürme Hastalığına Dayanıklılığın Kalıtımı" başlıklı tez çalışması Moleküler Biyoloji ve Genetik Anabilim Dalında DOKTORA tezi olarak oy birliği/ oy çokluğu ile kabul edilmiştir.

JÜRİ

ÜYE Yrd. Doç. Dr. İsmail POYRAZ
(TEZ DANIŞMANI):

ÜYE: Prof. Dr. Fahri ALTAY

ÜYE: Prof. Dr. Kayıhan Z. KORKUT

ÜYE: Prof. Dr. İsmet BAŞER

ÜYE: Doç. Dr. Emel SÖZEN

MOLEKÜLER BİYOLOJİ ve GENETİK ANABİLİM DALI BAŞKANI:

ONAY

Bilecik Şeyh Edebali Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Yönetim Kurulunun/..../.....
tarih ve/..... sayılı kararı.

TEŐEKKÜR

Doktora alıőmamda ve derslerimde bana danıőmanlık ederek, beni ynlendiren ve her trl olanađı sađlayan danıőmanım, Sayın Yrd. Do. Dr. İsmail POYRAZ'a sonsuz teőekkr bir bor bilirim.

alıőmalarım esnasında kıymetli bilgi ve desteklerini esirgemeyen ve yolumu aydınlatan Sayın Hocam Prof. Dr. Fahri ALTAY'a, tez alıőmam boyunca bilgisi ve her daim pozitif yaklaőımı ile bana alıőma gc veren Sayın Hocam Emel SZEN'e teőekkrlerimi arz ederim.

Hayatım boyunca attıđım her adımda yanımda olan ve bugnlere ulaőmamı sađlayan Annem Nimet AKGREN'e, alıőmamın her aőamasında fedakrca yanımda olan eőim M. Emre PALABIYIK'a ve tm aileme, iten teőekkrlerimi sunarım.

Doktora alıőma srecimde bana her trl imkan ve olanaktan yararlanma fırsatı veren Bilecik Őeyh Edebalı niversitesi hocalarına ve personeline, arazi alıőmalarım boyunca her trl desteđi sađlayan Eskiőehir Geit Kuőađı Tarımsal Araőtırma Enstits Mhendisleri Sayın Aysel YORGANCILAR, zcan YORGANCILAR'a ve Mustafa AKMAK'a ve tm Enstit alıőanlarına teőekkrlerimi sunarım.

Glin AKGREN PALABIYIK

ÖZET

Buğday, tüm dünyada en önemli temel besin kaynağıdır. Bu nedenle tarımsal üretimde en geniş üretim ve en yaygın kullanım alanına sahiptir. Artan dünya nüfusu ile birlikte buğday üzerine yapılan çalışmalar, daha çok verim ve kalitenin artırılması üzerine odaklanmıştır.

Bu çalışmada, sürmeye dayanıklılık açısından önceden belirlenen 12 buğday çeşidi (Alpu 01, Altay 2000, İkizce, Kıraç 66, Sultan 95, Soyer 02, Karahan 99, Nacibey, Yayla 305, Müfitbey, PI178383 ve M732154) kullanılmıştır ve dayanıklılık özelliklerinin anlaşılması amacıyla çalışmada kullanılmak üzere melezlemeler yapılarak direnç kaynakları oluşturulmuştur. Dayanıklılık durumunu daha net göstermek için, melezleme aşamasında sürme ırk ayırıcı setinde yer alan bazı çeşitler de kullanılmıştır. Melezleme ile elde edilen kombinasyonların F₂ kademesindeki hastalık okumaları tarlada yapılmıştır. Elde edilen hastalık reaksiyonlarına ait verilerde, X² (Khi-Kare) testi yapılarak sürme hastalığına dayanıklılık bakımından kalıtım biçimleri araştırılmıştır. On iki buğday çeşidi ve bu çeşitlerin melezinden elde edilen 64 kombinasyonun yaprak örneklerinden klasik CTAB yöntemi ile DNA izolasyonu yapılmıştır. İzole edilen DNA'lar 20 farklı ISSR primeri kullanılarak PCR yöntemi ile çoğaltılmıştır. PCR ürünlerinin bant analizi Phoretix1DPro programı ile gerçekleştirilmiş ve binary yöntemiyle elde edilen veriler kullanılarak UPGMA metoduyla Jaccard Benzerlik Matrix'i elde edilmiştir. Buğday çeşitleri arasındaki genetik yakınlık ve uzaklığı gösteren filogenetik ağaç oluşturulmuştur. Dendrogram değerlendirilirken çeşitlerin pedigrileri de göz önüne alınmış ve ortak ataya sahip olan melezlerin kendi içlerinde dengeli bir dağılım sergilediği gözlenmiştir.

Sonuç olarak, sürme hastalığıyla mücadelede, dayanıklı buğday çeşitlerinin geliştirilmesi üzerine temellenmiş çalışmalarda moleküler yöntemlerin kullanılmasının daha hızlı ve etkin olduğu görülmüştür.

Anahtar Kelimeler: Buğday, Sürme, Dayanıklılık, Islah, ISSR-PCR

ABSTRACT

Wheat is most important basic food source in all around the world. Therefore, it has most wide production and prevalent usage area in agricultural production. Together with growing of the world population, the studies based on wheat focus on more efficiency and increasing of quality.

In this study, the predetermined 12 wheat varieties (Alpu 01, Altay 2000, İközce, Kırac 66, Sultan 95, Soyer 02, Karahan 99, Nacibey, Yayla 305, Müfitbey, PI178383 and M732154) for resistance were used and resistance sources for using in study were composed with hybridization works for the purpose of understanding of resistance characteristics. For clearly showing of resistance situation, some varieties in differential set of wheat lines against common bunt were also used in the hybridization stage. The disease-reads at F₂ grade of combinations obtained with hybridization works were made in field. Heredity forms in point of resistance against common bunt disease were investigated by X² (chi square) test analysis method in data of the obtained disease reactions. DNA isolation from leaf samples of twelve wheat varieties and 64 combinations obtained from hybrids of these varieties was performed by classic CTAB method. Isolated DNA samples were amplified by PCR using 20 different ISSR primers. Band analysis of PCR results was carried by Phoretix1DPro software and Jaccard Similarity Matrix was obtained UPGMA method using binary data. Phylogenetic tree that shows genetic similarity and distance among wheat varieties was drawn. Pedigrees of varieties were also considered during evaluation of dendrogram and present of a balanced distribution among hybrids having a common ancestor was observed.

Finally, it was seen that in fight against common bunt disease and development of resistant wheat varieties using molecular methods is more fast and efficient.

Keywords: Wheat, Common bunt, Resistance, Breeding, ISSR-PCR.

İÇİNDEKİLER

JÜRİ ONAY SAYFASI	
TEŞEKKÜR	
ÖZET.....	I
SİMGELER VE KISALTMALAR	V
ÇİZELGELER DİZİNİ	VII
ŞEKİLLER DİZİNİ	IX
EKLER.....	XII
1. GİRİŞ	1
2. BÖLÜM VE ALT BÖLÜMLER	4
2.1. Buğday ve Kökeni	4
2.1.1. Buğdayın önemi	4
2.1.2. Buğdayın önemli hastalıkları	5
2.2. Bitkilerde Hastalık Kavramı	5
2.2.1. Fungal hastalıkların gelişimi	8
2.3. Bitkilerde Hastalıklara Karşı Dayanıklılık Kavramı.....	12
2.3.1. Dayanıklılığın kullanılması	13
2.3.2. Gen tahminlemesi.....	14
2.4. Bitkilerde Markör Destekli Seleksiyon	16
2.4.1. ISSR PCR yöntemi	17
2.4.2. Bitki ıslahında uygulamalı genetik.....	18
3. LİTERATÜR ÖZETLERİ.....	20
4. MATERYAL VE METOT	29
4.1. Çalışma Materyali ve Ön Hazırlık:.....	29
4.2. Tarla çalışmaları	29
4.2.1. 1. Yıl tarla çalışmaları	30
4.2.2. 2. Yıl tarla çalışmaları	31

4.2.3. 3. Yıl tarla çalışmaları	31
4.2.4. 4. Yıl tarla çalışmaları	31
4.2.4. Melezlemede işlem basamakları.....	32
4.2.5. Tarla verilerinin değerlendirilmesi	33
4.3. Laboratuvar Çalışmaları.....	34
4.3.1. Tohumların sterilizasyonu.....	34
4.3.2. Buğday yapraklarından genomik DNA izolasyonu	36
4.3.3. DNA'nın spektrofotometre'de ölçümü, miktar ve kalite tayini	37
4.3.4. ISSR-PCR için kalıp DNA hazırlığı	38
4.3.5. ISSR-PCR Analizleri	38
5. BULGULAR.....	43
5.1.Tarla çalışmaları	43
5.1. Genomik DNA İzolasyonu	47
5.2. Genomik DNA'nın Spektrofotometre'de Ölçümü, Miktar ve Saflık Tayini	47
5.3. ISSR-PCR için Kalıp DNA Hazırlığı	48
5.4. ISSR-PCR Sonuçları ve Polimorfizm Bilgi İçeriğinin Hesaplanması	48
4. TARTIŞMA SONUÇ	83
KAYNAKLAR	99

SİMGELER VE KISALTMALAR

A	: Adenin
bç (bp)	: Baz çifti
C	: Sitozin
CTAB	: Cetil Three Metil Amonyum Bromid
DNA	: Deoksiribonükleik Asit
dNTP	: Deoksinükleotid tri Fosfat
EDTA	: Etilendiamin-tetra Asetik Asit Di Sodyum Tuzu
FAO	: Food and Agriculture Organization of the United Nations (Birleşmiş Milletler Tarım ve Gıda Örgütü)
G	: Guanin
GKTAEM.	: Geçit Kuşağı Tarımsal Araştırma Esntitüsü
ICARDA	: The International Center for Agricultural Research in the Dry Areas (Uluslararası Kurak Alanlarda Tarımsal Araştırma Merkezi)
ISSR	: Inter Simple Sequence Repeats (Basit Dizi Arası Tekrarları)
M	: Molar
MİKHAM	: Bahri Dağdaş Milletler Arası Kışlık Hububat Araştırma Merkezi
mg.	: Miligram
Mg ⁺²	: Magnezyum
MgCl ₂	: Magnezyum klorur
ml	: Mililitre
mm	: Milimetre
mM	: Milimolar
NaOH	: Sodyum Hidroksit

ng	: Nanogram
nm	: Nanometre
ORZA	: Orta Anadolu Zirai Arařtırma Enstitüsü
PCR	: Polymerase Chain Reaction (Polimeraz zincir reaksiyonu)
RAPD	: Randomly Amplified Polymorphic DNA (Rastgele ođaltılmıř Polimorfik DNA)
RFLP	: Restriction Fragment Length Polymorphism (Kesilmiř Para Uzunluk Polimorfizmi)
SSR	: Simple Sequence Repeats (Basit dizin tekrarları)
T	: Timin
Taq	: Taq polimeraz enzimi
TBE	: Tris- borik asit- EDTA
UPGMA	: Unweighted pair group method with arithmetic means
UV	: Ultraviyole
V	: Volt
μg	: Mikrogram
μl	: Mikrolitre
μM	: Mikromolar
X^2	: Khi-kare

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 2.1. Sürme hastalığında ırk ayırıcı set.

Çizelge 4.1. Buğday çeşitlerinin pedigrileri, hastalık reaksiyonları ve orjinleri.

Çizelge 4.2. İnokülasyonda kullanılan *Tilletia* izolatları, coğrafi orjinleri ve izole edildikleri konakçılar.

Çizelge 4.3. Kullanılan ISSR primerleri ile ilgili bilgiler.

Çizelge 4.4. Kullanılan ISSR-PCR bileşenleri ve miktarları.

Çizelge 4.5. ISSR-PCR uygulama protokolü.

Çizelge 5.1. Ebeveynlerin hastalık oranları.

Çizelge 5.2. F₂ kademesi hassas x dayanıklı melezlerin hastalık oranları.

Çizelge 5.3. F₂ kademesi dayanıklı x dayanıklı melezlerin hastalık oranları.

Çizelge 5.4. Dayanıklı x dayanıklı mezlere ait allelizm tablosu.

Çizelge 5.4. Dayanıklı x dayanıklı mezlere ait allelizm tablosu.

Çizelge 5.6. Kullanılan ISSR primerleri sunucunda ebeveynlerde elde edilen bantlaşma ve polimorfizm oranları.

Çizelge 5.7. Kullanılan ISSR primerleri sunucunda allellerde elde edilen bantlaşma ve polimorfizm oranları.

Çizelge 5.8. Allel jaccard benzerlik analizi 1. bölge.

Çizelge 5.9. Allel jaccard benzerlik analizi 2. bölge.

Çizelge 5.10. Allel jaccard benzerlik analizi 3. bölge.

Çizelge 5.11. Allel jaccard benzerlik analizi 4. bölge.

Çizelge 5.12. Allel jaccard benzerlik analizi 5. bölge.

Çizelge 5.13. Allel jaccard benzerlik analizi 6. bölge.

Çizelge 5.14. Allel jaccard mesafe analizi 1. bölge.

Çizelge 5.15. Allel jaccard mesafe analizi 2. bölge.

Çizelge 5.16. Allel jaccard mesafe analizi 3. bölge.

Çizelge 5.17. Allel jaccard mesafe analizi 4. bölge.

Çizelge 5.18. Allel jaccard mesafe analizi 5. bölge.

Çizelge 5.19. Allel jaccard mesafe analizi 6. bölge.

Çizelge 5.20. Çeşitlerin sürme hastalığına dayanıklılığını kontrol eden gen sayıları.

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 2.1. Konukçu-patojen interaksyonu.

Şekil 2.2. İnteraksiyon tipleri.

Şekil 4.1. Ekim öncesi ve sonrası tarla görüntüsü.

Şekil 4.2. Melezleme tarla görüntüsü.

Şekil 4.3. Hastalık okuma zamanı tarla görüntüsü.

Şekil 4.4. Sterilizasyon işlem basamağı görüntüsü.

Şekil 4.5. Çimlenmiş tohumların ekim görüntüsü.

Şekil 4.6. Çimlenmiş buğdayların görüntüsü.

Şekil 4.7. Fermentas gene Rruler 100 bp DNA ladder plus.

Şekil 5.1. ISSR-1 numaralı primerle buğdayda oluşan bant profilleri.

Şekil 5.2. ISSR-2 numaralı primerle buğdayda oluşan bant profilleri.

Şekil 5.3. ISSR-4 numaralı primerle buğdayda oluşan bant profilleri.

Şekil 5.4. ISSR-6 numaralı primerle buğdayda oluşan bant profilleri.

Şekil 5.5. ISSR-8 numaralı primerle buğdayda oluşan bant profilleri.

Şekil 5.6. ISSR-10 numaralı primerle buğdayda oluşan bant profilleri.

Şekil 5.7. ISSR-11 numaralı primerle buğdayda oluşan bant profilleri.

Şekil 5.8. ISSR-13 numaralı primerle buğdayda oluşan bant profilleri.

Şekil 5.9. ISSR-14 numaralı primerle buğdayda oluşan bant profilleri.

Şekil 5.10. ISSR-15 numaralı primerle buğdayda oluşan bant profilleri.

Şekil 5.11. ISSR-829 numaralı primerle buğdayda oluşan bant profilleri.

Şekil 5.12. ISSR-847 numaralı primerle buğdayda oluşan bant profilleri.

- Şekil 5.13.** ISSR-861 numaralı primerle buğdayda oluşan bant profilleri.
- Şekil 5.14.** ISSR-866 numaralı primerle buğdayda oluşan bant profilleri.
- Şekil 5.15.** ISSR-890 numaralı primerle buğdayda oluşan bant profilleri.
- Şekil 5.16.** ISSR-1 numaralı primerle allellerde oluşan bant profilleri.
- Şekil 5.17.** ISSR-2 numaralı primerle allellerde oluşan bant profilleri.
- Şekil 5.18.** ISSR-4 numaralı primerle allellerde oluşan bant profilleri.
- Şekil 5.19.** ISSR-6 numaralı primerle allellerde oluşan bant profilleri.
- Şekil 5.20.** ISSR-8 numaralı primerle allellerde oluşan bant profilleri
- Şekil 5.21.** ISSR-10 numaralı primerle allellerde oluşan bant profilleri.
- Şekil 5.22.** ISSR-11 numaralı primerle allellerde oluşan bant profilleri.
- Şekil 5.23.** ISSR-13 numaralı primerle allellerde oluşan bant profilleri.
- Şekil 5.24.** ISSR-14 numaralı primerle allellerde oluşan bant profilleri.
- Şekil 5.25.** ISSR-15 numaralı primerle allellerde oluşan bant profilleri.
- Şekil 5.26.** ISSR-829 numaralı primerle allellerde oluşan bant profilleri.
- Şekil 5.27.** ISSR-847 numaralı primerle allellerde oluşan bant profilleri.
- Şekil 5.28.** ISSR-861 numaralı primerle allellerde oluşan bant profilleri.
- Şekil 5.29.** ISSR-866 numaralı primerle allellerde oluşan bant profilleri.
- Şekil 5.30.** ISSR-890 numaralı primerle allellerde oluşan bant profilleri.
- Şekil 5.31.** Ebeveynlerde ISSR primerleri kullanılarak oluşturulan dendrogram.
- Şekil 5.32.** Ebeveyn jaccard benzerlik analizi.
- Şekil 5.33.** Ebeveyn jaccard mesafe analizi.
- Şekil 5.34.** Jaccard analiz tablosu bölgeleri.

Şekil 5.35. Allellerde ISSR primerleri kullanılarak oluşturulan dendrogram.

Şekil 5.36. Allellere ait dendrogramda allellerin hastalık oranları ve ortak ataları.

EKLER

EK-1. Yarım diallellere ait genomik DNA'ların miktar ve saflık ölçüm değerleri.

EK-2. F₂ kademesi dayanıklı x dayanıklı melezlerin hastalık oranları.

EK-3. F₂ kademesinde dayanıklı x dayanıklı melezlerin kalıtım biçimleri ve X² değerleri.

EK-4. Alpu 01 pedigri.

EK-5. Altay 2000 pedigri.

EK-6. Sultan 95 pedigri.

EK-7. İkizce pedigri.

EK-8. Karahan 99 pedigri.

EK-9. Kıraç 66 pedigri.

EK-10. Müfitbey pedigri.

EK-11. Nacibey pedigri.

EK-12. Soyer 02 pedigri.

1. GİRİŞ

Tarımsal üretim tarih boyunca bütün canlılar için hayati önem taşımıştır. Tarım, insan ve hayvan beslenmesinin temel unsurudur. 2015 Nisan ayı verilerine göre Dünya nüfusu 7.294.482.000 milyara ulaşmıştır.

Dünya nüfusu arttıkça beslenme daha da önem kazanmaktadır ve açlık Dünya nüfusunu hedef alan en önemli tehdit haline gelmektedir. 2012-2014 FAO verileri incelendiğinde yetersiz beslenme gelişmiş ülkelerde %5'in altında seyrederken, gelişmekte olan ülkelerde %11.3 oranındadır. Bu veriler 805 milyon insanın gıdaya yeterince ulaşamadığını göstermektedir. Bu durumun en kritik sonuçları 276 milyon ile Güney ve Doğu Asya'da 176 milyon ile Sahra altı Afrika'da ortaya çıkmaktadır (FAO, 2014).

Türkiye'de bitkisel üretim içerisinde tahılların ayrı bir önemi vardır. 2014 yılı verilerine göre tahıllar, 11.727 bin hektar ekim alanına sahiptir. Tahıllar arasında 7.919 bin hektar ekim alanı ve dekara 1.9 milyon ton üretimi ile buğday ilk sırada yer almaktadır (TÜİK, 2014). Tahıl üretimi içerisinde buğdayın başta gelme nedenleri hemen her iklimde yetişmesini sağlayan geniş adaptasyon yeteneği, verimi, kolay tarımsal uygulamaları, depolamaya uygunluğu, yan ürünlerinin kullanılması ile açıklanmaktadır (Kün, 1983).

Birim alandan yüksek verim elde etmek ya da verim kayıplarının önüne geçmek Dünya nüfusu üzerinde eşit besin dağılımının sağlanmasında ve aynı zamanda besin açığının kapatılmasında önemli bir rol oynamaktadır. Bu durumda ıslah kavramı gündeme gelmektedir. Ekonomik açıdan değerli bitkilerin genetik yapısının istenilen doğrultuda planlanarak geliştirilmesine ıslah denilmektedir. Islah çalışmaları uzun bir sürece gereksinim duymaktadır. Islah çalışmaları introdüksiyon, seleksiyon ve melezleme gibi yöntemler, doğal ve yapay poliploidi ve mutasyonlar yardımıyla çevre koşullarına daha uygun, hastalık ve zararlılara dayanıklı, üstün kaliteli ve verimli çeşitler geliştirmeyi hedeflemektedir (Şehirli ve Özgen, 2010).

Tarih boyunca istenilen özellikleri taşıyan bitkilerin geliştirilmesi ilgi konusu olmuş ve bu alanda pek çok çalışma yapılmıştır. Yapılan bu çalışmalarda diallel melez seçimi irdelenmiş ve diallel melez seçimi yapılmadan sadece ebeveyn seleksiyonuna

bağlı yapılan seçimlerde çok düşük ihtimallerle doğru verilere ulaşıldığı belirlenmiştir (Demir, 1990).

Bitkisel üretimde, verimi sınırlayan faktörlerin başında hastalıklar gelmekte olup, sürme tohumla geçen hastalıklar arasında önemli bir yere sahiptir. Sürme, *Tilletia* (*T. tiritici* ve *T. foetida*) etmeni buğdaylarda ürün kalitesinin azalması ve verim kayıplarının meydana gelmesine sebep olmaktadır. (Cota vd., 2007; Nagy ve Moldovan, 2007). Hastalıkla mücadele yapılmadığı durumlarda %15-20 oranında zarar yaptığı ve tohumluğun birkaç yıl ilaçlanmadan ekildiği durumlarda bu zararın % 75-90'lara kadar ulaştığı bildirilmiştir. (Gassner ve Göydün, 1938; Bremer, 1948; Onoğur, 1996; Aktaş, 2001) Dünyada da geniş alanlarda hastalığa neden olan bu etmen buğday yetiştiriciliği yapılan hemen hemen her yerde görülmektedir (Sorauer, 1962).

Ülkemizde de geniş yayılış gösteren hastalık iklimi serin olan bölgelerde daha çok ve yaklaşık %5 oranında *Tilletia caries* ile, diğer bölgelerde ise yaklaşık %95 oranında *Tilletia foetida* ile karşımıza çıkmaktadır (Özkan, 1956; İren, 1962; İren vd., 1982).

Özkan ve Damgacı (1985), yaptıkları çalışmalarında tür tanımlaması yapmışlardır. Çalışma sonucunda toplam başak sayısına göre ülke genelinde %89.7 oranında *T. foetida*, %10.3 oranında *T. caries*'e rastlanmıştır. *T. caries* Güney Doğu Anadolu bölgesinin yanında, Gaziantep, Tekirdağ ve Denizli'de yoğun yayılış göstermiştir. İren vd. (1982) Türkiye'nin buğday ekiliş alanlarından getirilen 139 sürme örneğini incelemiş ve bunlardan %83.1'ini *T. foetida* (Wallr.) Liro., %11.6'sının *T. contraversa* Kühn., ve %5.3'ünün ise *T. caries* olduğunu belirlemişlerdir. *T. caries* oranına ara form olan *T. intermedia* da dahil edilmiştir. Cüce sürme hastalığı ayrı olarak ele alındığında adi sürme hastalığında yaklaşık %95 *T. foetida*, %5 *T. caries* bulunmuştur.

Sürme hastalığında tohum ilaçlaması ile kimyasal mücadele yapılabilir. Kültürel mücadele de ekim zamanı önemli olmakla birlikte yeterli olmamaktadır. Kimyasal ilaçların kullanımının getirdiği çevresel sorunlar dikkate alındığında hastalığa karşı dayanıklı çeşit geliştirmenin en iyi korunma yöntemlerinden olduğu düşünülmektedir (Akan vd., 2005).

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 vd., 2010). Klasik bitki ıslahı, melezleme sonucu elde edilen ve açılım gösteren döller arasından üstün genotiplerin fenotipik reaksiyonlarına dayanmaktadır. Ancak genotip x çevre interaksyonundan dolayı bu uygulama oldukça zorlaşmaktadır. Islah sürecinde ebeveyn seçimi tek başına yetersiz kalabilir. Markör destekli seleksiyonla, klasik bitki ıslahında karşılaşılan bu sorunlara alternatif geliştirmek olasıdır (Güleç vd., 2010).

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

2. BÖLÜM VE ALT BÖLÜMLER

2.1. Buğday ve Kökeni

Tahıllar bitki çeşitliliği bakımından önemli kaynaklara sahiptir. Türkiye’de buğday (*Triticum spp.*), arpa (*Hordeum spp.*) ve yulaf (*Avena spp.*) gibi bitkilerin ilk kültüre alındıkları yer anlamında “Vavilov Merkezi” olarak bilinmektedir (Altındal ve Akgül, 2015).

Buğday, buğdaygiller (Graminae) familyasından buğday (*Triticum sp.*) cinside yer almaktadır. Çok sayıda tür ve alt türe sahip olan buğday, kaplıca (diploid), makarnalık (tetraploid) ve ekmeklik (hexaploid) buğdaylar olarak sınıflandırılmaktadır. Bunlar içerisinde makarnalık (*Triticum durum* Desf.) ve ekmeklik (*Triticum aestivum* L.) ve topbaş (*Triticum compactum* Host) buğday türleri geniş alanlarda ekilmektedir (Topal, 2011).

2.1.1. Buğdayın önemi

Günümüzde tahıl üretiminin özellikle buğday, mısır ve çeltik gibi stratejik bitkilerde üretiminin her yıl daha da artırılması nüfus artışı, gıda sanayisinin talebi, yem sanayisinin talebi gibi nedenlerle zorunlu hale gelmiştir (Akkaya, 2008).

Buğday, artan Dünya nüfusunun beslenmesinde hayati bir öneme sahiptir. Son yıllarda gıda güvenliği ve insan sağlığı konuları ön plana çıktıkça buğdayın önemi daha da artmıştır (Demirarslan, 2013). Gerek kolay ulaşılabilirliği gerekse besin değerlerinin yüksekliği bakımından en çok tercih edilen gıda maddesi ekmeğin ana bileşenidir. Ekim ve üretimi bakımından tahıllar bitkisel üretimde birinci sırayı alırken tahıllar içerisinde de buğday ilk sırada yer almaktadır (TÜİK, 2014).

Dünya’da üretilen buğdayın %90- 95’ini (550-600 milyon ton / yıl) ekmeklik (*T. aestivum*) buğdaylar, yaklaşık %5’ini de (30-40 milyon ton / yıl) durum (*T. durum*) buğdayları oluşturmaktadır. Ekmeklik buğdaylar Türkiye’de üretilen toplam buğdayın %85-90’ını (15-16 milyon ton / yıl), durum buğdayları ise %10-15’ini (2-3 milyon ton / yıl) oluşturmaktadır (Yüksel vd., 2011).

Artan nüfus karşısındaki gıda talebini karşılayabilmek için ıslah çalışmaları yapılmaktadır. Buğday ıslahında en temel iki konu verim ve kalite özelliklerinin iyileştirilmesidir. Dünya’da son 30-35 yılda buğday veriminde %100 lük artışın %60 verim bakımından üstün çeşitlerin geliştirilmesi ile %40’ın ise kültürel uygulamalarla sağlanmış olduğu bildirilmektedir (Mut vd., 2005).

Ülkemizde beslenmede enerjinin %66’sı tahıllardan, bunun da %56’sı ekmekten karşılanmaktadır. İdeal bir beslenmede karbonhidratların toplam enerjideki payı %55-60’dır (Elgün ve Ertugay, 1995). Buğdayın beslenmede tercih edilmesinin nedeni, insan beslenmesi için zorunlu olan vitaminlerin önemli bir kaynağı olmasıdır (Kotancılar vd., 1995). Bu nedenlerle birim alandan yüksek verim ve kalite sağlamak çok önemlidir (Furan ve Yüce, 2009).

2.1.2. Buğdayın önemli hastalıkları

Buğdayda önemli verim ve kalite kayıplarına neden olan hastalıkların başında pas (*Puccinia sp.*), sürme (*Tilletia sp.*), rastık (*Ustilago sp.*) gibi mantar hastalıkları yanında özellikle hububat ekiminin üst üste yapıldığı tarlalarda görülen kök ve kök boğazı hastalıkları gelmektedir. Hastalıklar, tüm bitkilerde olduğu gibi buğdayda da önemli verim ve kalite kayıplarına neden olmaktadır (Tosun, 2008).

2.2. Bitkilerde Hastalık Kavramı

Hastalık; bitkinin tamamının veya herhangi bir kısmının normal fizyolojik fonksiyonlarını yerine getirememesi sonucunda, bir takım belirtiler göstermesi, ürünün kalite ve kantitesinin bozularak veya azalarak bitkinin yapısının ya da gelişiminin aksaması olarak tanımlanmaktadır (Özer, 1995).

Başka bir ifadeyle bitkilerde hastalık; gıdaların, mineral maddelerin ve suyun; üretiminin, translokasyonunun ve tüketiminin bir çevre faktörü veya canlı bir varlık tarafından engellenerek etkilenen bitkinin aynı çeşidin normal sağlıklı, bir bitkisinden daha az verimli olması ve/ veya görünüş olarak değişmesidir diye tarif edilebilir (Altay, 2008).

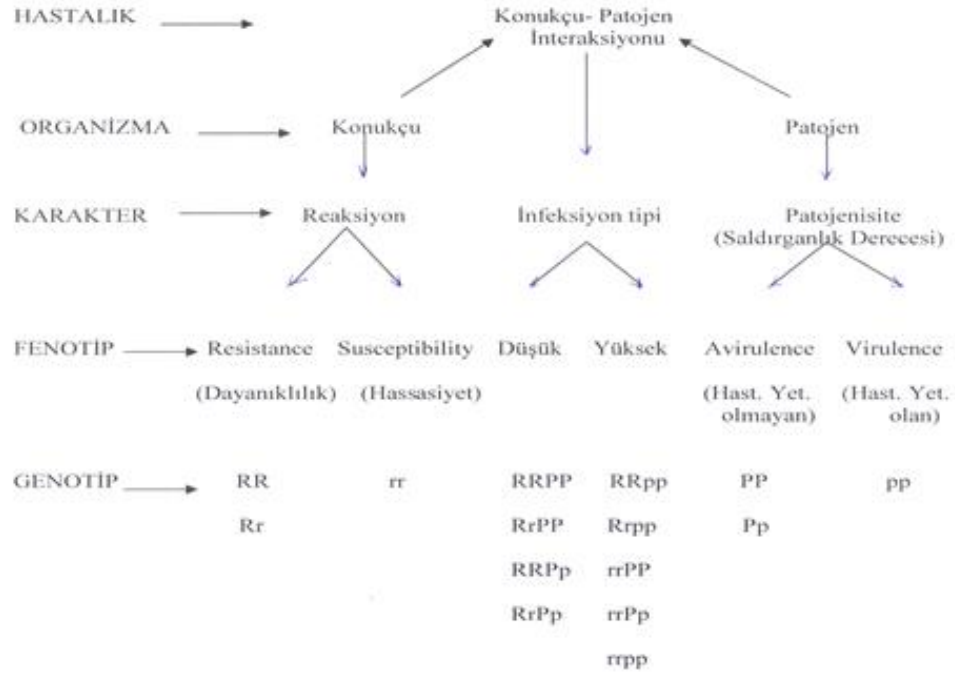
Hastalıklar, bitkileri zedelemek, yatırmak, çürütmek, fotosentez alanlarını daraltmak, iletim sistemlerinde bozukluklara neden olmak, bitkiler için anormal çevre

koşullarını yaratmak ve çiçek, meyve ya da tohumları hastalık etmenleriyle doldurmak gibi çeşitli yollarla verim azalmasına ve doğrudan ürün kaybına neden olmaktadır (Şehirli ve Özgen, 2010).

Bitki hastalıkları bazen semptomlarına göre (kök çürüklüğü, yanıklık, solgunluk, yaprak lekesi v.s.) bazen etkilenen organa göre (kök hastalıkları, yaprak hastalıkları, meyve hastalıkları, sap hastalıkları v.s.) ve bazen de bitki türlerine göre (tarla bitkileri hastalıkları, sebze hastalıkları, meyve ağaçları hastalıkları, orman ağaçları hastalıkları vb.) sınıflandırılmaktadırlar (Agrios, 1997).

Hastalık bitkilerde konukçu-patojen arasında çevre şartlarının etkisinde ortaya çıkan bir interaksyondur. Bitkilerde patojenlere tepki olarak ortaya çıkan dayanıklılık, patojenin üzerinde yaşayabildiği konukçu bitki ile patojen arasındaki ilişkiler açısından değerlendirilmektedir. Konukçu-patojen ilişkilerine göre;

- Herhangi bir patojen konukçu bir bitki üzerinde normal yaşam döngüsünü sürdürürse, bitki hassas, patojen virulent ve konukçu-patojen arasındaki ilişkiler ise uyumlu olarak tanımlanmaktadır. Patojen bitki üzerinde normal gelişimini sürdürürken, bitkide herhangi bir zarar ortaya çıkmıyorsa, bitki o patojene karşı tolerant denir.
- Herhangi bir patojen konukçu bitki üzerinde gelişme ve çoğalmasını tümüyle durdurursa, bu durumda konukçu bitki dayanıklı, patojen avirulent ve konukçu-patojen arasındaki ilişkiler de uyumsuz olarak belirtilmektedir.
- Herhangi bir patojen konukçu bitki üzerinde gelişmeye başlamakta fakat konukçu hücrenin etrafındaki komşu hücreler hızlı bir şekilde apoptosise (programlanmış hücre ölümü) geçerek patojenin konukçu bitkide yayılması önleniyorsa bu durum Aşırı Duyarlılık (Hipersensitif Tepki) olarak tanımlanmaktadır (Tör, 1998).



Şekil 2.1. Konukçu-patojen interaksiyonu (Logering, 1969).

Konukçu bitki-patojen ilişkilerinde, gerek konukçu bitki ve gerekse patojenik organizma kendi yaşam döngüsünü devam ettirmek istediğinden, konukçu bitki dayanıklılık genleri ile patojene karşı koymaya çalışırken, patojen de yeni ırklar oluşturarak konukçu bitkinin dayanıklılığını kırmaya çalışacaktır. Patojende yeni ırkların oluşturulması mutasyon, rekombinasyon ve paraseksüel çoğalma yoluyla ortaya çıkmaktadır (Van Der Plank, 1968).

Flor (1971), ketende keten pası (*Melampsora lini*) üzerindeki çalışmaları sonucunda; konukçu bitkilerde dayanıklılığı sağlayan her bir gene karşı patojende bu gene karşılık gelen ve patojenin virülensliğini kontrol eden bir genin bulunduğunu belirterek “gene karşı gen” hipotezini öne sürmüştür. Konukçu-patojen arasındaki bu tip etkileşimler doğal koşullarda sürekli olarak meydana gelmektedir. Bu nedenle, konukçu bitkilerin dayanıklılık genlerinin etkilerini kırabilecek yeni ırklar ortaya çıkabilmektedir. Bu durum, aynı çevre koşullarında olabileceği gibi, başka bölgelerde gerçekleşerek taşınabilmeleri de mümkündür.

<u>Katagori</u>	<u>Şematik</u>	<u>Açıklama</u>
I	$\begin{array}{c} R_1 \longleftrightarrow r_1 \\ \text{ve} \\ P_1 \longleftrightarrow p_1 \end{array}$	Bir organizmadaki bir lokust iki genler arasında
II	$\begin{array}{c} R_1R_1 \longleftrightarrow R_2R_2 \\ \text{ve} \\ P_1P_1 \longleftrightarrow P_2P_2 \end{array}$	Bir organizmada iki veya daha fazla lokustaki genler arasında
III	$\begin{array}{c} R_1R_1 \\ \updownarrow \\ P_1P_1 \end{array}$	İki farklı organizmanın her birinde Karşılıklı lokuslarındaki genler Arasında
IV	$\begin{array}{cc} R_1R_1 & R_2R_2 \\ \updownarrow & \longleftrightarrow & \updownarrow \\ P_1P_1 & & P_2P_2 \end{array}$	İki farklı organizmanın her birinde Karşılıklı lokuslarda genlerin İnteraksiyonları arasında

Şekil 2.2. İnteraksiyon tipleri.

İnfeksiyon tipi 4 kategoride değerlendirildiğinde, infeksiyon tek bir organizmada bir lokustaki alleller arasında ve farklı lokuslardaki gen çiftleri arasında görülebildiği gibi iki organizmanın her birisindeki karşılıklı gen çiftleri arasında da meydana gelebilmektedir.

Bu nedenle, bütün bölgelerde patojen virülanslığındaki değişimlerin izlenmesi ve buna bağlı olarak yeni patojen ırklarına dayanıklı çeşitlerin geliştirilmesi, tahıllarda hastalık etmenlerine karşı mücadelenin sürekli olması gerektiğini de ortaya koymaktadır.

Bitkilerde hastalıklar bakteri, virüs ve mantar kökenli olabilmektedir. Sürme fungal bir hastalıktır.

2.2.1. Fungal hastalıkların gelişimi

Funguslar genellikle mikroskopik, eukaryotik iplikli, dallanmış, spor oluşturabilen, klorofilsiz, yapısı kitin veya selülozdan veya her ikisinden oluşmuş hücre duvarına sahip organizmalardır (Özer, 1995).

Pek çok mantar, parazitik bitkiler ve nematodlar gibi patojenlerin de içinde olduğu eşeyssel üreme yoluyla çoğalmalarında döller arasındaki varyasyon öncelikle zigottaki mitotik bölünme esnasındaki rekombinasyon ve açılma sonucu meydana gelmektedir. Diğer taraftan bütün patojenler, özellikle bakteriler, virüsler ve mantarlar herhangi bir eşeyssel yöntem olmadan da mutasyon ve sitoplazmik adaptasyon yoluyla varyant üretebilmektedir.

Hastalık simptomsunun oluşumu parazit ile konukçu arasındaki etkileşimin sonucu olmaktadır. Sürme hastalığı fungusların Basidiomycotina alt bölümünde yer almaktadır. Bu grup fungusların en gelişmiş örneklerindedir. Karakteristik özelliği kışık sporlarının çimlenerek bazidyum (basidium) oluşturmasıdır. Eşeyli üreme bu basidium üzerinde oluşan basidiosporlar ile olurken eşeysiz üreme tomurcuklanma, misellerin bölünmesi veya konidilerle olmaktadır. Misel bölünmesi sonucunda her bir hücre bir spor haline getirmektedir. Sporlar birbirinden ayrılmakta ve etrafı koyu renkli çeperler ile çevrilmektedir. Bu sporlara klamidospore denilmektedir. Buğdayda sürme etmeni Teliomycetes sınıfından Ustilaginales takımında yer almaktadır (Özer, 1995).

2.2.1.1. Sürme etmeninin sistematığı

Sürmenin etmeni başlıca *T. foetida* ve *T. caries* türleri ile karşımıza çıkmaktadır.

- Alem : Fungi
- Bölüm : Basidiomycota
- Alt Bölüm : Ustilaginomycotina
- Sınıf : Exobasidiomycetes
- Takım : Tilletiales
- Familya : Tilletiaceae
- Genus : *Tilletia*
- Tür : *T. foetida*, *T. caries* (Index Fungorum)

2.2.1.2. Hastalığın teşhisi

Tarla koşullarında sürme hastalığı tanenin olum dönemlerindeki durumu ile teşhis edilebilmektedir. Sporların balık kokusu trimetilamin ve amonyum bileşiklerinden kaynaklanmaktadır. Olgunlaşma sürdükçe taneler sertleşir, mat bir renk alırlar ve uçtan kısmen açılırlar (Onoğur, 1996).

Hastalıklı buğday başağında yaklaşık 150 milyon sürme sporu bulunabilmekte ve bunlar ortalama 3 milyon tohumu kontamine etmektedirler (Koprivica vd., 2004).

2.2.1.3. Hastalıkla ile mücadele yöntemleri

Sürme hastalığı eski zamanlardan beri bilinen, sporlarla kontamine edilmiş tohumlar tarafından taşınan, buğdayın önemli hastalıklarındandır (Cota, 2009; Ciuca, 2011).

Sürme ile ilgili araştırmalar 1750'li yıllara uzanmaktadır. Çalışmalar Mathieu Tillet tarafından başlatılmıştır ve spor *Tilletia* olarak adlandırılmıştır (Matanguihan and Murphy, 2011). Bordeaux da bu alan da çalışmış ve buğdayda sürme hastalığını incelediği araştırmasıyla en iyi araştırma ödülünü almıştır (Matanguihan ve Jones, 2011). Ülkemizde sürme etmeninin yayılışını belirlemeye yönelik çalışmalara, 1938 yılında Gassner ve Göydün ile başlanmış ve ardından Özkan'ın (1956), çalışmaları ile devam edilmiştir.

Sürme hastalığı *Tilletia caries* (D.C.) Tul. & C. Tul. [syn. *Tilletia tritici* (Bjerk.) G. Winter] ve *T. leavis* J. G. Kühn [syn. *T. foetida* (Wallr.) Liro] hastalık etmeni tarafından oluşturulan fungal bir hastalıktır. Sürme, hastalığı buğdayda verim ve kalite kayıplarına yol açan buğdayın en yıkıcı hastalığıdır. Optimum enfeksiyon için toprak sıcaklığı 5-10°C de görülmekle birlikte toprak sıcaklığı 22°C'ye ulaştığında etkisi azalmaktadır (Matanguihan ve Jones, 2011; Matanguihan and Murphy, 2011).

Sürme hastalığı ile mücadele de yaygın olarak tohum ilaçlaması yapılmaktadır. Geniş etki alanları ve ucuz oluşları nedeniyle yoğun olarak kullanılan fungusitler dithiocarbamate grubundan Maneb ve Mankozeptir. Dithioacrabmate'lar mikroorganizmalarda farklı etki mekanizmalarına sahiptirler ve bu grup içinde fungitoksik etkisi yüksek etkili maddelere sahiptirler (Delen, 2008).

Yanlış ve kontrolsüz pestisit kullanımı mücadele yapılan organizmanın dayanıklılık geliştirmesine neden olabilmekte aynı zamanda ilaç kalıntıları insan sağlığını olumsuz etkilemektedir (Delen vd., 2005).

Türkiye'de tarım ilacı tüketimi ortalama 33.000 tondur. Hektara düşen pestisit miktarı 400-700 g arasında değişmektedir. Ülkemizin tarım arazileri toplamının 28

milyon hektar olduđu göz önüne alındığında kullanılan 11.200-19.600 ton ilaç toprađa karışmaktadır. Bunun %16'sını fungusitler oluşturmaktadır (Tiryaki, 2010).

Mücadelede ilaçlama çevreye verdiği zarar ve organik yetiştiriciliğe uygun olmaması gibi nedenlerle istenmeyen bir kontrol yöntemidir. *Tilletia leavis* Kühn ve *Tilletia tritici* (Bjerk.) Wint., özellikle organik buğday üretiminde önemli zarara neden olmaktadır (Oncicâ ve Sâulescu, 2008).

İlaçlamanın hastalıkla mücadelede her zaman tam olarak sonuç vermediği de düşünülmektedir. Buna ek olarak ilaçlamada, özellikle civalı ilaçlara karşı zaman zaman dayanıklı sürme ırklarının oluştuđu bildirilmiştir (İren vd., 1982).

Hastalığın oluşmasında pek çok etken vardır. Buğdayların *Tilletia* spp etmeninden etkilenme dereceleri toprak sıcaklığı, nem ve inokulum kalitesi gibi çevresel koşulların etkisi altındadır (Cota vd., 2009). Liatukas ve Ruzgas (2009), ekim zamanı ve toprak sıcaklığının sürme sporunun gelişimi ve hastalık oranı üzerine etkisini araştırdıkları çalışma sonucunda ekim zamanında toprak sıcaklığının kış boyunca kışlık buğdaylarda sürme hastalığına etkisinin hayati olduğunu ortaya koymuşlardır. Yapılan çalışmalar kışlık buğdaylarda geç ekimin tohum sağlığı üzerindeki etkisini arttırdığını aynı zamanda çeşidin zarar oranını azalttığını göstermiştir (Gaudet vd.,1994; Liatukas, 2009).

Tuncel ve arkadaşları (2006) ve Özkan ve Damgacı (1985), yaptıkları çalışmalarda farklı etmenlerin farklı bölgelerdeki yayılma kabiliyetinin, farklı buğday çeşitlerinin ekilmesi, bu sürme türlerine ait ırk florasının değişmesi, virulansı yüksek yeni ırkların oluşması veya lokal olarak bulunan ırk ya da ırkların yaygınlaşmasından kaynaklanabileceği bildirilmiştir. Çalışmada sürme etmeninin yayılışı üzerine rakımın bir etkisi bulunmamıştır. Buna rağmen özellikle hassas varyeteler üzerindeki enfeksiyon derecesinin spor miktarına ve aynı zamanda varyetenin direncine bağlı olduğu bildirilmiştir (Dumolasova ve Bortos, 2008). Varyans analizi F₂ jenerasyonunda *Tilletia* spp.'nin patojenitesi önemli farklılıklar göstermektedir. Hassas bitkilerin reaksiyonları %18.4-63 arasında değişim göstermektedir.

Özkan vd. (1979), Türkiye'de buğday cüce sürme hastalığından korunma yolları üzerine yürüttükleri araştırma sonunda toprak yüzey ilaçlamasının hastalığı önlemede

etkili olabileceği düşünülürken, pratik olmayacağını belirtilmişlerdir. Hastalığın görüldüğü bölgelerde dayanıklı çeşitlerin ekilmesi gerektiğini vurgulamışlardır.

Son yıllarda sertifikasız tohum kullanımı sürme hastalığının artmasına yol açmıştır. Çeşitlerin sürmeye dayanıklılığı organik tarım için olduğu kadar ürün kayıplarının önüne geçilmesi bakımından da önemlidir. Bu nedenlerle, test edilen bazı ticari çeşitlerin kullanımı bazı ülkelerde sınırlandırılmıştır (Dumalasova ve Bartos, 2007).

Sürme ile mücadelede cinnamon (*Cinnamomum zeylanicum*) ağacından izole edilen bir biofumigant toprağa uygulandığında biofumigant aktiviteyi arttırmaktadır. *In vitro* çalışmalarda bu fumigant teliosporların üzerini kaplayarak, gelişimini önlediği vurgulanmıştır (Goates ve Mercier, 2011).

Organik tarımda ilaçsız tohum ile yapılan çalışmalar sürme hastalığından korunmak için dayanıklılık ıslahının gerekliliğini ortaya koymaktadır. Konvensiyonel tarımda pestisit uygulaması sürme hastalığının azalmasına yardımcı olmaktadır (Dumalasoová ve Bartos, 2008). Bugün hastalıklarla savaşın en ekonomik ve en kesin yolu dayanıklı çeşit geliştirmektir (Altay ve Süzen, 1978; Furan ve Yüce, 2009).

2.3. Bitkilerde Hastalıklara Karşı Dayanıklılık Kavramı

Dayanıklılık; konukçunun, patojenin gelişimini ve/veya normal büyümesine karşı ortaya koyduğu engelleme yeteneğini ifade etmektedir. Böylece, dayanıklılığın değeri, parazitin konukçu içinde veya üzerinde büyüme ve gelişmesinin ölçülmesidir. Pek çok durumda konukçu içindeki patojenin kantitatif gelişimini yansıtması halinde hastalık belirtileri dayanıklılığın ölçülmesinde kullanılabilir (Şehirli ve Özgen, 2010).

Yeni patojen varyantının görülmesi patojenin konukçu dağılımı ile ilgili olması halinde etkileyici olabilmektedir. Eğer, varyant çok geniş alanlarda ekilen bir çeşidi enfekte etme yeteneğini kaybederse bu kendi neslinin idamesinin kaybı ve ölümü demektir. Eğer, bu değişim üretimi yapılan çeşitteki mukavemet nedeniyle onu enfekte edemeyen ırkta olursa yeni varyant bu bitki üzerinde hayatını idame ettiren tek varlık olur, hızla çoğalır, yayılır ve dayanıklılığı tahrip eder. Bu olaya dayanıklı bir çeşitteki

dayanıklılığın kırılması denilmektedir. Burada deęişme bitkide deęil patojende meydana gelmektedir (Altay, 2008).

Bir patojende mevcut avirulens genler elisitör proteinleri kodlar, bu elisitör proteinlere karşı bitkinin dayanıklılık genleri tarafından kodlanan reseptör proteinler bulunuyorsa, bitki savunma mekanizmasını aktive etmektedir. Dayanıklılık genlerinin aktive ettikleri savunma mekanizmaları benzerlik göstermektedir. En yaygın dayanıklılık mekanizmaları; konukçu hücre duvarının güçlendirilmesi, reaktif süperoksitlerin oluşumu, antimikrobiyal maddelerin oluşması ve genellikle hipersensitif reaksiyonlardır (Çalış, 2011).

2.3.1. Dayanıklılığın kullanılması

Konukçu-parazit ilişkisinin dinamik yapısı modern tarımda kullanımda olan dayanıklılık kaynağından patojen tarafından kırılma frekansı ile açıklanabilir. Van Der Plank, bitkilerdeki hastalığa dayanıklılık mekanizmasının dikey ve yatay dayanıklılık olarak iki farklı tipinin olduğunu bildirmiştir. Dayanıklılığın bir veya birkaç gen tarafından kontrol edilmesi vertikal dayanıklılık veya ırka özgü dayanıklılık olarak da ifade edilen dikey dayanıklılık olarak tanımlanmıştır. Yatay dayanıklılık ise horizontal dayanıklılık veya ırka özgü olmayan dayanıklılık yani minör gen dayanıklılığı olarak ifade edilmiştir (Johnson, 1981).

Konukçu-parazit sisteminin geliştirilmesi, başarılı bir ıslah programının geliştirilmesinin ön şartıdır (Van Der Plank, 1968).

2.3.1.1. Multiline uygulaması

1950'li yıllarda Borlaug tarafından önerilmiştir. Bu sistemde farklı dayanıklılık genleri, adaptasyon gücü yüksek, verim potansiyeli iyi ve yaygın ekilen bir çeşide ayrı ayrı geri melezleme yolu ile aktarılmakta ve elde edilen hatlar bir gen yönünden farklı olacakları için ve fenotip olarak benzer görünüşte oldukları için karıştırılarak kullanılmaktadır. Bu yolla ekilen çeşit içinde yer alan genler ırk deęişmelerinden fazla etkilenmez ve ani verim kayıplarına engellenmiş olmaktadır.

2.3.1.2. Multigen (Gene pyramiding)

Uzun süreli dayanıklılığın elde edilmesi için uygulanan başka bir yolda aynı çeşit üzerinde birden fazla genin toplanması, üst üste yığılmasıdır. Bu yolla ani ırk değişmelerine karşı tedbir alınmış olmaktadır (Van Der Plank, 1968).

2.3.1.3. Genlerin dağıtılması (Gene deployment)

Geniş bir coğrafi bölgede, hastalığın gelişme yönünde farklı dayanıklılık geni taşıyan çeşitlerin bir plan dâhilinde konuşlandırılmasıdır. Bu yolla hastalığın yayılmasının yavaşlatması amaçlanmaktadır (Van Der Plank, 1968).

2.3.1.4. Tolerans

Patojen popülasyonunda meydana gelen ırk değişimini yavaşlatmak amacıyla geliştirilen bir başka yöntem ise toleranstır. Tolerans: Bitkinin hastalığa yakalandığı halde ağır verim kayıplarının olmamasıdır. Toleransın ölçüsü meydana gelen hastalığa karşılık verimde meydana gelen veya olmayan verim azalmasıdır. Aynı şiddette oluşan hastalığa karşılık verim kaybı en az olan çeşidin toleransı en yüksektir (Şehirali ve Özgen, 2010).

2.3.1.5. Kaçma

Hassas bir çeşidin hastalık meydana gelmeden olgunlaşması olayıdır. Çok yaygın ve güvenilir olmamakla birlikte geliştirilen erkencilik özelliği kaçma mekanizmasını çalıştırmakta olup erkencilikte doğrudan verim kaybına sebep olmaktadır (Şehirali ve Özgen, 2010).

2.3.1.6. Yavaş hastalanma (Slow rusring)

Özellikle minör ve poligenler yardımıyla tam mukavemet yerine hastalığa karşı geciktirme yolu ile hastalığın şiddeti ve hızı azaltılarak verim üzerine olan negatif etkileri azaltılmaktadır (Van Der Plank, 1968).

2.3.2. Gen tahminlemesi

Dayanıklılık genlerini tahminlemede, dayanıklılık genleri bilinen genotiplerin enfeksiyon tipleri ile test edilen çeşidin enfeksiyon tipleri tüm izolatlar için karşılaştırılmaktadır.

Düşük düzeyde enfeksiyon oluşması ya da enfeksiyon oluşmaması, konukçu bitkide bulunan özgün bir dayanıklılık geninin bu patojene karşı mücadele ettiğini ve patojenin o gene karşı avirulent olduğunu göstermektedir. Buna karşın yüksek düzeydeki enfeksiyon tipleri konukçu ve patojen arasında bir uyumun olduğunu ve patojenin konukçudaki dayanıklılık genlerine karşı virulent olduğunu ortaya koymaktadır. Yani test edilen çeşitteki yüksek bir enfeksiyon tipi, bu çeşidin patojenin izolatına karşı bir dayanıklılık genine sahip olmadığını göstermektedir (Van Der Plank, 1968).

Islah çalışmalarından istenilen verimi almada moleküler çalışmaların gerekliliği pek çok araştırmada vurgulanmıştır. Moleküler yöntemler ile birlikte daha kısa sürede sonuç almak, DNA düzeyinde bilgi elde etmek ve dayanıklılık genlerinin varlığının ve lokasyonunun belirlenmesi mümkün olabilmektedir.

Sürmede direnç genlerinin belirlenmesine yönelik çalışmalarda hastalığa karşı dayanıklılık gösteren bitkilerde dayanıklılığı temsil eden genler Bt genleri ile ifade edilmektedir. Sürmeye direncin belirlenmesi amacıyla yapılan çalışmalarda ırk ayırıcı setten faydalanılmaktadır.

Çizelge 2.1. Sürme hastalığında ırk ayırıcı set.

Örnek No	Buğday Çeşidi	Bt Genleri
1	Heines VII	Bt-0
2	SEL 2092	Bt-1
3	SEL1102	Bt-2
4	Ridit	Bt-3
5	Turkey 1558	Bt-4
6	Hohenheimer	Bt-5
7	Rio	Bt-6
8	SEL 50077	Bt-7
9	M82-2161	Bt-8
10	M82-2098	Bt-9
11	R63-6968	Bt-9
12	M82-2102	Bt-10
13	M82-2123	Bt-11
14	P.I.178383	Bt-8, 9, 10
15	M732154	Bt-3, 7, 8
16	P.I.173438	Bt-P
17	P.I.119333 (M82-2141), BW	Bt-12
18	ThuleIII; P.I. 181463, BW	Bt-13

Matanguihan (2011).

2.4. Bitkilerde Markör Destekli Seleksiyon

Markör ile desteklenmiş ıslah, küresel buğday üretimini tehdit eden buğday hastalıklarında direnç kaynaklarının oluşturulmasında özellikle son 15 yıldır büyük önem kazanmıştır (Randhawa vd., 2013). Markör destekli seleksiyonun seçilen bütün jenerasyonlarda uygulanabilmesine rağmen, klasik ıslah yöntemleri uygun genlerle zenginleştirilmiş popülasyonlara çaprazlama yoluyla F_1 elde edilmesi ile mümkün olmaktadır.

Moleküler markörlerden genotipik tanımlama, klasik ıslahta zor belirlenen resesif karakterlerin kolaylıkla ayırt edilmesi, çeşit saflık testlerinde kullanılması gibi genetik çeşitliliğin belirlenmesi, gen kaynaklarının genetik kökenleri hakkında bilgi

sağlama ve tarımsal performansın ve adaptasyon yeteneği hakkında bilgi edinme konularında yararlanılabilmektedir. Markör destekli seleksiyon tekniğinin özellikle tahıllarda yabancı gen kaynaklarından gen transferleri, resesif allellerin yönlendirilmesi ve seleksiyonu, gen piramitlerinin oluşturulması, geri melez ıslahında erken seleksiyon ve gen izolasyonu ve klonlamasında etkin bir şekilde kullanılabileceği bildirilmiştir (Güleç vd., 2010; Şehirli ve Özgen 2010).

Moleküler markörlerin kullanımı klasik bitki ıslahında karşılaşılan bir problem olan fenotipe göre seleksiyon sorununa bir çözüm olarak ortaya çıkmaktadır. Moleküler markörler, genetik çeşitliliği DNA düzeyinde ortaya koyduğu için ıslah çalışmalarında elverişli bir araçtır. Moleküler markörler, genomda herhangi bir gen bölgesi ya da bu bölge ile ilişkili DNA parçasıdır. Bu markörler polimeraz zincir reaksiyonuna dayalı olmayan (RFLP) ve dayalı olanlar (RAPD, SSR) olmak üzere gruplanırlar.

Moleküler markörler biyokimyasal markörler ile kıyaslandığında bazı üstünlüklere sahiptirler. Moleküler markörlerin güvenilirliği daha fazladır. Çevresel etmenlerden etkilenmezler ve bitki gelişiminin herhangi bir evresinde kullanılabilirler. Moleküler markörlerin bazı kullanım alanları şunlardır;

- morfolojik markörler, tahıllar başta olmak üzere pek çok türde genotipi tanımlama amacıyla,
- çeşit tescilinde tescil edilecek çeşidin farklılıkları ve genetik durulmuşluğunun ortaya konulmasına yardımcı sistemler olarak,
- fenotipik olarak ayıramayan ıslah hatlarının ayrılmasında,
- bir hibritin saflığının belirlenmesinde,
- bitki türlerinin genetik çeşitliliğinin ve genetik kökenlerinin belirlenmesinde kullanılmaktadır (Güleç vd., 2010).

2.4.1. ISSR PCR yöntemi

ISSR (Inter Simple Sequence Repeats) tekniği, PCR temelli bir metottur. Polimeraz zincir reaksiyonu, belli bir DNA dizisini özgün olarak çoğaltmak için kullanılan bir yöntemdir. PCR, tek iplikli DNA'yı kalıp olarak alan ve deoksiribonükleotitleri substrat olarak kullanan DNA polimeraz enzimi aracılığıyla gerçekleştirilmektedir. DNA polimeraz 5'-3' yönünde sentez yapmaktadır. Sentezin

başlaması için gerekli olan 3'OH grubu PCR da kullanılan primerler tarafından sağlanmakta ve DNA polimeraz, primerlerin ucuna serbest deoksiribonükleotitleri ekleyerek komplementer DNA ipliğini sentezlemektedir (Yıldırım vd., 2010). ISSR tekniğinde, tekrarlanan nükleotidlere sahip primerler kullanılmaktadır ve iki mikrosatellit arası bölge çoğaltılmaktadır (Zietkiewicz, vd., 1994).

ISSR dominant markördür ve dizi bilgisi gerekmeden primer dizaynı yapılabilmektedir. Güvenilir olması, tekrarlanabilirliğinin olması ve PCR koşullarından çok etkilenmemesi en büyük avantajlarından. Gösterdiği yüksek polimorfizm ile genetik çeşitlilik ve gen haritalama çalışmalarında kullanılabilir (Filiz 2011).

2.4.2. Bitki ıslahında uygulamalı genetik

Dizileri belli bir oranın üzerinde benzerlik gösteren (homolog) genlerin dizi eşleşme yöntemleri ile belirlenmesi biyoinformatiğin konusudur. Biyoinformatik yapılan deney ve gözlemlerden sağlanan verilerin analiz edilerek yorumlanmasına olanak sağlamaktadır.

Filogenetik ise genomik bilgiyi kullanarak canlılar arasındaki ilişkileri ve moleküler düzeydeki benzerlikleri anlamlandırmaya çalışan biyoloji bilimidir.

Filogenetik sınıflandırmalar, ekonomik açıdan önemli kültür bitkilerinde eldeki genetik kaynakların daha profesyonelce kullanılabilmesi amacıyla gerekli genetik bilginin elde edilmesinde, ıslah yöntemlerinin uzun zaman içerisinde canlıların genomik yapısında meydana getirdiği değişikliklerin durumu ve bu değişikliklerin ulaştığı yer hakkında bilgi edinilmesinde oldukça yaygın olarak kullanılmaktadır.

Dizi eşleme yöntemleri genler arası ve dolayısıyla türler arası benzerlikleri açığa çıkardığı için türler arası evrimsel yakınlıkların (taksonomi) belirlenmesinde ve türler arası filogenetik ağaçların oluşturulmasında kullanılmaktadır. Bu amaçla kullanılan pek çok filogenetik ağaç oluşturma yöntemi vardır.

Kümelenme temelli algoritmalar, en benzer dizi çiftlerinden başlayan bir mesafe matrisine dayanarak filogenetik ağacı hesap etmektedirler. Bu algoritmalar; aritmetik ortalamayı kullanarak ağırlıklı olmayan çift grup yöntemini (UPGMA) ve komşu birleştirme yöntemini içermektedirler.

Bu çalışmada, Eskişehir Geçit Kuşığı Tarımsal Araştırma Enstitüsü'nden temin edilen bazı ekmeklik buğday çeşitlerinde yapılan melezleme çalışmalarıyla; sürme hastalığına karşı dayanıklılığın kalıtımı, klasik ve moleküler yöntemler ile araştırılmıştır.

Dayanıklılık kaynaklarının ortaya konmasında bir basamak oluşturacak olan bu çalışmada dayanıklılık genlerinin varlığının ve kalıtım biçiminin belirlenerek gen interaksiyonları ile açıklanması amaçlanmış ve ıslah çalışmalarında kullanılmak üzere çeşitlerin hangi dayanıklılık genlerini bulundurduğu tespit edilmeye çalışılmıştır. Elde edilen veriler ile ileride geliştirilecek yeni dirençli çeşitler sayesinde tohum ilacı kullanımının azalacağı öngörülmektedir.

3. LİTERATÜR ÖZETLERİ

Mahmood vd (2014), 2011-12&2012-13 yetiştirme döneminde yaptıkları çalışmada, 37 hat/çeşit kullanmışlar ve çalışma sonucunda, farklı iklim koşullarının özellikle yüksek nem koşullarında enfeksiyonun arttığını bildirmişlerdir. Bu skalaya göre %0 enfeksiyon yüksek dirençlilik olarak sınıflandırılırken sadece Parwaz-94 hat/çeşit yüksek dirençli bulunmuştur. 4 hat/çeşit (enfeksiyon oranı %1 ve altı) dirençli grupta yer alırken 2 hat/çeşit (%1.1-2 enfeksiyon oranı) kısmen dirençli bulunmuştur.

Ahmed vd. (2013) yılında yaptıkları çalışma sonucunda 119 buğday hattı ve 11 ticari çeşitin hastalık oranlarını değerlendirmişlerdir. Buna göre; 2 hat (MN-8 ve MN-26) sırasıyla %10.2 ve %19.2 ile hassas olarak belirlenmiştir.

Elyasi-Gomari ve Farrokhi-Nejad (2013), sürme hastalığı bir mantar olan *Tilletia leavis* tarafından meydana gelmektedir. Hastalık uygun büyüme ve iklim koşulları altında hassas çeşitlerin seçilmesiyle ciddi ürün kayıplarına neden olmaktadır. En etkili yol, patojenin yerel popülasyonlarında virülens olduğu bilinen çeşitlerine karşı buğday ıslahıdır. Yaptıkları çalışmada farklı yerlerden topladıkları 5 izolat kullanarak farklı genotipler üzerinde test etmişlerdir. Bu izolatlardan *T. leavis* için uluslararası adlandırma sistemini kullanarak toplamda 20 ırk belirlemişlerdir. Dayanıklılığı bilinen 15 buğday çeşidi, ırk ayırıcı set olarak kullanılmış ve test ettikleri ırkların virülens ve avirülens reaksiyonlarını belirlemişlerdir. En virülens ırkların L-32 ve L-35 olduğunu tespit etmişlerdir. Çalışma ile ırk çeşitliliğinin İran'da çok olduğu ve bunların yerel popülasyonlarının gözlemlenerek belirlenmesinin gerektiğini vurgulamışlardır.

Khavarinejad vd. (2013), 10 ekmeçlik buğday genotipini 6 RAPD ve 5 SSR primerleri ile polimorfizm oranlarını belirlemişlerdir. Sırasıyla 33 ve 17 polimorfik bant elde etmişlerdir. En yüksek değerler UBC 350 ve UBC 109 primerleriyle elde edilmiştir. Kullanılan markörlerle elde edilen SSR dendrogramı ile %0.40-0.96, RAPD dendrogramı ile %0.24-0.96 değerlerinde genomlar arasında yakınlık belirlemişlerdir.

Knox vd. (2013), Batı Kanada'da sürme ırklarına karşı etkili bir şekilde dirençli olduğu bilinen hexaploid bir buğday olan McKenzie çeşidinden sürme hastalığına karşı DNA markörü geliştirmek amacıyla yaptıkları çalışmada, Mckenzie/BW711 melezinin 338 hattından F₁ bitkileri elde edilmiştir. McKenzie sürme hastalığına karşı

dayanıklılık göstermektedir. BW711 ise Bt10 dayanıklılık geni ve yüksek ürün kalitesine sahip bir çeşittir. Bu amaçla McKenzie/BW711 populasyonu hassas kontrol olarak seçilen Biggar ve ebeveynlerle birlikte markör belirleyebilmek amacıyla yetiştirilmiştir. İnokulasyonda *T. leavis* ve *T. tritici* kullanılmıştır. Çalışma sonucunda sadece iki markör Xgwm573 ve Xgwm17 önemli derecede dayanıklılıkla ilişkilendirilmiştir. Bu markörlerin her ikisi de BW711 çeşidinde 225bp'de fragment vermiştir. McKenzie'de ise 200 bp de fragment meydana gelirken Xgwm17 markörünün bantı geçersiz sayılmıştır. 225 bp'lik fragment kromozom haritalamada 7B bölgesine spesifiktir. Sürme direnç genleri sitogenetik analizler ve markörler tarafından kromozomların 1B, 2B, 2D, 6D ve 7A bölgelerinde lokalize oldukları yapılan çalışmalarda ortaya konmuştur ancak bu iki markörün ıslah çalışmalarında sürmeye direncin belirlenmesinde yardımcı olabileceği düşünülmektedir.

Jia vd. (2013), Çin'de cüce sürme hastalığının oluşumunun riskini değerlendirdikleri çalışmada, 500 farklı hava tahmin istasyonundan aldıkları 15 yıllık meteorolojik veriler yardımıyla farklı fitopatolojik model oluşturarak *T. contraversa* Kühn.'ün ortaya çıkma olasılıklarını hesaplamışlardır. Buna göre, oluşturulan haritayla kışlık buğday üretim alanları hastalık meydana gelmesi bakımından yüksek, orta, düşük, çok düşük ve risksiz şeklinde gruplandırma yapmışlardır. Yüksek risk taşıyan bölgelerde toprak sıcaklığı ve nemin cüce sürme hastalığının oluşmasını etkileyen temel sebepler olduğunu bildirmişlerdir.

Gaudet vd. (2012), sürme tarafından enfekte olmuş kışlık buğdayların farklı ekim zamanı ve lokasyonlardaki reaksiyonlarını belirlemek amacıyla 2007-2008 ve 2008-2009 yıllarında yaptıkları çalışmada, inokulasyonda *T. tritici* ve *T. leavis*'in ırkları kullanılmıştır. Değerlendirme sonucunda, hastalık reaksiyonun meydana gelmesinde çeşitin, yılın, ekim zamanının inokulasyonun ve bölgenin etkili olduğu bildirilmiştir.

Cota vd. (2010), buğdayda sürmeye direnci için polimorfizmi tespit etmek amacıyla, 5 dayanıklı 8 duyarlı buğday genotipi kullanmışlardır. Çalışmada 11 mikrosatellit primerleri ile hem ebeveyn hem de F₂ populasyonu test edilmiştir. Yapılan X² testi ile dayanıklılığın kalıtım oranı 3:1 olarak bulunmuştur. 11 mikrosatellit markörden sadece 2 tanesi hem ebeveynlerde dayanıklı ve hassas çeşitlerde polimorfik bant vermiştir. Xgwm633 primeri 200 bp de dayanıklı çeşitlerde bant verirken, hassas

çeşitlerde 230 bp de bant vermiştir. Xgwm114 primeri ise Bt 11 için spesifiktir ve yaklaşık olarak 120 bp de bant vermektedir. Bu primer sonucuna göre dayanıklı çeşitlerden 4'ünde bant gözlenmiştir. Çalışma sonucunda dayanıklılık genlerinin sadece Bt11 olarak bilinen genle sağlanmadığı bunların yanı sıra Bt5, Bt8 ve Bt10 ile de taşınabileceği bildirilmiştir.

Cota vd. (2010), *Tilletia* spp. hastalık etmenine dirençli bazı markörleri test etmeyi amaçlamışlardır. Yaptıkları çalışmada dirençli (99419G4-1A/1-1, 00274G2-31) ve duyarlı (Glosa, Dropia) ebeveyn hatlarını melezlemişlerdir. F₂ jenerasyonunda Bulk seleksiyonu yapılan bireylerde UBC196 ve Mic13 RAPD markörleri ve 11 SSR markörü ile polimorfizmi belirlemişlerdir.

Dumalosoza ve Bartos (2010), 17 kışlık buğday çeşidini Çek Cumhuriyetinde 2-3 yıllık tarla denemeleri ile sürmeye dayanıklılık bakımından test etmiştir. Dirençin sürme enfeksiyonunda kontrolü yapıldığında Globus ve Bill'in hastalık reaksiyonları %4.1-10.6 arasında değişiklik göstermiştir. En yüksek enfeksiyon %85.9 oranı ile Pitbull çeşidindedir. Bölgede son yıllarda yapılan çalışmalarda kayıtlı çeşitlerden Nikol göreceli olarak düşük sürme oranına (%26.9) sahiptir.

Cota vd. (2009), dirençli ve duyarlı buğdayların çaprazlanmasından oluşan 8 melezi *T. caries* ve *T. foetida* sporlarından oluşan karışım ile inokule etmişler ve F₂ kademesindeki enfekte olan buğdayların yüzdelerinin varyans analizini yapmışlardır. Enfeksiyonun %18.4-63 arasında değişiklik gösterdiğini belirlemişler ve yaptıkları X² analizi sonucunda 3:1 (Dayanıklı: Duyarlı) açılımıyla tek majör direnç geninin varlığını tespit etmişlerdir.

Furan ve Yüce (2009), buğdayda sarı pasa dayanıklı ve duyarlı bazı çeşit ve hatların ssr analizlerini F₁ ve F₂ döllerinde 5 ssr primeri kullanarak yapmışlardır. Çalışmada 3 dayanıklı buğday çeşidi ile 1 duyarlı çeşit kullanılmıştır. F₁ ve F₂ döllerine ait dendrogram oluşturulmuştur. Dendrogramda hassas çeşit ayrı bir grup oluşturmuştur. Çalışmada kullanılan SSR primerlerinin oluşturduğu bant desenleri incelendiğinde ortaya çıkan farklılıklar kesin bir markör oluşturmasa da dayanıklı ve duyarlı bitkilerin farklı bantlar verdiği bildirilmiştir.

Dumalosoza ve Bartos (2008), yaptıkları denemede inokulumun artan dozu ile birlikte sürmeli başakların inokulasyonu için birçok farklı dozda teliospors kullanılmıştır. Bu artış bazı çeşitlerde istatistiksel olarak önem oluşturmazken (örneğin Bill çeşidi) bazı çeşitlerde (örneğin Samanta çeşidi) önemli farklılıklar meydana getirmiştir. İnoküle edilen bitkiler üzerine inokulasyonun etkisi güz ve yazlık ekimler arasında farklılık meydana getirmektedir. Vinjett çeşidi sadece *T. tritici* ile inoküle edildiğinde %48.4 aynı çeşit *T. leavis* ile inoküle edildiğinde başaklarda %57.5 oranında hastalık reaksiyonu belirlenmiştir. Sürme oranı aynı çeşitte 1:1 *T. tritici* ve *T. leavis* içeren karışım ile bulaştırıldığında hastalık oranı %60'a ulaşmıştır aynı zamanda enfekte olan başaklarda sadece *T. leavis* etmeni tespit edilmiştir. Çalışmada kullanılan Corso, Bruncka ve Munk çeşitlerinde de aynı durum söz konusudur. Bu sonuçlar Rodenhiser ve Holton'un 1953 yılında yaptıkları çalışmanın analiz sonuçlarında *T. tritici* ve *T. leavis*'in farklı karışımlarının yıldan yıla farklı oranlarda seyretmesi ile ortaya konmuştur. Genel olarak *T. leavis* ırkları, *T. tritici* ırklarından daha agresif davranmaktadır. Bu da yapılan çalışmalar sonucu *T. leavis*'in çoğalmasının *T. tritici*'ye kıyasla 48 saat daha erken olmasıyla açıklanabilir. *T. leavis*'in üremesi 2. günde başlayıp 5. Günde %98.9'unu tamamlarken *T. tritici*'nin üremesi 3. ve 4. günlerde başlamakta ve 5 günün ardından %76.6 oranına ulaşmaktadır.

Oncica ve Saulescu (2008), yapay inokulasyon ile 2005-06-07 yıllarında enfekte edilen kışlık buğdaylara yeni direnç kaynakları sağlamak amacıyla yaptıkları çalışmada 10 buğday çeşidinden elde edilen 26 buğday melezini kullanmışlardır. Hastalık okumaları sonucunda 3 yıl ortalamasına göre %0-57.2 arasında reaksiyon tespit etmişlerdir. F00628G34-1, F00628G34-2 ve F9615G1 hatlarının dayanıklılık ıslahı çalışmalarında kullanılabileceğini bildirmişlerdir.

Cota vd. (2007), bazı buğday hatlarında genetik markörlerin yardımıyla sürme direncinin belirlenmesi amacıyla 5'i tarla direnci gösteren, 8'i hassas toplamda 13 buğday hattı ile yaptıkları çalışmada dirençli ve hassas formlar arasında polimorfizmi belirlemek için sürme hastalığına direnç geni olarak bilinen Bt10'a spesifik olduğu kadar spesifik olmayan RAPD primerleri de kullanılmıştır. Çalışma sonucunda kullanılan UBC570, Mic07 ve Mic13 yüksek oranda polimorfizm göstermiştir. Bu

bantlar hassas formlarda görülmediği için bantların, *Tilletia*'ya karşı direnç genleri ile bağlantılı olabileceğini bildirmişlerdir.

Dumalossova ve Bartos (2007), 15 kayıtlı buğday çeşidini 2006-07 olmak üzere 2 yetiştirme periyodunda sürmeye karşı dayanıklılığını test etmişlerdir. Bu amaçla çeşitler 7 kaynaktan elde edilen, *Tilletia leavis* ve *Tilletia tritici* ırklarını içeren sporlarla bulaştırılmıştır. Çalışma sonucunda 2006 yılı verileri değerlendirildiğinde hastalık oranları %4.70-41.75 arasında değişiklik gösterirken, 2007 yılında %13.65-59.63 arasında değişmiştir. Bu oranlara göre Globus ve Bill çeşitleri her iki yıl içinde en düşük hastalık oranlarıyla dirençli olarak değerlendirilmiştir.

Tuncel vd. (2006), sürme hastalığının yaygınlığını araştırmak amacıyla 2003-2004 yıllarında yürüttükleri çalışmada hastalığın genel yaygınlık oranının %16.98 olduğunu ve mikroskopik incelemelerle *Tilletia foetida* etmeninin neden olduğunu saptamışlardır. Çalışmada iki farklı ekim zamanının etmenin patojenitesi üzerine etkisi incelendiğinde erken ekim ile birlikte hastalık oranı düşerken ekim zamanı geciktikçe hastalık oranının %88.96 oranına ulaştığını bildirmişlerdir. Çalışmada 5 farklı fungusid (Dinicanazole, Carbedazim, Tebucanazole, Carboxin, Maneb) kullanılmış ve hastalığa karşı %100'e varan etkinlik tespit edilmiştir. Çalışma sonucunda Karahan 99 ve Kıraç 66 dayanıklı çeşitler arasında yer almıştır.

Akan vd. (2005), yaptıkları çalışmada 8 tescilli çeşitin sürmeye karşı hastalık reaksiyonlarını değerlendirmiş ve çeşitlerin dayanıklı reaksiyonlar verdiğini tespit etmişlerdir. Yapay epidemi koşulları altında hastalıklı başak sayısının toplam başak sayısına oranına bakılmış ve Kıraç 66, Yayla 305, Karahan 99, Süzen 97, Porsuk 2800, Çetinel, Zencirci ve Ekiz çeşitleri dayanıklı çeşitler arasında yer almıştır.

Kochanova vd. (2004), yaptıkları çalışmada Kromeriz Tarımsal Araştırma Enstitüsü'nden alınan 2 kışlık ekmeklik buğday materyalini, *T. caries* ile inokule etmiş ardından deneme alanlarında görülen *T. controversa* ile kontamine olmuştur. Negatif kontrol olarak Çek Üniversitesi'nden getirilen pirinç, arpa ve tritikale kullanılmıştır. PCR metodu kullanılarak buğdaylarda, *T. controversa* ve *T. caries* etmenleri yine bu etmenlere spesifik olarak kullanılan primerler ile belirlemişlerdir. Çalışma sonucunda, kullanılan 2 primer için (TILf ve TILr) sadece buğdayda ve 361 bç'de bant vermiş

pirinç, arpa ve tritikale’de bant gözlenmemiştir. Bu yöntem hem tohum üretimi hem de hububat alımı yapan yerlerde tohum kalitesinin belirlenmesinde kullanışlı olarak bildirilmiştir.

Ulukan ve Özgen (1998), karapas hastalığına dayanıklı çeşitlerin saptanması için hastalık testlerinin yanısıra, dominant morfolojik özelliklerinden de markör olarak yararlanmayı hedeflemişlerdir. Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi deneme tarlalarında yürütülen çalışmada melezlemede 2 makarnalık ve 7 ekmeklik buğday çeşidi 2 makarnalık ve 2 ekmeklik yarı yabani buğday formu ile melezlenmiş ve toplamda 18 kombinasyon oluşturulmuştur. Kombinasyonlardan elde edilen açılma oranları ve X^2 testi ile dayanıklılık bakımından gen sayıları belirlenmeye çalışılmıştır. Hastalık okumalarından elde edilen farklı açılma oranları değerlendirilmiştir. Buna göre; 3:1 (Dayanıklı: Dayaniksız) açılma oranı dayanıklılığın 1 dominant genle, 57:7 dayanıklılığın trigenik ve dominant genle, 13:3 dayanıklılığın 1 dominant ve 1 resesif genle, 55:9 oranı dayanıklılığın 1 çift dominant tamamlayıcı genle, 15:1 dayanıklılığın 1 çift dominant genle, 9:7 açılma oranı ise dayanıklılığın 1 eklemeli kısmi dominant genle yönetildiği saptanmıştır.

Gang ve Weber (1996), 90 *Tilletia* örneğinin çeşitliliğini 13 RAPD primeri kullanarak markör geliştirmek istemişlerdir. Çalışma sonucunda hiçbir ırk ve türde spesifik markör belirlenememiştir.

Ataç ve Çetin (1995), 1988-1991 yılları arasında Akdeniz Bölgesi’nde Türkiye’de daha önceden belirlenmiş sürme ırklarından 10 Bt dayanıklılık genini etkileyebilen 75 ekmeklik (*Triticum aestivum*) ve 29 makarnalık (*Triticum durum*) buğday çeşit ve hattı test etmişlerdir. Olum döneminde sağlam ve hastalıklı başaklar sayılarak hastalık oranı bulunmuştur. Buğday çeşitlerinin reaksiyonlarında %0-10 oranında hastalıklı çeşitler dayanıklı, %11-100 oranında hastalıklı çeşitler hassas olarak nitelendirilmiştir. Değerlendirme sonucunda hastalık oranları Kıraç 66 çeşidi için %0-2.06 arasında, Yayla 305 için %0-5.0 arasında değişiklik göstermiştir. Bu iki çeşidin denemede kullanılan çeşitler arasında en düşük hastalık oranları ve sürme ırklarının her birisine tam dayanıklılık göstermesi nedeniyle en yüksek dayanıklılığa sahip olduğu belirlenmiştir. Aynı zamanda çalışma sonucunda kullanılan çeşitlerin farklı yıllarda farklı ırklara karşı dayanıklılığının değişiklik gösterdiği görülmüş ve bu da çevre

koşullarındaki bir farklılığın bazı çeşitlerin sürme ırklarına karşı reaksiyonlarında değişiklik meydana getirdiğini göstermiştir.

Aktaş ve Tunalı (1994), Tohumluk Tescil ve Sertifikasyon Müdürlüğünden alınan 35 buğday ve 28 arpa çeşit/hatlarını 1987-1990 yılları arasında buğdayda sürme, buğdayda rastık, arpa kapalı rastık ve arpa yarı açık rastık hastalıklarına karşı değerlendirmişlerdir. Buğdayda sürme hastalığına karşı *T. foetida* (Wallr.) Liro ve *T. caries* (DC) Tull etmenleri kullanılmıştır. Buğday çeşit ve hatları %0.5 oranında sürme sporları ile bulaştırılmış ve ekim ayı içerisinde ekim yapılmıştır. Temmuz ayında başaklar olgunlaştığında değerlendirme yapılmıştır. Parseldeki tüm bitkiler tek tek sağlam ve hastalıklı başaklar sayılmış ve sürme oranı belirlenmiştir. Hastalık değerlendirmeleri Rodenhiser ve Holton (1942, 1945) ve Kendrick (1965) skalasına göre yapılmıştır. Çalışma sonucunda bazı buğday çeşitlerinin sürme hastalığına karşı dayanıklılık gösterdiği bulunmuştur. Bu çeşitler Kırac 66, Atay 85, Porsuk 2800, Kunduru 1149, Tosun 144 olarak bildirilmiştir.

Özkan ve Damgacı (1985), sürme türlerinin coğrafik yayılışını belirlemek amacıyla, Türkiye’de 66 ilden elde edilen 587 örnekten 13878 adet başağın klamidosporelerini mikroskopta incelemiştir. Tür tanımlamasında klamidosporelerin morfolojik karakterleri esas alınmıştır. Çalışma sonucunda, toplam başak sayısına göre ülke genelinde %89.7 oranında *T. foetida*, %10.3 oranında *T. caries*’e rastlanmıştır. *T. caries* Güney Doğu Anadolu bölgesinin yanında, Gaziantep, Tekirdağ ve Denizli’de yoğun yayılış göstermiştir. Farklı etmenlerin farklı bölgelerdeki yayılma kabiliyetinin, farklı buğday çeşitlerinin ekilmesi, bu sürme türlerine ait ırk florasının değişmesi, virulansı yüksek yeni ırkların oluşması veya lokal olarak bulunan ırk ya da ırkların yaygınlaşmasından kaynaklanabileceği bildirilmiştir. Çalışmada sürme etmeninin yayılışı üzerine rakımın bir etkisi bulunamamıştır.

Finci vd. (1983), Diyarbakır, Erenköy ve Samsun Bölge Zirai Mücadele Araştırma Enstitüleri işbirliği ile 1975-1981 yılları arasında buğday sürme etmenlerinin Türkiye’de yayılışının belirlenmesi amacıyla ilgi bölgelerden getirilen kör tanelerden ırk tespiti yapılmıştır. İzolatlar ırk tespiti denemelerine alınmış ve değerlendirilmiştir. Buna göre %0-10 oranında hastalık oluşturan ırklar avirulant, %11-100 hastalık oluşturan ırklar virulant olarak kabul edilmiştir. ırklar sıralanmış, *T. foetida* ırkları F, *T.*

caries ırkları C harf ile sembolize edilmiştir. Tür tanımlamaları sonucunda Türkiye’de ortalama %88.06 oranında *T. foetida*’ya, %11.94 oranında da *T. caries*’e rastlandığı belirtilmiştir. *T. caries*’in, %77.77’lik bir oranla Güney Doğu Anadolu Bölgesinde yaygınlık gösterdiği tespit edilmiştir. Bu bölgede ki *T. caries* yayılışının genel sonuçları saptırmaması amacıyla bölge ortalama dışı bırakılmıştır. Sonuç olarak ırk tespiti ile 68 *T. foetida* (F1-F68) ve 20 *T. caries* ırkı patojeniteleri bakımından gruplandırılmıştır. Bunların arasından 75 farklı patojenik tip elde edilmiştir. Türkiye’de *T. foetida*’nın % 95.76 ve *T. caries*’in %4.24 ile yayılış gösterdiği bildirilmiştir. Tüm ırklar ırk Bt0-10 ile sembolize edilen ırk ayırıcı set ile değerlendirilmiş ve ırklar Bt7 dayanıklılık genine yüksek oranda virulanslık gösterirken, az Bt-10 genini taşıyan çeşide karşı patojenite göstermişlerdir. Turkey olarak bilinen ve Bt8 dayanıklılık genine virulans olan 24 *T. foetida* ve 7 *T. caries* ırkı belirlenmiştir. Çalışmada Bt5 ve Bt8 dayanıklılık genlerini taşıyan test çeşitleri üzerinde izolatların farklı reaksiyon sergiledikleri görülmüş ve bu da çevresel koşulların konukçu patojen ilişkisi üzerindeki etkili olduğunu göstermiştir.

İren vd. (1982), Türkiye’nin buğday ekiliş alanlarından getirilen 139 sürme örneğini incelemiş ve bunlardan %83.1’ini *T. foetida* (Wallr.) Liro., %11.6’sının *T. contraversa* Kühn., ve %5.3’ünün ise *T. caries* olduğunu belirlemişlerdir. *T. caries* oranına ara form olan *T. intermedia* da dahil edilmiştir. Cüce sürme hastalığı ayrı olarak ele alındığında adi sürme hastalığında %96 *T. foetida*, %6 *T. caries* bulunmuştur. Hastalıkla mücadele her zaman tam olarak sonuç vermemiştir.

Özkan vd. (1979), Türkiye’de buğday cüce sürme hastalığından korunma yolları üzerine 1969-1971 yıllarında 11 buğday çeşidini toz ve WP formülasyonunda iki HCB’li preparat kullanarak dayanıklılık bakımından değerlendirmişlerdir. Çeşitlerden 8’i ortalama %16.73-33.25 arasında Cüce sürme hastalığına yakalanırken, çalışmamızda kullanılan Yayla 305 çeşidinin de içinde yer aldığı 3 çeşitin dayanıklılık gösterdiği belirlenmiştir. Dayanıklı çeşit reaksiyonları Holton (1947) ve Kendrick (1961)’in uyguladıkları standart yöntemle göre değerlendirilmiştir. Buna göre; hastalığa %0-10 oranında yakalanan çeşitler dayanıklı, %11-100 oranında yakalanan çeşitler duyarlı olarak kabul edilmiştir. Çalışma sonunda toprak yüzeyi ilaçlamasının hastalığı

önlemede etkili olabileceği düşünülürken, pratik olmayacağı belirtilmiştir. Hastalığın görüldüğü bölgelerde dayanıklı çeşitlerin ekilmesi gerektiği vurgulanmıştır.

Öztürk vd. (1977), Maneb ve Mankozeb’li ilaçların akıcılık özelliği ile buğdayda sürme hastalığına biyolojik etkisi üzerine yaptıkları çalışmada, 4 ticari ilaçla (Ceresan-kuru UT 687, Dithane M-45, Dirhane m-45 Red ve Hekmazin) 100 kg tohuma 150-200 g dozda olacak şekilde uygulanmıştır. Buğdaylar %0.2 oranında sürme sporu ile inoküle edilmiştir. İlaçların spor çimlenmesi üzerine etkisi incelendiğinde kıyaslama sağlamak amacıyla kullanılan Ceresan-Kuru UT 687 adlı ticari ilaç hariç maneb ve mancozeb’li preparatların hiçbiri spor gelişimini tamamen önleyememiştir.

Özkan ve Finci (1974), buğday sürme hastalığına karşı kullanılan kuru tohum ilaçlarının sonradan bulaşmalardaki koruyucu etkisini belirmemek amacıyla yaptıkları 3 yıllık çalışmada 5 ticari ilacı (Ceresan-kuru UT 687, Programin, Fertix 85, Dithane M-45, Dithane s-60) 100 kg tohuma, 200 g’lık dozlarda uygulamışlardır. Tohumların inokülasyonunda 50 g buğdaya %0.3 oranında sürme sporu kullanılmıştır. Bu çalışma ile ilaçlamanın inokulasyondan önce veya sonra yapılmasının ilacın etkinliğinin belirlenmesi üzerindeki etkileri araştırılmış ve sürme ilaçlarının hastalık üzerinde iki etkisinin olduğu açıklanmıştır. Bunlardan birisi; primer yani ilaçlama sırasında diğeri ise sekonder yani tohumlar ekildikten sonra toprakta etki göstermektedir. İlaçlı tohumlara sürme sporlarının sonradan bulaşması, oluşacak enfeksiyonu önleyebilmektedir. Ayrıca, primer etki olarak da tohumların depolanması sırasında sporlar üzerine ilaçlamanın öldürücü etkisinin olmasıdır. Çalışmanın sonucunda gaz çıkarma özelliğine sahip etil ve metil civa bileşikleri, depolama sırasında etkinliklerinin artmasıyla en üstün koruyucu etkiye sahip olan ilaçlar olarak belirlenmiştir.

4. MATERYAL VE METOT

4.1. Çalışma Materyali ve Ön Hazırlık:

Sürme hastalığının doğa koşullarında bazı ekmeklik buğday çeşitlerinde dayanıklılığının kalıtımını araştırmak için yapılan çalışma 2012-2014 yılları arasında Eskişehir Geçit Kuşağı Araştırma Enstitüsü tarlalarında kurulmuştur. Hastalığa karşı dayanıklı ve hassas reaksiyonları literatür bilgilerine göre seçilen veya tarla koşullarında denenmiş buğday çeşitleri belirlenmiştir. Çalışma klasik ıslah ve moleküler yöntemler olmak üzere iki grupta değerlendirilmiştir.

4.2. Tarla çalışmaları

Araştırmada kullanılmak üzere 12 buğday çeşidi belirlenmiştir.

Çizelge 4.1. Buğday çeşitlerinin pedigrileri, hastalık reaksiyonları ve orjinleri.

No	Çeşit	Pedigri	Hastalık Reaksiyonu	Orjin
1	ALPU01	ID800994.W/VEE	Duyarlı	GKTAE
2	ALTAY2000	ES14//YKT/BLUEBOY2	Dayanıklı	GKTAE
3	KARAHAN99	C126-15/COFN/3/N10B/P14 //P101/4/KRC	Dayanıklı	MIKHAM
4	İKİZCE	ATR*2/7C//BI	Dayanıklı	ORZA
5	MÜFİTBEY	NGDA146/4/YMH/TOB//MCD/3/LIRA/5/F130L1.12	Dayanıklı	GKTAE
6	YAYLA305	Mixture of lines 1705, 505, 157	Dayanıklı	GKTAE
7	KIRAÇ66	Floransa171/Yayla 305	Dayanıklı	GKTAE
8	SOYER02	ATAY/GALVEZ87	Dayanıklı	GKTAE
9	SULTAN95	AGRI/NAC	Dayanıklı	GKTAE
10	NACİBEY	F900K/3/EGL//BUC/PVN	Dayanıklı	GKTAE
11	PI178383	Lokal çeşit	Dayanıklı	TÜRKİYE
12	M732154	Bilinmiyor	Dayanıklı	ICARDA

Ekim için deneme planı oluşturulmuş ve tesadüf blokları deneme desenine göre ilaşız ekim yapılmıştır. Ekim öncesinde kese kağıtları hazırlanmış, etiketlenmiş ve kese kağıtlarına konulmuştur. Deneme parselleri 1 m genişliğinde ve 0.5 m

uzunluğunda ve sıra arası 20 cm olacak şekilde kurulmuştur. Ekim ayı ortalarında birer hafta aralıklarla iki kademeli ekim yapılmıştır.



Şekil 4.1. Ekim öncesi ve sonrası tarla görüntüsü.

4.2.1. 1. Yıl tarla çalışmaları

2011 yılında ekimi yapılan çeşitler üzerinde 2012 Mayıs ayı ortasından itibaren Haziran ayının başına kadar melezleme çalışmaları devam etmiştir. Ağustos ayında hasat yapılmıştır. Eskişehir Geçit Kuşağı Araştırma Enstitüsü'nden temin edilen sporlarla Ekim ayında F_1 'lerin sürme sporu bulaştırılarak ve bulaştırma yapılmadan ekimi yapılmıştır.

Çizelge 4.2. İnokülasyonda kullanılan *Tilletia* izolatları, coğrafi orijinleri ve izole edildikleri konakçılar.

İzolat No	Tür	Coğrafi Orijin	Konakçı Buğday Çeşidi
İzolat 1	<i>T. foetida</i>	Tozman Yaylası Düden Mevkii	Kırkambar
İzolat 2	<i>T. caries</i>	Tozman Yaylası Düden Mevkii	Kırkambar
İzolat 3	<i>T. foetida</i>	Tozman Yaylası Düden Mevkii	Kırkambar
İzolat 4	<i>T. foetida</i>	Tozman Yaylası Düden Mevkii	Kırgız
İzolat 5	<i>T. foetida</i>	Tozman Yaylası Düden Mevkii	Kırgız
İzolat 6	<i>T. foetida</i>	Tozman Yaylası Düden Mevkii	Kırgız
İzolat 7	<i>T. foetida</i>	Kavacık Köyü	Gerek-kırgız-A
İzolat 8	<i>T. foetida</i>	Kavacık Köyü	Gerek-kırgız-A
İzolat 9	<i>T. foetida</i>	Kavacık Köyü	Gerek-kırgız-A
İzolat 10	<i>T. foetida</i>	Kavacık Köyü	Gerek-kırgız-B
İzolat 11	<i>T. foetida</i>	Kavacık Köyü	Gerek-kırgız-B
İzolat 12	<i>T. foetida</i>	Kavacık Köyü	Gerek-kırgız-B
İzolat 13	<i>T. foetida</i>	Tozman Yaylası Düden Mevkii	Katea
İzolat 14	<i>T. foetida</i>	Geçit Kuşağı Tarımsal Araştırma Enstitüsü	Gerek

4.2.2. 2. Yıl tarla çalışmaları

2013 yılı Mayıs ayında eksik olan melezlerin tamamlanması amacıyla melezleme çalışmalarına devam edilmiştir. F₁ kademesindeki bitkiler hasat edilmiş ve tohumlar F₂ kademesindeki hastalık okumaları için ekilmiştir. Elde edilen yeni melezlerin de ekimi yapılmıştır.

4.2.3. 3. Yıl tarla çalışmaları

2014 yılında, tarladaki F₂ kademesindeki bitkilerde hastalık okumaları yapılmış ve değerlendirmeye alınmıştır. Ağustos ayında hasat yapılmıştır. Elde edilen yeni F₁ bitkileri hasat edilerek F₂ kademesi için ekimi yapılmıştır.

4.2.4. 4. Yıl tarla çalışmaları

2015 yılında, ilave edilen kombinasyonların F₂ kademesindeki hastalık değerlendirmesi yapılmıştır.

4.2.4. Melezlemede işlem basamakları

Mayıs ayı ortalarından itibaren başak oluşturan bitkilerden henüz bayrak yaprak kınından tam olarak çıkmayanlar seçilmiş ve melezleme için kastrasyon yapılmıştır. Bunun için ince, sivri uçlu pensler seçilmiştir.

Başak üzerindeki kılçıklar başakçığın 2/3'ü kalacak şekilde kesilerek, orta çiçekcik alınarak diğer iki çiçekcikte anter temizliği yapılmış ve başaklar tozlamaya hazır hale getirilmiştir. Her başak için pensler alkol yardımıyla sterilize edilmiştir.



Şekil 4.2. Melezleme tarla görüntüsü.

Hava sıcaklığına bağlı olarak 2-4 gün stigmanın olgunlaşması amacıyla başakların üzeri melez kâğıtları ile kapatılarak yabancı toz almasını engellenmiştir.

Toz verme olgunluğuna gelmiş başaklar kesilerek kılçıkları temizlenmiş ve toprak sıcaklığı ile anterlerin ortaya çıkışı hızlandırılmıştır. Ortalama 1 başağı tozlamak için 3 başak baba olarak kullanılmıştır. Anterleri iyice belirginleşen başaklar üzeri kesilerek açılmış melez kâğıtlarının içerisine ters çevrilerek silkelenmiş ve polinasyon sağlanmıştır. Melez kâğıtlarının üzerleri kapatılmış ve her bir başak ayrı ayrı etiketlenmiştir.

Bütün melezler yetiştirme periyodu boyunca sık aralıklarla melez kâğıtlarında herhangi bir açılma olup olmaması açısından kontrol edilmiş kağıtları rüzgar ve yağış nedeniyle açılan başaklar elimine edilmiştir.

Polinasyon süresinin kısalığı ve çeşitlerin erkencilik özelliklerinin farklı olmasından dolayı bazı melez kombinasyonları tamamlanamamıştır. İlk yıl yapılan çalışmalarda başarılı olmayan ve tohum elde edilemeyen melezler yeni eklenen çeşitler ile birlikte 2 yıl boyunca tekrar melezlenmiştir. Üç yılda her bir kombinasyon için ortalama 5 melez oluşturulmuştur.

Başaklar her yıl Temmuz - Ağustos aylarında hasat edilmiştir. Aynı kombinasyonların tohumları bir arada toplanmıştır. Tohum sayıları çok az olan melezler laboratuvar çalışmaları için ayrılmış, yeterli tohum oluşturan melezler hastalık okumaları için tarlaya ekilmek üzere saklanmıştır.

Çiçek dönemindeki uyumsuzluklar nedeni ile dayanıklı x dayanıklı melezlerden PI178383 x Soyer 02, M732154 x Yayla 305305 kombinasyonları ve hassas x dayanıklı melezlerden Alpu 01'nun Soyer 02, M732154, İkizce ve PI178383 ile olan kombinasyonları eksik kalmıştır.

4.2.5. Tarla verilerinin değerlendirilmesi

Hastalık oranlarını çeşitlerdeki enfeksiyon miktarı dikkate alınarak belirlenmiştir. Buna göre; enfeksiyon oranı %10'un altındaki çeşitler dirençli, enfeksiyon oranı %11-40 olan çeşitler orta dayanıklı ve enfeksiyon oranı %41'den fazla olan çeşitler hassas olarak gruplandırılmıştır (Rodenhiser ve Holton, 1945). Çeşitler dayanıklı ve hassas olarak değerlendirildikten sonra yapılan hastalık okumaları sonucunda şansın genetik veriler üzerindeki etkisini değerlendirmek amacıyla ki-kare (χ^2) testinden yararlanılmıştır (Snedecor ve Cochran, 1956).



Şekil 4.3. Hastalık okuma zamanı tarla görüntüsü.

4.3. Laboratuvar Çalışmaları

4.3.1. Tohumların sterilizasyonu

Elde edilen hibrit tohumlar DNA izolasyonunda kullanılmak üzere sterilize edilerek ekilmiş ve iklim kabininde yetiştirilmiştir.

4.3.1.1. Sterilizasyon işlem basamakları

Cam erlenlere alınan tohumlar 1 defa saf su ile yıkanır.

1 defa saf alkol ile yıkanır, 3 dakika beklenir.

1 defa saf su ile yıkanır.

1 defa %4.5'lük çamaşır suyu ile 3 dakika yıkanır.

6 defa saf su ile yıkanır.

Etiketlenen ve süzgeç kağıdı yerleştirilen petrilere, 2 uygulama için her bir paket tohum 2 ye bölünerek ekilir.



Şekil 4.4. Sterilizasyon işlem basamağı görüntüsü.

Petri kapları 19°C de 3-4 gün çim kımı ve kökçük kımı oluşumu için tutulur ve nemli kalması için her gün sulanır. 4. günün sonunda kökçük kımı oluşturan sağlıklı tohumlar kum ve toprak karışımı içeren viollere ekilerek iklim kabine alınır. Sterilizasyon işlemi ATAEM Bitki Hastalıkları Laboratuvarı'nın buğday çalışmalarında kullandığı prosedürler dikkate alınarak yapılmıştır.



Şekil 4.5. Çimlenmiş tohumların ekim görüntüsü.

Bitki büyüme kabinine alınan tohumlar, 3 hafta süre ile 25°C sıcaklıkta, 16 saat aydınlık, 8 saat karanlık periyotta yaprak oluşması sağlanmış ve alınan yaprak örnekleri sıvı azot ile muamele edilerek öğütülmüş ve DNA izolasyonu için -20°C'ye kaldırılmıştır.



Şekil 4.6. Çimlenmiş buğdayların görüntüsü.

4.3.2. Buğday yapraklarından genomik DNA izolasyonu

4.3.2.1. DNA izolasyon yöntemi

Klasik DNA izolasyonu ile buğday yapraklarından genomik DNA izole etmek için CTAB tamponu kullanılmıştır. CTAB Litik Tampon Hazırlığı (50 ml):

- 1 g CTAB
- 14 ml 1.4 M NaCl veya 4.095 g toz NaCl
- 5 ml 1 M Tris
- 2 ml 0.5 M EDTA (Etilen Diamin Tetra Asetikası)
- 0.5 g PVP (Polyvinil Pyrolidone)

Karışım 50 ml'ye steril distile su ile tamamlanarak ve 120°C 20 dakika otoklavlandı. Steril edildikten sonra tampona 200 µl β-merkaptoetanol eklenmiştir.

Çalışmadan önce 2xCTAB (Hexa decyltrimethyl ammonium bromide) tamponu su banyosunda 65 °C'de 15 dk. ısıtılmış ve hazır hale getirilmiştir.

1 g taze yaprak dokusu sıvı azotla öğütülerek toz haline getirilmiştir.

Ependorfa 800 µl 2XCTAB (Sigma) solüsyonu eklenmiştir.

30 dk. 62 °C de su banyosunda bekletilmiştir.

Ependorfa 800 µl kloroform : izoamilalkol (24:1) eklenmiştir.

Karışım 7500 rpm'de 10 dk santrifüjlendi ve üstte kalan kısım 2 µl'lik tüpe aktarılmıştır.

Aktarılan miktarın 2/3'ü kadar -20 °C'de bekletilen isopropanol karışıma eklenmiştir. Birkaç kez alt üst edildikten sonra 2 saat inkübe edilmiştir.

İnkübasyon sonunda karışım tüpü 10 000 rpm'de 10 dakika santrifüjlenmiştir.

DNA peleti 300 µl %70'lik etil alkol ile yıkandı ve çeker ocakta veya açık havada kuruyana kadar bekletilmiştir.

Kuruyan DNA peleti steril deiyonize suda TE buffer da çözündürülmüştür.

Spektrofotometrede ölçüm için DNA'nın (%2'lik) ng/ml değeri hesaplanmış ve elde edilen değer 100 ml'ye tamamlanmıştır. İzolasyonlar tamamlandıktan sonra ebeveynler üzerinden PCR reaksiyonu kurulmuştur.

4.3.3. DNA'nın spektrofotometre'de ölçümü, miktar ve kalite tayini

İzole edilen genomik DNA'ların saflık dereceleri ve kalite miktarları Nanodrop Spektrofotometre cihazında 260 ve 280 nm dalga boylarında okuması yapılmıştır, nanogram veya mikrogram cinsinden saflık ve miktarları tespit edilmiştir. Peletin çözdürüldüğü tampon kör olarak kullanılmıştır.

Ölçümlerde değerlerin 260 ve 280 nm de 1.8' den büyük olması istenmektedir. Spektrofotometre'de okunan değerler ile %2'lik DNA çalışma kalıbı hazırlanmıştır. %2'lik DNA çalışma kalıbı şu şekilde hazırlanmaktadır;

$$\text{DNA miktarı} = \text{OD}_{260} \times \text{dilüsyon katsayısı} \times 50 \mu\text{l/ml}$$

4.3.4. ISSR-PCR için kalıp DNA hazırlığı

Genomik DNA'lar μ l'sinde 2 ng DNA olacak şekilde steril distile su ile seyreltilmiştir.

4.3.5. ISSR-PCR Analizleri

4.3.5.1. ISSR-PCR hazırlığı ve koşulları

Polimeraz zincir reaksiyonu bir DNA dizisini özgün olarak çoğaltmak için kullanılan bir yöntemdir. Bu yöntemle 5'-3' yönünde DNA polimeraz yardımıyla sentez başlar. Sentezin başlaması için serbest 3'-OH grubunu oligonükleotitler (primerler) sağlar (Bardakçı ve Yenidünya, 2010).

Çizelge 4.3. Kullanılan ISSR primerleri ile ilgili bilgiler.

Primer kodu	Primerin dizisi (5'...3')	T _A °C	Sonuç	
1	ISSR-01	AGA GAG AGA GAG AGA GG	52.8	Polimorfik
2	ISSR-02	GAG AGA GAG AGA GAG AT	50.4	Polimorfik
3	ISSR-04	ACA CAC ACA CAC ACA CC	52.8	Polimorfik
4	ISSR-06	GAG AGA GAG AGA GAG AC	52.8	Polimorfik
5	ISSR-08	GTG CGT GCG TGC GTG C	59.4	Polimorfik
6	ISSR-10	GGG TGG GTT GGG GTG	58.8	Polimorfik
7	ISSR-11	CTC TCT CTC TCT CTC RC	54.0	Polimorfik
8	ISSR-13	GCW GAG AGA GAG AGA G	51.8	Polimorfik
9	ISSR-14	AGA GAG AGA GAG AGA GYC	54.8	Polimorfik
10	ISSR-15	GGA TGG ATG GAT GA	43.4	Polimorfik
11	ISSR-829	TCT CTC TCT CTC TCT CG	52.8	Polimorfik
12	ISSR-847	CAC ACA CAC ACA CAC ARC	53.7	Polimorfik
13	ISSR-861	ACC ACC ACC ACC ACC ACC	60.5	Polimorfik
14	ISSR-866	CTC CTC CTC CTC CTC CTC	60.5	Polimorfik
15	ISSR-890	CCG CCG CCG CCG CCG CCG	47.9	Polimorfik
16	ISSR-03	GTG TGT GTG TGT GTG TC	52.8	Çıkmadı
17	ISSR-5	TGT GTG TGT GTG GTG TGT GA	50.4	Eksik
18	ISSR-7	GAC AGA CAG ACA GAC A	49.2	Eksik
19	ISSR-09	GGA TGG ATG GAT GGA T	49.2	Çıkmadı
20	ISSR-819	CAC ACA CAC ACA CAC AG	50.4	Çıkmadı

(Y= (C,T) B= (C,G,T) D= (A,G,T) V= (A,G,C))

ISSR-PCR analizi ile buğday çeşit ve melezlerindeki polimorfizmi belirlemek için British Columbia Üniversitesi Biyoteknoloji Laboratuvarı'ndan (Kanada) temin edilen 20 farklı ISSR primeri kullanılmıştır (Çizelge 4.3).

ISSR-PCR reaksiyonları 25 µl ve 12.5 µl'lik hacimlerde 1X Taq Buffer, 2 µM MgCl₂, 2.5 µM dNTP, 2.5 µM primer, 6 ng kalıp DNA ve 1U Taq polimeraz enzimi kullanılarak hazırlanmıştır. Her bir primer için hazırlanan negatif kontrol reaksiyonlara eklenmiştir. Bu reaksiyonlarda kullanılan PCR bileşen ve miktarları Çizelge 4.4'te verilmiştir.

Çizelge 4.4. Kullanılan ISSR-PCR bileşenleri ve miktarları.

Bileşen	Miktar
dH ₂ O	13.8 µl
10X Taq Buffer (Fermentas)	2.5 µl (1x)
25mM MgCl ₂ (Fermentas)	2 µl (2.5 µM)
2.5mM dNTP (Fermentas)	2 µl (2.5 µM)
2.5mM Primer	2 µl (2.5 µM)
Kalıp DNA	2.5 µl (2 ng/ml)
Taq Polimeraz (Fermentas)	0.2 µl
Toplam	25 µl

Polimeraz zincir reaksiyonları çizelge 4.5’de verilen koşullarda Thermo Scientific Thermal Cycler ile gerçekleştirilmiştir.

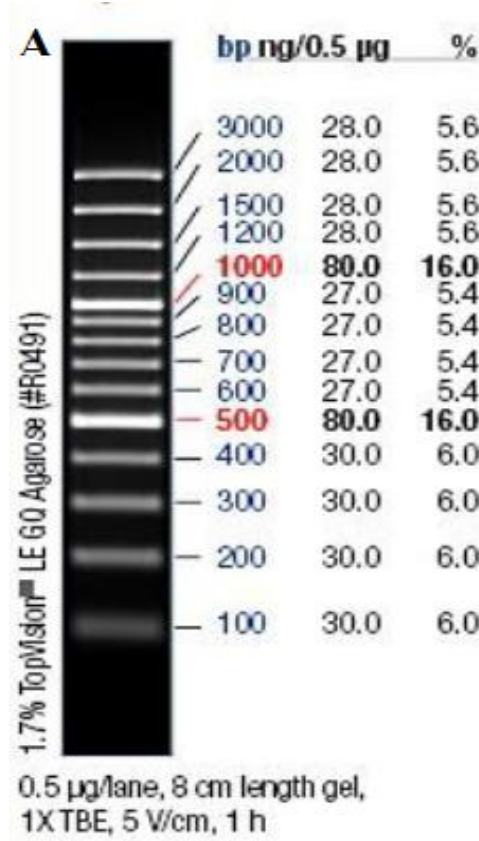
Çizelge 4.5. ISSR-PCR uygulama protokolü.

	Döngü Sayısı	Sıcaklık (°C)	Süre
Başlangıç Denatürasyonu	1	95	4 dk.
Denatürasyon		94	45 sn.
Bağlanma	45	49.2-60.5	45 sn.
Uzama		72	90 sn.
Final Uzaması	1	72	7 dk.

4.3.5.2. Agaroz jel elektroforezi ile ISSR-PCR ürünlerinin yürütülmesi

5X TBE stok tamponunun seyreltilmesi ile elde edilen agaroz jeller 0.5X TBE tamponu ile hazırlanmıştır. Erlen içinde 0.5X TBE tampon ile birlikte kaynatılan % 1.3’lik agaroz katılmasından önce 2.5 µl etidyum bromid ilave edilerek karıştırılmış ve jel tablasına dökülmüştür.

PCR ürünleri her bir kuyucuğa 8 µl örnek 1 µl loading dye olmak üzere 9 µl yüklemiş ve 90 V'ta 70 dk. yürütülmüştür. Bant büyüklüklerinin değerlendirilmesi amacıyla her jelde ilk ve son kuyucuklara 5 µl 100 bp'lik DNA ladder (Fermentas) yüklenmiştir.



Şekil 4.7. Fermentas gene Ruler 100 bp DNA ladder plus.

4.3.5.3. ISSR-PCR ürünlerinin görüntülenmesi ve değerlendirilmesi

Agaroz jel elektroforezinde yürütme işlemi ile elde edilen bant profilleri UV transilimünatörü (Gel Logic 212 PRO) altında gözlemlenmiş ve Carestream Molecular Imaging Software programı ile fotoğraflanmıştır. Bant büyüklükleri şekil 4.8'deki 100 bp'lik DNA ladder (Fermentas) markör ile kıyaslama yapılarak değerlendirilmiştir.

4.3.5.4. ISSR-PCR sonuçlarının biyoinformatik analizi

Phoretix1DPro Software (Non-linear Dynamics) programı ile jel fotoğraflarındaki her bir ISSR bandı için var (1) ya da yok (0) ikili matrisleri oluşturulmuştur. Bu veriler kullanılarak buğday çeşitleri arasındaki genetik benzerlik

ve farklılık deęerleri Jaccard indeksi belirlenmiřtir. UPGMA (unweighted pair group method with arithmetic mean) metodu ile eřitler arasındaki genetik iliřkileri gsteren dendrogram, ExPASy veri tabanında bulunan DendroUPGMA programıyla oluřturulmuřtur.

5. BULGULAR

5.1.Tarla çalışmaları

Yapılan melezlemeler sonucu elde edilen tohumların F₂ kademesinde tarlada hastalık okumaları yapılmıştır. Rodenhiser ve Holton (1945), hastalık skalasına göre hastalık reaksiyonları belirlenmiştir (Bkz. Çizelge 5.1 ve Çizelge 5.2). Dayanıklı x dayanıklı kombinasyonlara ait allelizm tablosu hazırlanmıştır (Bkz. Çizelge 5.4). Hastalık oranları, X² analiz sonuçları ve DNA saflık oranları ekte verilmiştir (Bkz. EK1, EK 2, EK 3).

Çizelge 5.1. Ebeveynlerin hastalık oranları.

NO	MELEZ	T.B.S.	S.B.S.	%	H.R.
1	ALPU 01	178	127	71.34	S
2	ALTAY 2000	168	47	27.97	MR
3	KARAHAN 99	155	0	0	R
4	İKİZCE	210	71	33.8	MR
5	MÜFİTBEY	169	3	1.7	R
6	YAYLA 305	198	35	17.68	MR
7	KIRAÇ 66	196	2	1	R
8	SOYER 02	185	49	35	MR
9	SULTAN 95	136	27	19.85	MR
10	NACİBEY	118	0	0	R
11	PI 178383	127	0	0	R
12	M 732154	118	0	0	R

T.B.S. : Toplam Bitki Sayısı, S.B.S. : Sürmeli Bitki Sayısı, H. R. :Hastalık Reaksiyonu
S: Hassas, MR: Orta Dayanıklı, R:Dayanıklı

Çizelge 5.2. F₂ kademesi hassas x dayanıklı melezlerin hastalık oranları.

MELEZ	T.B.S.	S.B.S.	%	H. R.
ALPU 01-ALTAY 2000	104	8	7.7	MR
ALPU 01-SOYER 02	-	-	-	-
ALPU 01-KARAHAN 99	315	71	22.5	MR
ALPU 01-KIRAÇ 66	253	11	4.4	R
ALPU 01-NACİBEY	211	13	6.2	R
ALPU 01-M732154	-	-	-	-
ALPU 01-İKİZCE	-	-	-	-
ALPU 01-PI178383	-	-	-	-
ALPU 01-MÜFİTBEY	228	30	13.2	MR
ALPU 01-YAYLA 305	195	3	1.5	R
ALPU 01-SULTAN 95	245	12	4.9	R

T.B.S. : Toplam Bitki Sayısı, S.B.S. : Sürmeli Bitki Sayısı, H. R. :Hastalık Reaksiyonu
S: Hassas, MR: Orta Dayanıklı, R:Dayanıklı

Çizelge 5.3. F₂ kademesinde hassas x dayanıklı melezlerin kalıtım biçimleri ve X² değerleri.

Yarım Diallel Melezler	A.O.	D/H	G. D.	B. D.	$\frac{(G-B)^2}{B^2}$	X ²
ALPU 01-ALTAY 2000	15:1	D	96	97.5	0.023	0.369
		H	8	6.5	0.346	0.70-0.50
ALPU 01-KARAHAN 99	3:1	D	244	236.25	0.254	1.017
		H	71	78.75	0.763	0.50-0.30
ALPU 01-KIRAÇ 66	15:1	D	242	237.2	0.097	1.595
		H	11	15.8	1.498	0.30-0.20
ALPU 01-NACİBEY	15:1	D	198	197.8	0.000	0.003
		H	13	13.2	0.003	0.99-0.95
ALPU 01-MÜFİTBEY	57:7	D	198	203.1	0.129	1.174
		H	30	24.9	1.045	0.30-0.20
ALPU 01-YAYLA 305	63:1	D	192	191.96	0.000	0.000
		H	3	3.04	0.000	0.99
ALPU 01-SULTAN 95	15:1	D	233	229.69	0.048	0.764
		H	12	15.31	0.716	0.50-0.30

A.O.: Açılım Oranı, D: Dayanıklı, H: Hassas, G: Gözlenen değer, B: Beklenen değer, X²: Ki-kare değeri

Çizelge 5.4. Dayanıklı x dayanıklı mezlere ait allelizm tablosu.

ÇEŞİT		İKİZCE		KARAHAN99		KIRAÇ66		MÜFİTBEY		M732154		NACİBEY		PI178383		SOYER02		SULTAN95		YAYLA305	
		R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S
ALTAY2000	G X ² P AO	253	17	251	0	147	0	217	0	157	0	246	0	184	0	226	0	137	19	141	0
		0.0009																0.237			
		0.99 - 0.95																0.70 - 0.50			
		60R : 4S																57R : 7S			
İKİZCE	G X ² P AO			245	5	144	0	296	20	-	-	-	-	132	46	160	0	183	0	227	0
				0.315				0.003						1.259				0.30 - 0.20			
				0.70 - 0.50				0.99 - 0.95						0.30 - 0.20				45R : 19S			
				63R : 1S				60R : 4S													
KARAHAN99	G X ² P AO					162	0	393	0	112	0	145	0	158	9	213	6	188	0	86	0
														0.212		1.977					
														0.70 - 0.50		0.20 - 0.05					
														60R : 4S		63R : 1S					
KIRAÇ66	G X ² P AO							264	0	-	-	-	-	149	12	160	0	158	0	78	0
														0.399							
														0.70-0.50							
														60R : 4S							
MÜFİTBEY	G X ² P AO									-	-	142	0	-	-	164	0	282	13	178	0
																		1.712			
																		0.20-0.05			
																		60R : 4S			
M732154	G X ² P AO											136	0	166	0	180	0	190	0	-	-
NACİBEY	G X ² P AO													-	-	212	57	-	-	152	46
																2.083				3.952	
																0.20 - 0.05				0.05 - 0.01	
																48R : 16S				45R : 19S	
PI178383	G X ² P AO															-	-	117	22	-	-
																		3.416			
																		0.20 - 0.05			
																		57R : 7S			
SOYER02	G X ² P AO																	125	0	210	0
SULTAN95	G X ² P AO																			210	0

5.1. Genomik DNA İzolasyonu

Çalışmada tarla verilerinin moleküler yöntemlerle desteklenebilmesi amacıyla seçilen 12 buğday çeşidi ve bunların yarım diallellere ait DNA molekülünün elde edilmesi gerekmektedir. Bu amaçla büyüme kabiniinde steril yetiştirilen buğdaylardan alınan yaprak örneği sıvı azotla muamele edilerek öğütülmüş ve 2X CTAB yöntemi ile genomik DNA izolasyonu gerçekleştirilmiştir (Doyle ve Doyle, 1987).

5.2. Genomik DNA'nın Spektrofotometre'de Ölçümü, Miktar ve Saflık Tayini

İzolasyon sonucu elde edilen kalıp DNA'ların Nanodrop Spektrofotometre'de 260-280 nm dalga boyunda saflık ve miktar tayinleri yapılmıştır. 1.8-2.0 arasındaki değerler saflık derecesinin yüksek olduğu DNA değerleri olarak kabul edilmektedir.

DNA ve RNA çözeltilerinin maksimum emilimi 260 nm'de, protein çözeltilerinin ise 280 nm'de olmaktadır. DNA ve RNA çözeltileri ışığı kısmen 280 nm'de ve protein çözeltileri 260 nm'de soğurduğundan 260 ve 280 nm (A_{260}/A_{280}) ölçüm aralığındaki bir oran, nükleik asitlerin saflık değerini verir. DNA ve RNA yaklaşık olarak 1.8-2.0 A_{260}/A_{280} 'e sahiptir. DNA saf olduğunda (fenol gibi kontaminantlar yoksa ya da az miktarda ise) nükleotid bazları tarafından absorbe olan ultraviyole radyasyonunun miktarı spektrofotometrik olarak basit ve doğru biçimde ölçülebilir.

Çalışmada DNA örneklerinin saflık değerleri 1.8-2.09 arasında değişiklik göstermiştir. DNA örnekleri PCR reaksiyonlarında başarılı sonuçlar verdiklerinden tekrar izolasyon yapılmamıştır. Elde edilen DNA saflık ve miktar değerleri çizelge 5.6 ve EK 1'de verilmiştir.

Çizelge 5.5. Ebeveynlere ait genomik DNA'ların miktar ve saflık ölçüm değerleri.

Çeşit no	Saflık (260/280 nm)	DNA miktarı (Ng/µl)
1	52.44	1.80
2	86.41	1.97
3	217.43	2.05
4	180.46	2.00
5	136.47	2.02
6	251.12	1.99
7	203.00	2.00
8	330.10	2.04
9	106.51	2.04
10	285.93	2.03
11	411.14	1.96
12	455.88	1.99

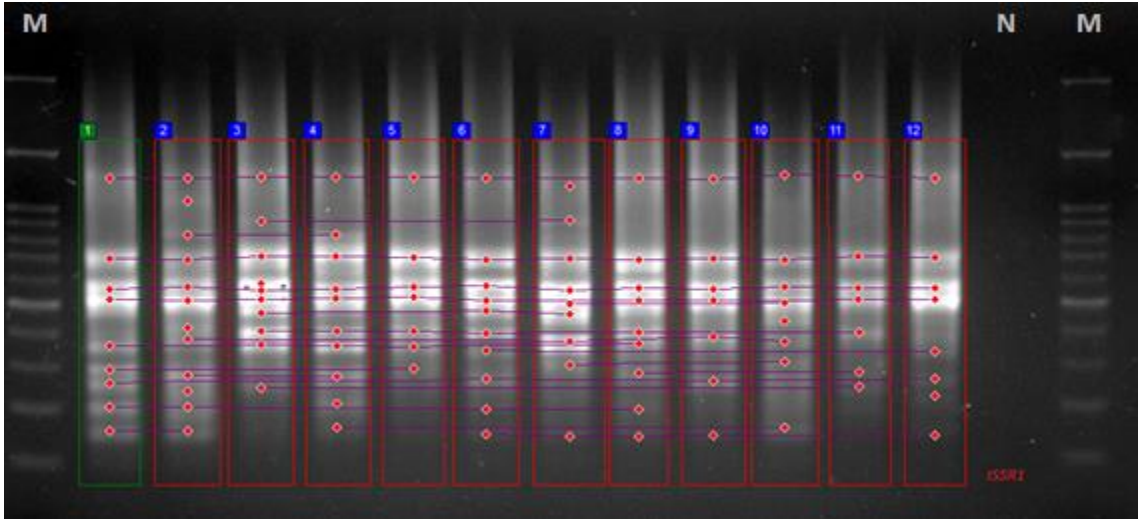
5.3. ISSR-PCR için Kalıp DNA Hazırlığı

İstenilen saflık ve miktarda elde edilen genomik DNA'lar, polimeraz zincir reaksiyonlarında kullanılmak amacıyla seyreltilmiştir.

İzole ettiğimiz DNA'lardan µl'de 2 ng olacak şekilde kalıp DNA çalışma solüsyonları hazırlanmıştır. Buna göre; 25 µl'lik hazırlanan solüsyonda 2.5 µl kalıp DNA kullanılmıştır.

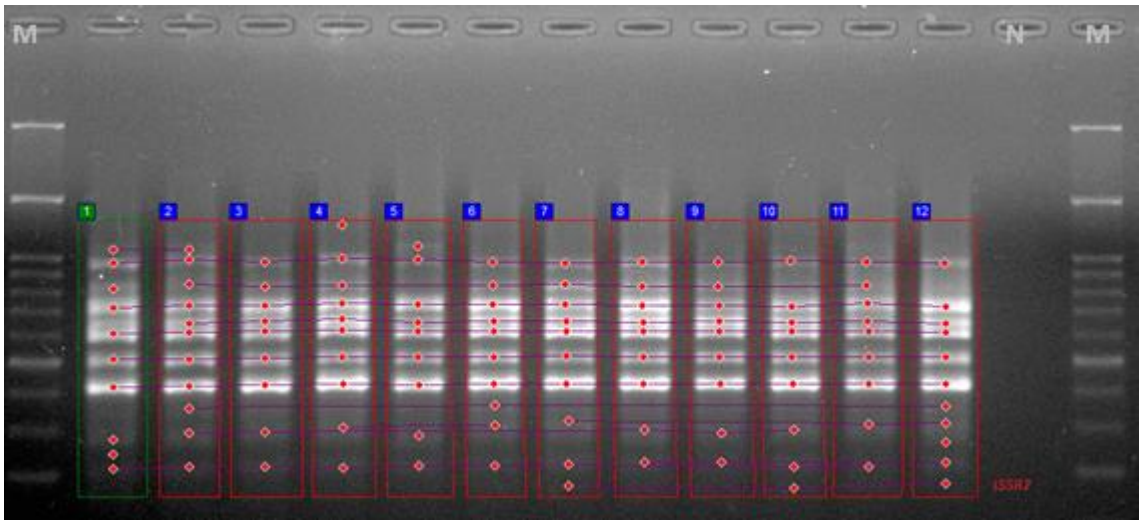
5.4. ISSR-PCR Sonuçları ve Polimorfizm Bilgi İçeriğinin Hesaplanması

ISSR-PCR sonuçlarının jel görüntüleri sonuç alınan 15 primere göre gruplandırılarak Şekil 1-30 da verilmiştir. Buna göre M markörü (Fermantas Gene Ruler 100 bp DNA ladder Plus), N ise negatif kontrolü ifade etmektedir. Şekillerde verilen numaralar ebeveyn ve melezler için yapılan numaralandırmayı temsil etmektedir. Şekillerde (Şekil 5.1-Şekil 5.30) ISSR primerleri kullanılarak oluşan bant profilleri büyüklüklerinin belirlenmesi ve çeşitliliği tanımlayabilmek amacıyla markörle (Fermantas Gene Ruler 100 bp DNA ladder Plus) karşılaştırılarak değerlendirilmiştir.



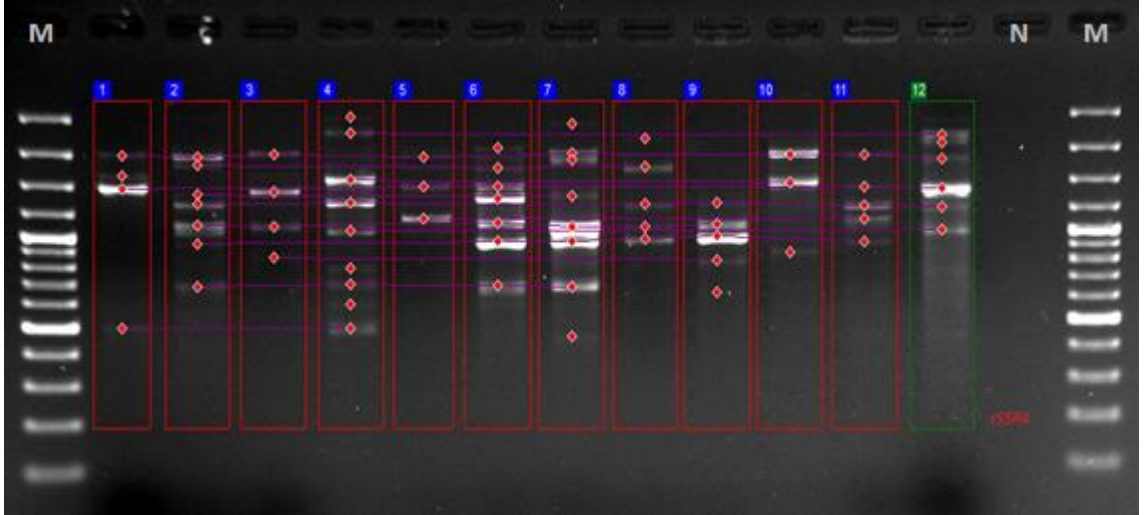
Şekil 5.1. ISSR-1 numaralı primerle buğdayda oluşan bant profilleri.

ISSR1 primeri ile yapılan PCR sonucunda 24'ü polimorfik 3'ü monomorfik olmak üzere toplam da 27 bant elde edilmiş ve polimorfizm oranı % 88.89 bulunmuştur.



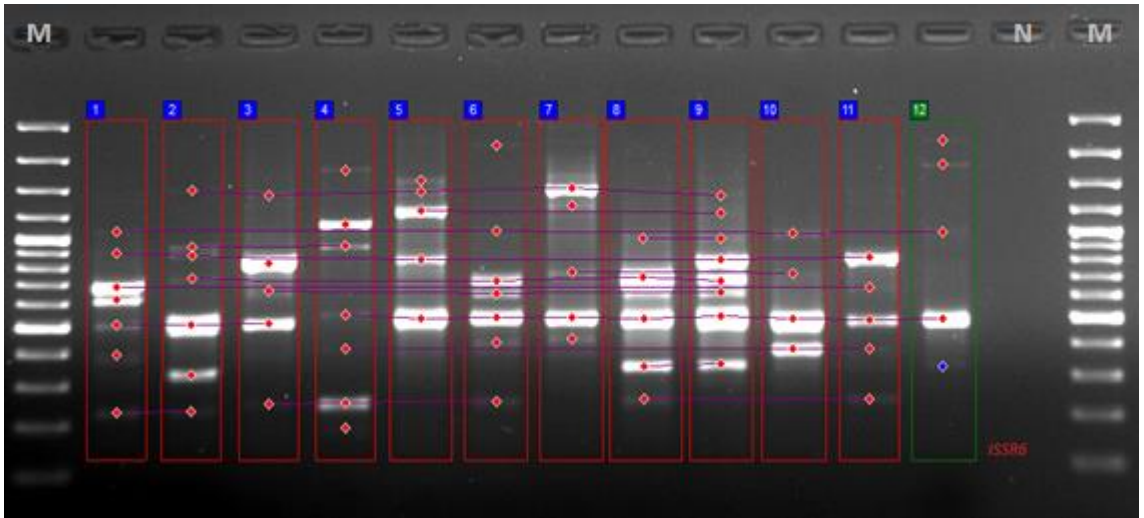
Şekil 5.2. ISSR-2 numaralı primerle buğdayda oluşan bant profilleri.

ISSR2 primeri ile yapılan PCR sonucunda 16'si polimorfik 6'i monomorfik olmak üzere toplam da 22 bant elde edilmiş ve polimorfizm oranı %72.73 bulunmuştur.



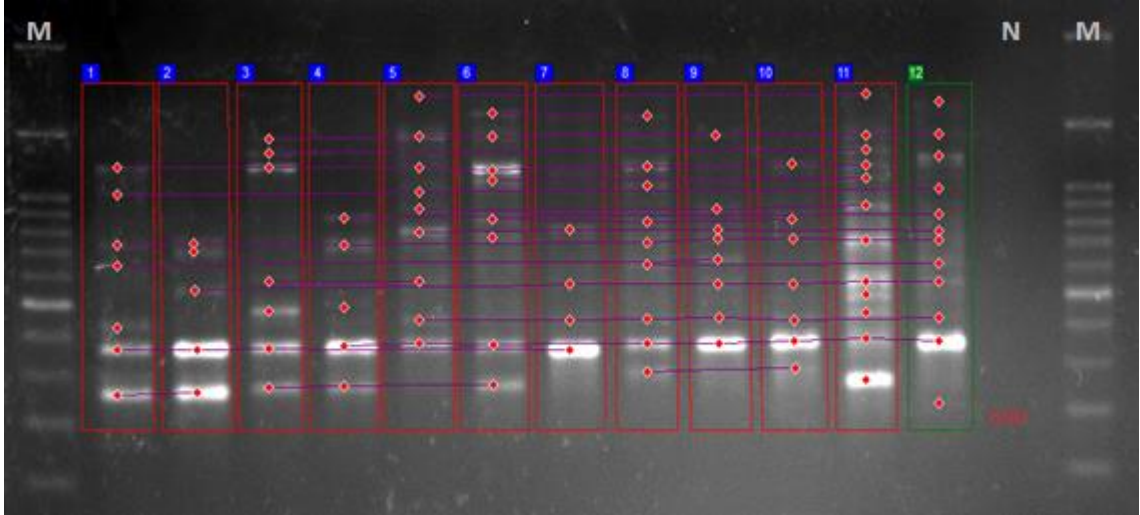
Şekil 5.3. ISSR-4 numaralı primerle buğdayda oluşan bant profilleri.

ISSR4 primeri ile yapılan PCR sonucunda 27'si polimorfik olmak üzere toplam da 27 bant elde edilmiş ve polimorfizm oranı % 100 bulunmuştur.



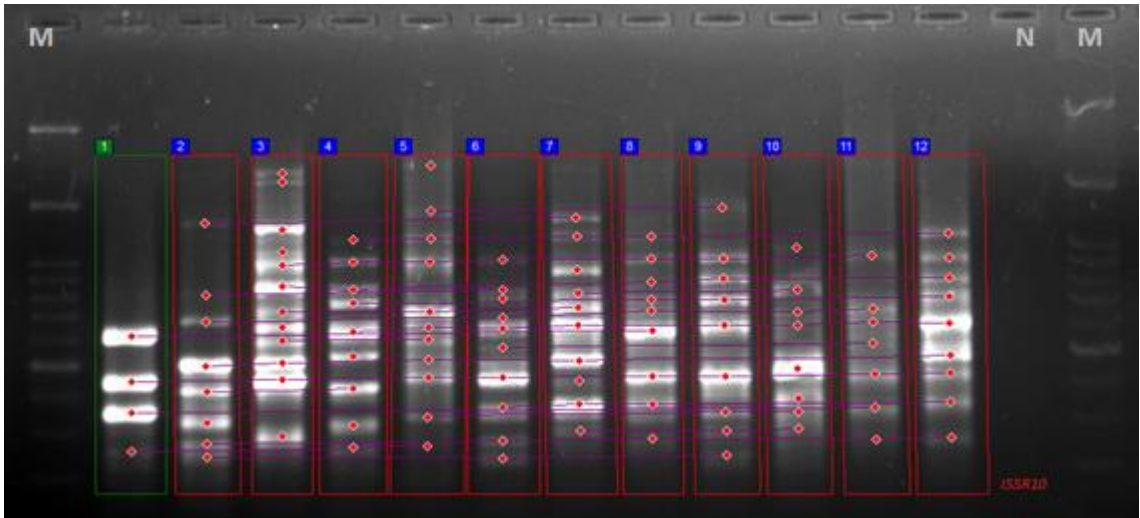
Şekil 5.4. ISSR-6 numaralı primerle buğdayda oluşan bant profilleri.

ISSR6 primeri ile yapılan PCR sonucunda 31'i polimorfik üzere toplam da 31 bant elde edilmiş ve polimorfizm oranı % 100 bulunmuştur.



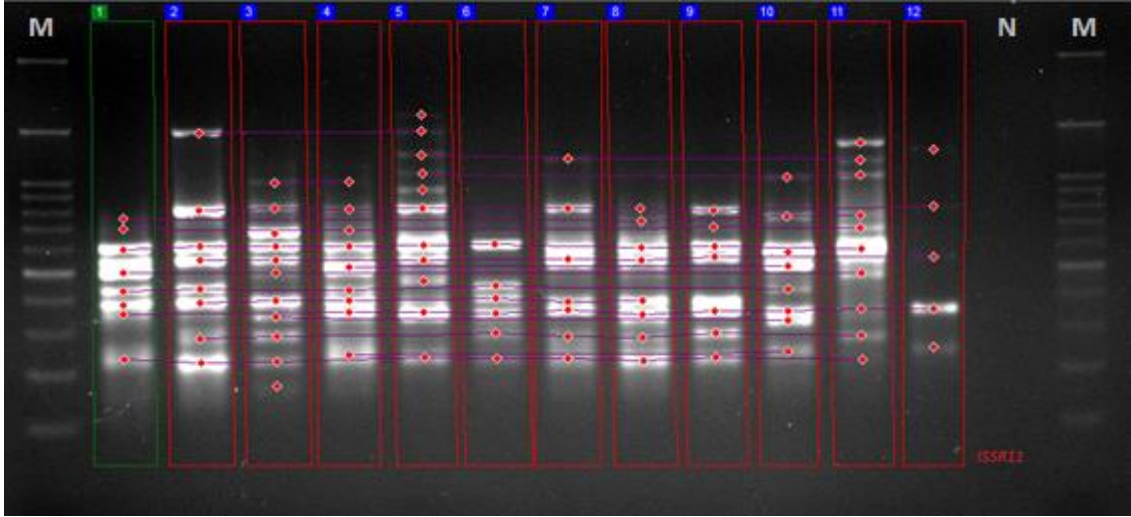
Şekil 5.5. ISSR-8 numaralı primerle buğdayda oluşan bant profilleri.

ISSR8 primeri ile yapılan PCR sonucunda 34'ü polimorfik olmak üzere toplam da 34 bant elde edilmiş ve polimorfizm oranı % 100 bulunmuştur.



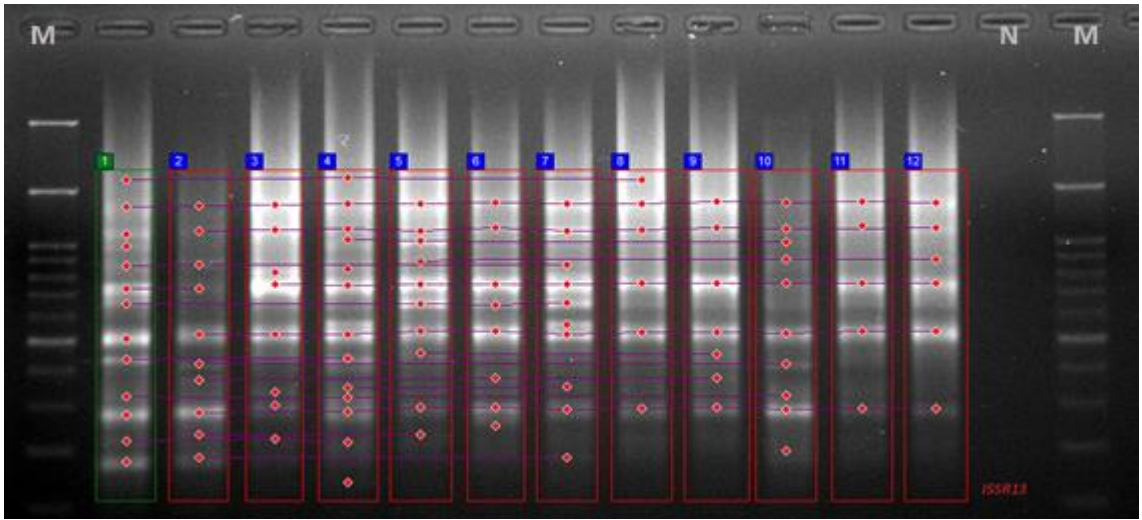
Şekil 5.6. ISSR-10 numaralı primerle buğdayda oluşan bant profilleri.

ISSR10 primeri ile yapılan PCR sonucunda 41'i polimorfik olmak üzere toplam da 41 bant elde edilmiş ve polimorfizm oranı % 100 bulunmuştur.



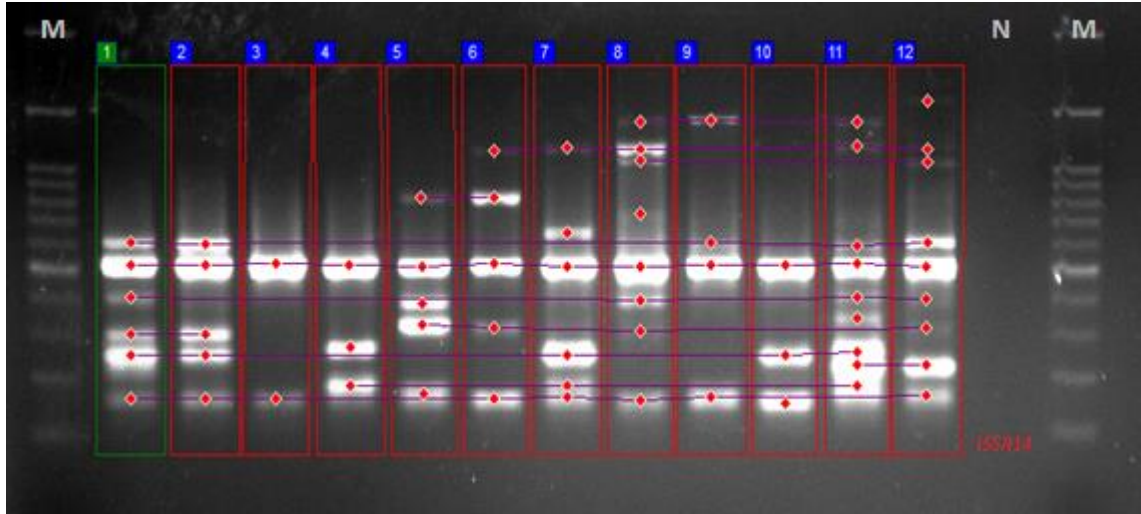
Şekil 5.7. ISSR-11 numaralı primerle buğdayda oluşan bant profilleri.

ISSR11 primeri ile yapılan PCR sonucunda 28'si polimorfik olmak üzere toplam da 28 bant elde edilmiş ve polimorfizm oranı % 100 bulunmuştur.



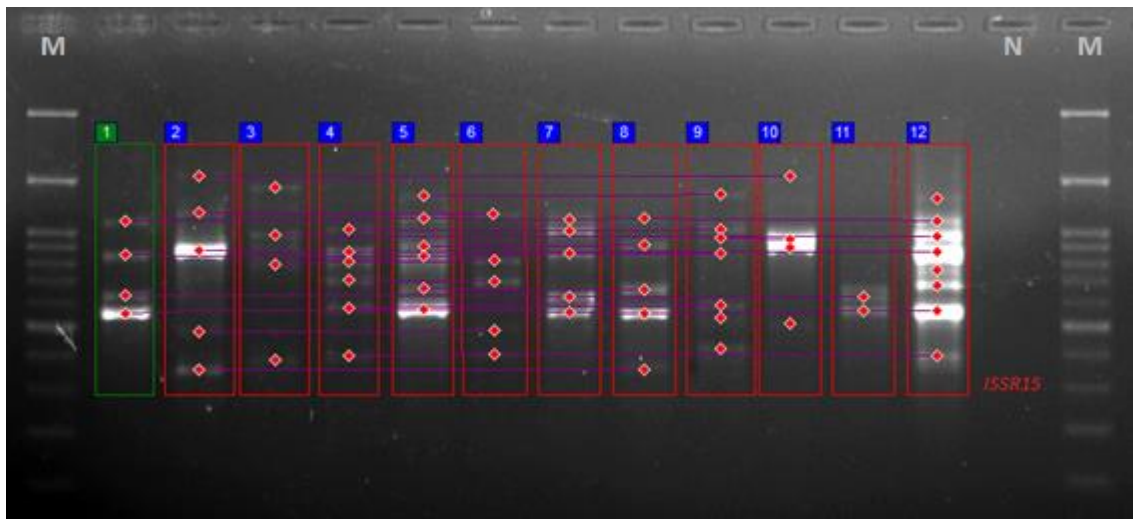
Şekil 5.8. ISSR-13 numaralı primerle buğdayda oluşan bant profilleri.

ISSR13 primeri ile yapılan PCR sonucunda 32'si polimorfik 2' si monomorfik olmak üzere toplam da 34 bant elde edilmiş ve polimorfizm oranı % 94.12 bulunmuştur.



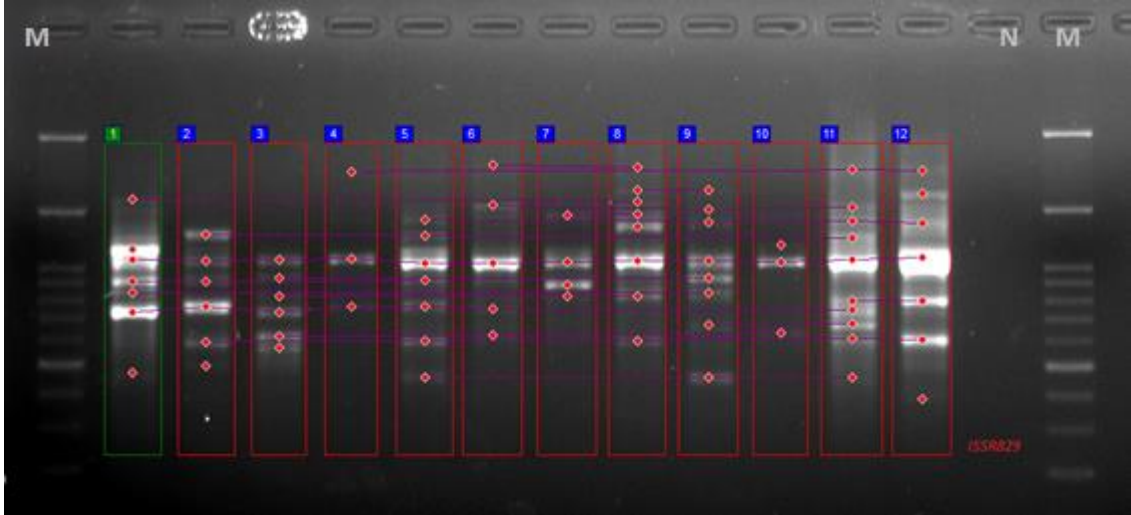
Şekil 5.9. ISSR-14 numaralı primerle buğdayda oluşan bant profilleri.

ISSR14 primeri ile yapılan PCR sonucunda 20'si polimorfik 1i monomorfik olmak üzere toplam da 21 bant elde edilmiş ve polimorfizm oranı % 95.24 bulunmuştur.



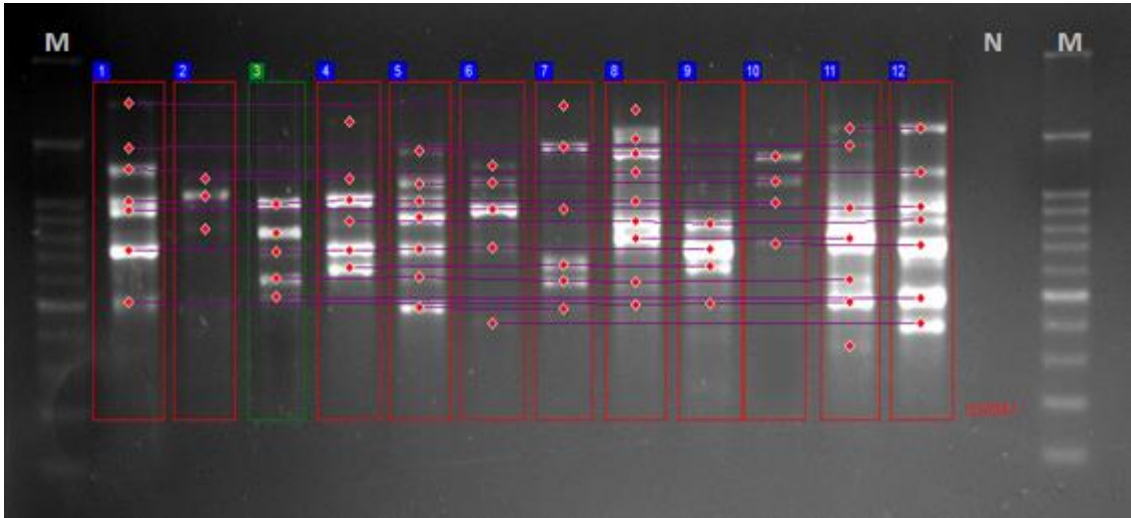
Şekil 5.10. ISSR-15 numaralı primerle buğdayda oluşan bant profilleri.

ISSR15 primeri ile yapılan PCR sonucunda 28'i polimorfik olmak üzere toplam da 28 bant elde edilmiş ve polimorfizm oranı % 100 bulunmuştur.



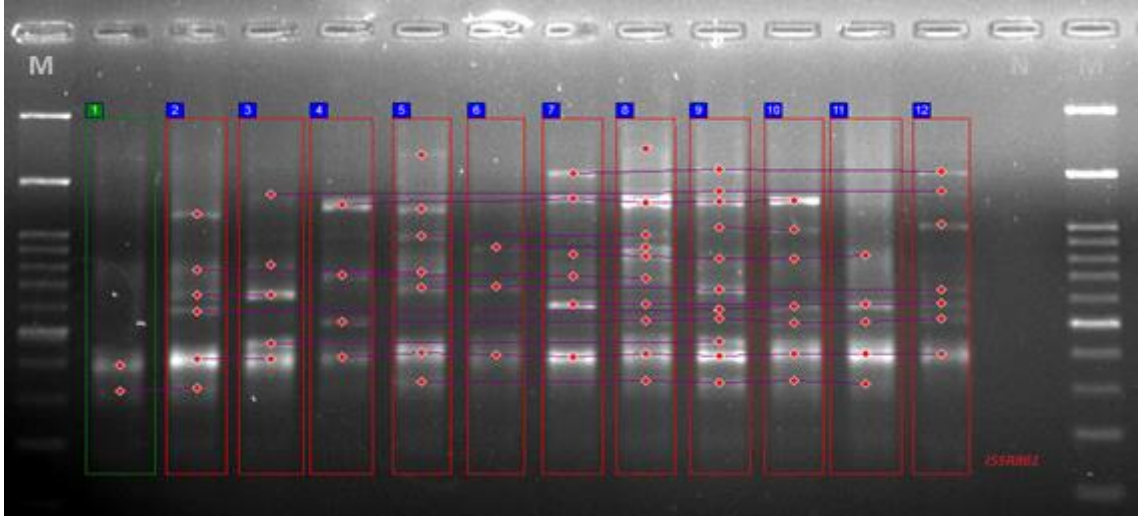
Şekil 5.11. ISSR-829 numaralı primerle buğdayda oluşan bant profilleri.

ISSR829 primeri ile yapılan PCR sonucunda 27'si polimorfik 1'i monomorfik olmak üzere toplam da 28 bant elde edilmiş ve polimorfizm oranı % 96.43 bulunmuştur.



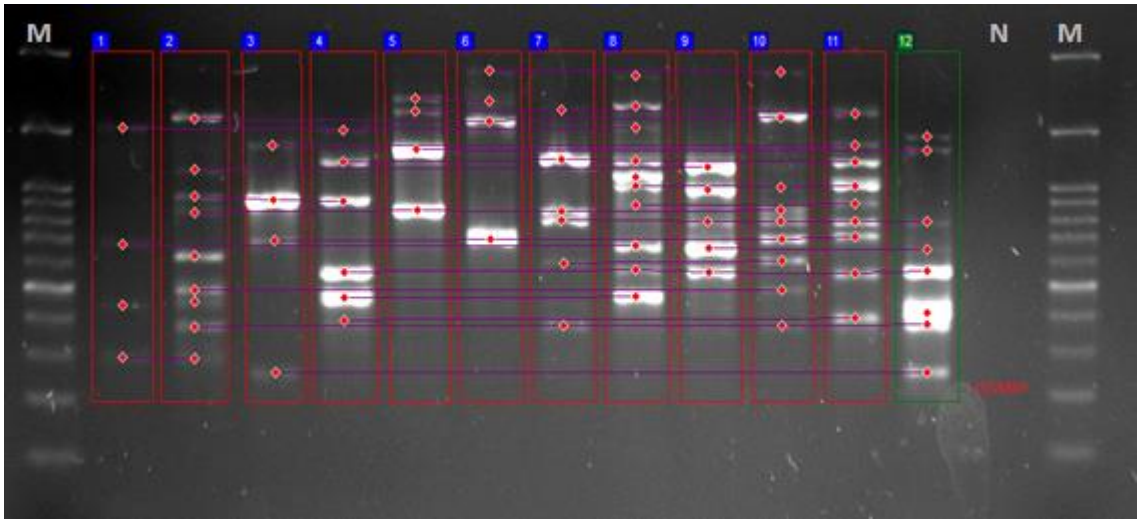
Şekil 5.12. ISSR-847 numaralı primerle buğdayda oluşan bant profilleri.

ISSR847 primeri ile yapılan PCR sonucunda 28'i polimorfik olmak üzere toplam da 28 bant elde edilmiş ve polimorfizm oranı % 100 bulunmuştur.



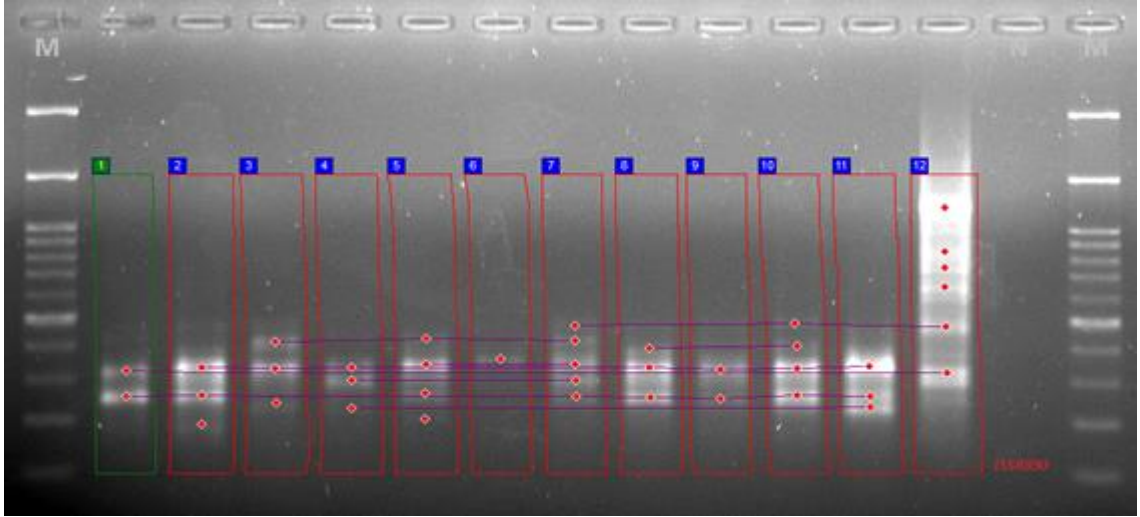
Şekil 5.13. ISSR-861 numaralı primerle buğdayda oluşan bant profilleri.

ISSR861 primeri ile yapılan PCR sonucunda 26'sı polimorfik olmak üzere toplam da 26 bant elde edilmiş ve polimorfizm oranı % 100 bulunmuştur.



Şekil 5.14. ISSR-866 numaralı primerle buğdayda oluşan bant profilleri.

ISSR866 primeri ile yapılan PCR sonucunda 34'ü polimorfik olmak üzere toplam da 34 bant elde edilmiş ve polimorfizm oranı % 100 bulunmuştur.



Şekil 5.15. ISSR-890 numaralı primerle buğdayda oluşan bant profilleri.

ISSR890 primeri ile yapılan PCR sonucunda 19'u polimorfik olmak üzere toplam da 19 bant elde edilmiş ve polimorfizm oranı % 100 bulunmuştur.

Çizelge 5.6. Kullanılan ISSR primerleri sunucunda ebeveynlerde elde edilen bantlaşma ve polimorfizm oranları.

Primer no	Primer dizilimi (5'-3')	T.B.S	P.B.S.	M.B.S	P.O. (%)
ISSR-01	AGA GAG AGA GAG AGA GG	27	24	3	88.89
ISSR-02	GAG AGA GAG AGA GAG AT	22	16	6	72.73
ISSR-04	ACA CAC ACA CAC ACA CC	27	27	0	100
ISSR-06	GAG AGA GAG AGA GAG AC	31	31	0	100
ISSR-08	GTG CGT GCG TGC GTG C	34	34	0	100
ISSR-10	GGG TGG GTT GGG GTG	41	41	0	100
ISSR-11	CTC TCT CTC TCT CTC RC	28	28	0	100
ISSR-13	GCW GAG AGA GAG AGA G	34	32	2	94.12
ISSR-14	AGA GAG AGA GAG AGA GYC	21	20	1	95.24
ISSR-15	GGA TGG ATG GAT GA	28	28	0	100
ISSR-829	TCT CTC TCT CTC TCT CG	28	27	1	96.43
ISSR-847	CAC ACA CAC ACA CAC ARC	28	28	0	100
ISSR-861	ACC ACC ACC ACC ACC ACC	26	26	0	100
ISSR-866	CTC CTC CTC CTC CTC CTC	34	34	0	100
ISSR-890	CCG CCG CCG CCG CCG CCG	19	19	0	100

T.B.S: Toplam Bant Sayısı, P.B.S.:Polimorfik Bant Sayısı, M.B.S.:Monomorfik Bant Sayısı, P.O. (%): Polimorfizm Oranı



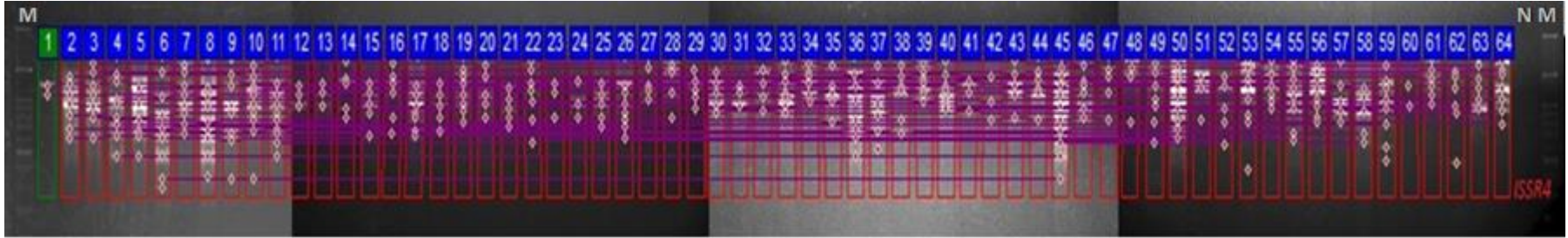
Şekil 5.16. ISSR-1 numaralı primerle allellerde oluşan bant profilleri.

ISSR1 primeri ile yapılan PCR sonucunda toplam da 24 polimorfik bant elde edilmiş ve polimorfizm oranı % 100 bulunmuştur.



Şekil 5.17. ISSR-2 numaralı primerle allellerde oluşan bant profilleri.

ISSR2 primeri ile yapılan PCR sonucunda 24'ü olmak üzere toplam da 24 bant elde edilmiş ve polimorfizm oranı % 100 bulunmuştur.



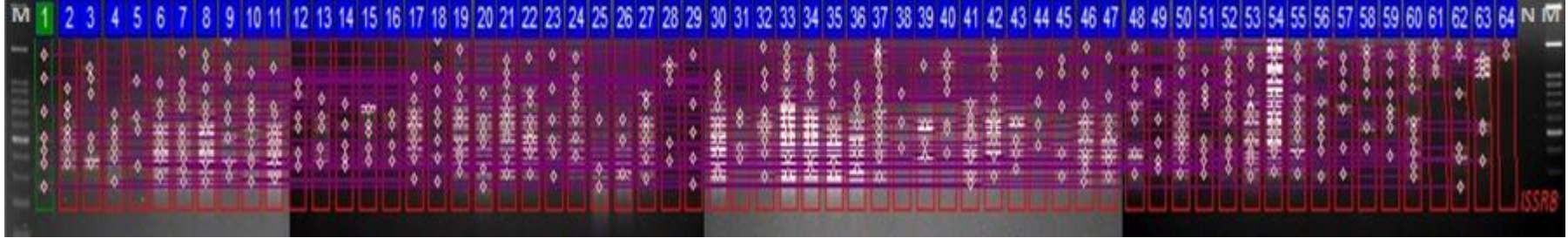
Şekil 5.18. ISSR-4 numaralı primerle allellerde oluşan bant profilleri.

ISSR4 primeri ile yapılan PCR sonucunda toplam da 34 polimorfik bant elde edilmiş ve polimorfizm oranı %100 bulunmuştur.



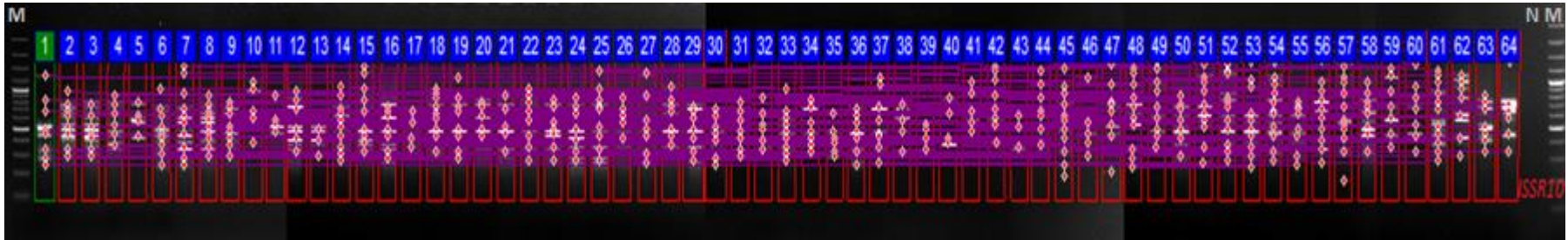
Şekil 5.19. ISSR-6 numaralı primerle allellerde oluşan bant profilleri.

ISSR6 primeri ile yapılan PCR sonucunda 25'i polimorfik olmak üzere toplam da 25 bant elde edilmiş ve polimorfizm oranı % 100 bulunmuştur.



Şekil 5.20. ISSR-8 numaralı primerle allellerde oluşan bant profilleri.

ISSR8 primeri ile yapılan PCR sonucunda 36'sı polimorfik olmak üzere toplam da 36 bant elde edilmiş ve polimorfizm oranı % 100 bulunmuştur.



Şekil 5.21. ISSR-10 numaralı primerle allellerde oluşan bant profilleri.

ISSR10 primeri ile yapılan PCR sonucunda 32'si polimorfik olmak üzere toplam da 32 bant elde edilmiş ve polimorfizm oranı % 100 bulunmuştur.



Şekil 5.22. ISSR-11 numaralı primerle allellerde oluşan bant profilleri.

ISSR11 primeri ile yapılan PCR sonucunda 44'ü polimorfik olmak üzere toplam da 44 bant elde edilmiş ve polimorfizm oranı % 100 bulunmuştur.



Şekil 5.23. ISSR-13 numaralı primerle allellerde oluşan bant profilleri.

ISSR13 primeri ile yapılan PCR sonucunda 30'u polimorfik 1'i monomorfik olmak üzere toplam da 31 bant elde edilmiş ve polimorfizm oranı % 96.77 bulunmuştur.



Şekil 5.24. ISSR-14 numaralı primerle allellerde oluşan bant profilleri.

ISSR14 primeri ile yapılan PCR sonucunda 28'i polimorfik 1'i monomorfik olmak üzere toplam da 29 bant elde edilmiş ve polimorfizm oranı % 95.55 bulunmuştur.



Şekil 5.25. ISSR-15 numaralı primerle allellerde oluşan bant profilleri.

ISSR15 primeri ile yapılan PCR sonucunda 33'ü polimorfik olmak üzere toplam da 33 bant elde edilmiş ve polimorfizm oranı % 100 bulunmuştur.



Şekil 5.26. ISSR-829 numaralı primerle allellerde oluşan bant profilleri.

ISSR829 primeri ile yapılan PCR sonucunda 27'si polimorfik olmak üzere toplam da 27 bant elde edilmiş ve polimorfizm oranı % 100 bulunmuştur.



Şekil 5.27. ISSR-847 numaralı primerle allellerde oluşan bant profilleri.

ISSR847 primeri ile yapılan PCR sonucunda 40'ı polimorfik olmak üzere toplam da 40 bant elde edilmiş ve polimorfizm oranı % 100 bulunmuştur.



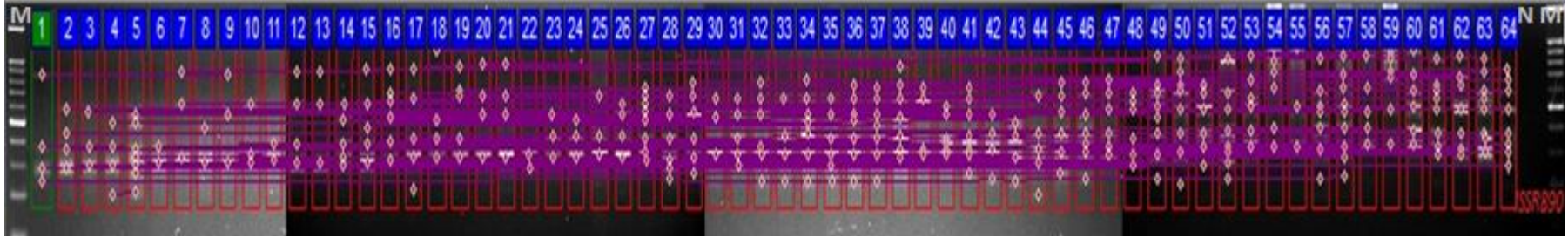
Şekil 5.28. ISSR-861 numaralı primerle allellerde oluşan bant profilleri.

ISSR861 primeri ile yapılan PCR sonucunda 44'ü polimorfik toplam da 44 bant elde edilmiş ve polimorfizm oranı % 100 bulunmuştur.



Şekil 5.29. ISSR-866 numaralı primerle allellerde oluşan bant profilleri.

ISSR866 primeri ile yapılan PCR sonucunda 29'u polimorfik olmak üzere toplam da 29 bant elde edilmiş ve polimorfizm oranı % 100 bulunmuştur.



Şekil 5.30. ISSR-890 numaralı primerle allellerde oluşan bant profilleri.

ISSR890 primeri ile yapılan PCR sonucunda 52'si polimorfik olmak üzere toplam da 52 bant elde edilmiş ve polimorfizm oranı % 100 bulunmuştur.

Çizelge 5.7. Kullanılan ISSR primerleri sunucunda allellerde elde edilen bantlaşma ve polimorfizm oranları.

Primer no	Primer dizilimi (5'-3')	T.B.S	P.B.S.	M.B.S	P.O. (%)
ISSR-01	AGA GAG AGA GAG AGA GG	24	24	0	100
ISSR-02	GAG AGA GAG AGA GAG AT	24	24	0	100
ISSR-04	ACA CAC ACA CAC ACA CC	34	34	0	100
ISSR-06	GAG AGA GAG AGA GAG AC	25	25	0	100
ISSR-08	GTG CGT GCG TGC GTG C	36	36	0	100
ISSR-10	GGG TGG GGT GGG GTG	32	32	0	100
ISSR-11	CTC TCT CTC TCT CTC RC	44	44	0	100
ISSR-13	GCW GAG AGA GAG AGA G	31	30	1	96.77
ISSR-14	AGA GAG AGA GAG AGA GYC	29	28	1	95.55
ISSR-15	GGA TGG ATG GAT GA	33	33	0	100
ISSR-829	TCT CTC TCT CTC TCT CG	27	27	0	100
ISSR-847	CAC ACA CAC ACA CAC ARC	40	40	0	100
ISSR-861	ACC ACC ACC ACC ACC ACC	44	44	0	100
ISSR-866	CTC CTC CTC CTC CTC CTC	29	29	0	100
ISSR-890	CCG CCG CCG CCG CCG CCG	52	52	0	100

T.B.S: Toplam Bant Sayısı, P.B.S.:Polimorfik Bant Sayısı, M.B.S.:Monomorfik Bant Sayısı, P.O. (%): Polimorfizm Oranı

Buğdayda sürmeye hastalığına karşı dayanıklılığın belirlenmesi amacıyla 20 ISSR primeri kullanarak PCR reaksiyonları kurulmuştur.

PCR sonuçları değerlendirildiğinde toplam ebeveynlerde 428 bant elde edilmiştir ve bu bantlardan 415 tanesi polimorfik 13 tanesi monomorfik yapı sergilemiştir (Çizelge 5.5). En yoğun bantlaşma ISSR10 primeri ile elde edilmiştir.

Allellerde ise toplam 504 bant elde edilmiştir ve bu bantlardan 502 tanesi polimorfik 2 tanesi monomorfik yapı sergilemiştir (Çizelge 5.6). En yoğun bantlaşma ISSR890 primeri ile elde edilmiştir

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
IKIZCE (1)	1	0.221	0.174	0.174	0.185	0.160	0.169	0.187	0.162	0.156	0.242	0.143
MUFITBEY (2)		1	0.227	0.203	0.193	0.259	0.235	0.223	0.242	0.202	0.199	0.159
YAYLA305 (3)			1	0.216	0.227	0.252	0.211	0.207	0.234	0.155	0.204	0.148
KIRAC66 (4)				1	0.197	0.233	0.202	0.263	0.247	0.222	0.238	0.220
SOYER02 (5)					1	0.244	0.265	0.244	0.281	0.210	0.271	0.230
SULTAN95 (6)						1	0.205	0.269	0.252	0.225	0.258	0.224
ALPU01 (7)							1	0.251	0.250	0.224	0.248	0.223
NACIBEY (8)								1	0.348	0.235	0.327	0.267
PI178383(9)									1	0.257	0.312	0.274
<u>M732154</u> (10)										1	0.247	0.192
ALTAY2000 (11)											1	0.257
KARAHAN99(12)												1

Şekil 5.32. Ebeveyn jaccard benzerlik analizi.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
IKIZCE (1)	0	0.779	0.826	0.826	0.815	0.840	0.831	0.813	0.838	0.844	0.758	0.857
MUFITBEY (2)		0	0.773	0.797	0.807	0.741	0.765	0.777	0.758	0.798	0.801	0.841
YAYLA305 (3)			0	0.784	0.773	0.748	0.789	0.793	0.766	0.845	0.796	0.852
KIRAC66 (4)				0	0.803	0.767	0.798	0.737	0.753	0.778	0.762	0.780
SOYER02 (5)					0	0.756	0.735	0.756	0.719	0.790	0.729	0.770
SULTAN95 (6)						0	0.795	0.731	0.748	0.775	0.742	0.776
ALPU01 (7)							0	0.749	0.750	0.776	0.752	0.777
NACIBEY (8)								0	0.652	0.765	0.673	0.733
PI178383 (9)									0	0.743	0.688	0.726
<u>M732154</u> (10)										0	0.753	0.808
ALTAY2000(11)											0	0.743
KARAHAN99(12)												0

Şekil 5.33. Ebeveyn jaccard mesafe analizi.

Yarım diallerler için yapılan jaccard analiz tablosunda veri bütünlüğünü korumak amacıyla bölgelere ayırarak tablo oluşturulmuştur. Buna göre Jaccard benzerlik ve mesafe analizlerinin verileri çizelge (Çizelge 5.7-Çizelge 5.18)'de verilmiştir.

1. BÖLGE	2. BÖLGE	3. BÖLGE	4. BÖLGE
		5. BÖLGE	6. BÖLGE

Şekil 5.34. Jaccard analiz tablosu bölgeleri.

Çizelge 5.8. Allel jaccard benzerlik analizi 1. bölge.

	A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	A10	A11	A12	A13	A14	A15	A16
A1	1	0.314	0.302	0.293	0.207	0.282	0.268	0.307	0.233	0.198	0.309	0.244	0.254	0.212	0.205	0.207
A2		1	0.471	0.342	0.289	0.346	0.376	0.407	0.389	0.344	0.323	0.270	0.308	0.286	0.290	0.243
A3			1	0.317	0.297	0.333	0.331	0.423	0.343	0.311	0.292	0.296	0.336	0.275	0.297	0.261
A4				1	0.260	0.417	0.325	0.371	0.350	0.242	0.381	0.189	0.213	0.246	0.262	0.204
A5					1	0.280	0.205	0.311	0.297	0.274	0.231	0.220	0.236	0.159	0.201	0.187
A6						1	0.321	0.363	0.373	0.255	0.341	0.221	0.253	0.241	0.281	0.245
A7							1	0.321	0.363	0.373	0.255	0.341	0.221	0.253	0.241	0.248
A8								1	0.423	0.372	0.371	0.336	0.329	0.273	0.327	0.329
A9									1	0.291	0.372	0.269	0.288	0.275	0.306	0.261
A10										1	0.298	0.246	0.284	0.216	0.267	0.265
A11											1	0.248	0.285	0.272	0.295	0.257
A12												1	0.525	0.324	0.474	0.336
A13													1	0.346	0.469	0.380
A14														1	0.393	0.357
A15															1	0.425
A16																1
A17																
A18																
A19																
A20																
A21																
A22																
A23																
A24																
A25																
A26																
A27																
A28																
A29																
A30																
A31																
A32																

Çizelge 5.9. Allel jaccard benzerlik analizi 2. bölge.

	A17	A18	A19	A20	A21	A22	A23	A24	A25	A26	A27	A28	A29	A30	A31	A32
A1	0.236	0.209	0.201	0.403	0.441	0.416	0.403	0.441	0.416	0.403	0.441	0.416	0.403	0.441	0.150	0.219
A2	0.278	0.243	0.234	0.261	0.236	0.243	0.248	0.265	0.241	0.307	0.203	0.175	0.205	0.266	0.237	0.219
A3	0.277	0.287	0.275	0.261	0.236	0.243	0.248	0.265	0.241	0.307	0.203	0.175	0.205	0.266	0.237	0.245
A4	0.250	0.259	0.215	0.269	0.234	0.214	0.256	0.221	0.213	0.278	0.199	0.169	0.210	0.220	0.235	0.243
A5	0.237	0.236	0.183	0.212	0.184	0.204	0.192	0.250	0.187	0.298	0.238	0.170	0.216	0.201	0.214	0.221
A6	0.253	0.245	0.228	0.237	0.263	0.229	0.250	0.242	0.252	0.306	0.272	0.241	0.267	0.301	0.240	0.255
A7	0.274	0.231	0.231	0.275	0.217	0.293	0.262	0.237	0.264	0.275	0.224	0.216	0.245	0.346	0.234	0.224
A8	0.369	0.336	0.321	0.345	0.293	0.318	0.289	0.287	0.299	0.336	0.245	0.231	0.289	0.314	0.263	0.277
A9	0.303	0.287	0.275	0.305	0.262	0.243	0.293	0.336	0.267	0.373	0.271	0.230	0.293	0.274	0.229	0.228
A10	0.319	0.273	0.262	0.264	0.266	0.255	0.234	0.243	0.236	0.264	0.231	0.233	0.208	0.218	0.232	0.222
A11	0.310	0.302	0.223	0.284	0.250	0.275	0.309	0.262	0.247	0.293	0.277	0.199	0.219	0.271	0.261	0.259
A12	0.430	0.324	0.318	0.343	0.324	0.288	0.331	0.364	0.380	0.315	0.247	0.232	0.250	0.275	0.248	0.255
A13	0.393	0.317	0.293	0.346	0.317	0.262	0.324	0.348	0.394	0.356	0.247	0.213	0.250	0.294	0.275	0.255
A14	0.321	0.324	0.291	0.333	0.314	0.295	0.383	0.355	0.321	0.324	0.316	0.339	0.331	0.282	0.272	0.226
A15	0.467	0.420	0.389	0.452	0.379	0.324	0.440	0.450	0.459	0.441	0.300	0.328	0.287	0.347	0.350	0.327
A16	0.403	0.441	0.416	0.403	0.397	0.365	0.356	0.440	0.377	0.405	0.386	0.273	0.331	0.314	0.250	0.275
A17	1	0.496	0.534	0.496	0.492	0.462	0.450	0.504	0.470	0.508	0.333	0.287	0.284	0.336	0.301	0.362
A18		1	0.432	0.457	0.391	0.372	0.480	0.489	0.390	0.446	0.299	0.308	0.350	0.310	0.312	0.336
A19			1	0.485	0.440	0.411	0.420	0.504	0.439	0.432	0.320	0.302	0.273	0.331	0.289	0.375
A20				1	0.477	0.424	0.516	0.477	0.465	0.480	0.365	0.298	0.285	0.357	0.341	0.308
A21					1	0.381	0.421	0.421	0.399	0.412	0.364	0.270	0.268	0.293	0.303	0.299
A22						1	0.412	0.364	0.360	0.353	0.365	0.269	0.276	0.367	0.266	0.355
A23							1	0.477	0.409	0.457	0.373	0.358	0.358	0.336	0.348	0.353
A24								1	0.452	0.455	0.386	0.321	0.352	0.340	0.333	0.311
A25									1	0.512	0.315	0.315	0.292	0.345	0.319	0.333
A26										1	0.375	0.308	0.402	0.357	0.361	0.345
A27											1	0.300	0.363	0.303	0.314	0.301
A28												1	0.295	0.237	0.235	0.234
A29													1	0.308	0.228	0.333
A30														1	0.298	0.360
A31															1	0.333
A32																1

Çizelge 5.10. Allel jaccard benzerlik analizi 3. bölge.

	A33	A34	A35	A36	A37	A38	A39	A40	A41	A42	A43	A44	A45	A46	A47	A48
A1	0.203	0.230	0.181	0.151	0.181	0.177	0.140	0.202	0.143	0.162	0.186	0.172	0.136	0.162	0.153	0.155
A2	0.242	0.255	0.206	0.240	0.222	0.146	0.155	0.176	0.140	0.166	0.218	0.167	0.185	0.142	0.182	0.152
A3	0.282	0.238	0.215	0.217	0.239	0.182	0.222	0.241	0.127	0.191	0.248	0.210	0.194	0.225	0.208	0.184
A4	0.216	0.236	0.179	0.255	0.211	0.165	0.167	0.171	0.197	0.219	0.174	0.252	0.196	0.185	0.212	0.177
A5	0.185	0.216	0.194	0.242	0.186	0.167	0.186	0.188	0.120	0.184	0.157	0.186	0.218	0.169	0.161	0.200
A6	0.275	0.232	0.289	0.266	0.225	0.194	0.197	0.150	0.206	0.209	0.185	0.255	0.242	0.195	0.228	0.194
A7	0.305	0.269	0.235	0.205	0.219	0.178	0.180	0.182	0.180	0.187	0.244	0.259	0.175	0.204	0.204	0.150
A8	0.295	0.287	0.270	0.272	0.255	0.246	0.199	0.233	0.207	0.241	0.221	0.253	0.272	0.227	0.252	0.202
A9	0.282	0.255	0.223	0.265	0.247	0.141	0.194	0.179	0.143	0.199	0.238	0.210	0.240	0.225	0.234	0.214
A10	0.245	0.241	0.164	0.172	0.217	0.211	0.185	0.197	0.159	0.243	0.202	0.239	0.187	0.193	0.201	0.216
A11	0.271	0.243	0.235	0.221	0.227	0.169	0.180	0.157	0.198	0.203	0.195	0.214	0.197	0.213	0.230	0.195
A12	0.252	0.257	0.241	0.226	0.217	0.186	0.170	0.234	0.197	0.178	0.194	0.188	0.196	0.203	0.228	0.179
A13	0.292	0.257	0.265	0.203	0.201	0.193	0.186	0.215	0.178	0.192	0.202	0.203	0.166	0.201	0.210	0.170
A14	0.298	0.262	0.245	0.214	0.237	0.206	0.200	0.193	0.164	0.221	0.206	0.252	0.191	0.214	0.223	0.253
A15	0.301	0.309	0.291	0.277	0.244	0.208	0.194	0.238	0.220	0.229	0.200	0.233	0.201	0.177	0.200	0.206
A16	0.276	0.257	0.240	0.234	0.186	0.268	0.214	0.171	0.214	0.184	0.211	0.246	0.234	0.201	0.193	0.208
A17	0.331	0.298	0.256	0.316	0.288	0.239	0.216	0.252	0.261	0.250	0.187	0.213	0.212	0.220	0.204	0.210
A18	0.308	0.273	0.248	0.309	0.256	0.248	0.215	0.261	0.242	0.250	0.240	0.229	0.266	0.187	0.211	0.224
A19	0.327	0.303	0.247	0.272	0.270	0.264	0.190	0.233	0.232	0.225	0.221	0.213	0.264	0.227	0.235	0.255
A20	0.325	0.291	0.281	0.309	0.273	0.258	0.225	0.243	0.206	0.242	0.221	0.212	0.211	0.219	0.271	0.265
A21	0.300	0.327	0.266	0.252	0.258	0.197	0.174	0.227	0.217	0.227	0.163	0.207	0.206	0.230	0.230	0.266
A22	0.308	0.257	0.307	0.275	0.273	0.221	0.274	0.225	0.224	0.242	0.250	0.238	0.234	0.245	0.245	0.265
A23	0.358	0.324	0.278	0.272	0.278	0.226	0.230	0.239	0.248	0.273	0.236	0.234	0.223	0.215	0.241	0.279
A24	0.344	0.311	0.301	0.278	0.261	0.236	0.196	0.239	0.204	0.272	0.228	0.211	0.239	0.178	0.217	0.230
A25	0.376	0.306	0.305	0.256	0.263	0.228	0.223	0.232	0.231	0.274	0.220	0.254	0.225	0.209	0.226	0.231
A26	0.388	0.299	0.298	0.345	0.273	0.239	0.206	0.225	0.206	0.294	0.221	0.246	0.258	0.203	0.245	0.282
A27	0.344	0.301	0.318	0.311	0.266	0.279	0.276	0.226	0.235	0.269	0.187	0.248	0.212	0.273	0.264	0.242
A28	0.240	0.272	0.219	0.188	0.195	0.184	0.239	0.208	0.150	0.210	0.214	0.233	0.188	0.194	0.240	0.236
A29	0.322	0.288	0.278	0.263	0.245	0.216	0.250	0.203	0.201	0.264	0.198	0.208	0.239	0.215	0.224	0.221
A30	0.451	0.340	0.356	0.349	0.338	0.235	0.240	0.257	0.248	0.255	0.246	0.261	0.247	0.259	0.259	0.245
A31	0.387	0.314	0.295	0.306	0.268	0.272	0.198	0.237	0.246	0.271	0.234	0.259	0.245	0.248	0.276	0.235
A32	0.362	0.329	0.309	0.285	0.309	0.250	0.256	0.263	0.294	0.314	0.252	0.304	0.311	0.273	0.301	0.293

Çizelge 5.11. Allel jaccard benzerlik analizi 4. bölge.

	A49	A50	A51	A52	A53	A54	A55	A56	A57	A58	A59	A60	A61	A62	A63	A64
A1	0.147	0.195	0.165	0.186	0.190	0.187	0.170	0.181	0.186	0.197	0.194	0.186	0.157	0.175	0.130	0.138
A2	0.151	0.241	0.169	0.202	0.208	0.242	0.250	0.175	0.188	0.266	0.196	0.180	0.204	0.195	0.199	0.183
A3	0.205	0.272	0.171	0.232	0.217	0.258	0.283	0.200	0.229	0.274	0.214	0.205	0.235	0.197	0.222	0.177
A4	0.145	0.178	0.147	0.156	0.164	0.163	0.168	0.186	0.200	0.162	0.182	0.151	0.163	0.172	0.165	0.195
A5	0.184	0.235	0.172	0.212	0.166	0.244	0.244	0.217	0.184	0.201	0.207	0.175	0.157	0.148	0.166	0.170
A6	0.171	0.235	0.190	0.172	0.219	0.229	0.236	0.203	0.193	0.218	0.169	0.155	0.193	0.191	0.195	0.212
A7	0.209	0.230	0.190	0.193	0.205	0.194	0.223	0.204	0.201	0.220	0.218	0.155	0.187	0.193	0.189	0.181
A8	0.187	0.331	0.206	0.261	0.264	0.257	0.312	0.226	0.269	0.288	0.232	0.216	0.250	0.193	0.238	0.245
A9	0.168	0.280	0.187	0.203	0.240	0.258	0.258	0.232	0.213	0.216	0.143	0.182	0.235	0.171	0.269	0.185
A10	0.215	0.268	0.221	0.242	0.219	0.191	0.253	0.226	0.191	0.243	0.234	0.190	0.163	0.180	0.209	0.186
A11	0.186	0.180	0.167	0.172	0.229	0.180	0.208	0.196	0.201	0.188	0.161	0.178	0.132	0.167	0.189	0.181
A12	0.136	0.265	0.117	0.213	0.161	0.259	0.268	0.226	0.178	0.234	0.169	0.200	0.186	0.167	0.202	0.157
A13	0.176	0.242	0.135	0.212	0.188	0.213	0.228	0.209	0.199	0.233	0.174	0.175	0.171	0.164	0.231	0.178
A14	0.179	0.247	0.200	0.238	0.255	0.217	0.265	0.247	0.235	0.213	0.237	0.195	0.181	0.212	0.236	0.190
A15	0.163	0.298	0.159	0.237	0.253	0.262	0.327	0.245	0.250	0.286	0.213	0.244	0.205	0.197	0.243	0.178
A16	0.214	0.281	0.188	0.234	0.218	0.213	0.302	0.242	0.272	0.276	0.190	0.183	0.178	0.199	0.224	0.194
A17	0.194	0.327	0.140	0.256	0.266	0.282	0.360	0.275	0.231	0.226	0.242	0.217	0.201	0.193	0.218	0.205
A18	0.280	0.296	0.197	0.271	0.283	0.259	0.354	0.250	0.263	0.258	0.241	0.232	0.214	0.191	0.202	0.172
A19	0.223	0.356	0.214	0.261	0.304	0.303	0.355	0.280	0.245	0.264	0.248	0.231	0.229	0.201	0.217	0.197
A20	0.247	0.329	0.182	0.271	0.266	0.283	0.363	0.258	0.239	0.301	0.241	0.208	0.244	0.244	0.278	0.221
A21	0.241	0.305	0.185	0.272	0.292	0.284	0.310	0.293	0.241	0.244	0.278	0.250	0.246	0.194	0.272	0.215
A22	0.223	0.280	0.182	0.234	0.300	0.267	0.372	0.267	0.193	0.242	0.268	0.232	0.179	0.209	0.239	0.172
A23	0.243	0.247	0.193	0.209	0.272	0.241	0.307	0.290	0.235	0.281	0.238	0.228	0.182	0.187	0.228	0.200
A24	0.236	0.299	0.212	0.232	0.255	0.319	0.364	0.296	0.236	0.313	0.230	0.229	0.227	0.224	0.229	0.187
A25	0.222	0.302	0.188	0.254	0.233	0.281	0.299	0.273	0.245	0.257	0.223	0.214	0.220	0.207	0.230	0.187
A26	0.247	0.329	0.182	0.271	0.266	0.291	0.301	0.275	0.255	0.250	0.216	0.224	0.229	0.209	0.217	0.229
A27	0.232	0.298	0.231	0.257	0.302	0.301	0.303	0.303	0.209	0.243	0.243	0.242	0.230	0.210	0.272	0.257
A28	0.225	0.223	0.206	0.229	0.229	0.208	0.257	0.255	0.234	0.229	0.182	0.217	0.185	0.190	0.203	0.152
A29	0.189	0.262	0.218	0.253	0.255	0.297	0.273	0.255	0.260	0.199	0.229	0.166	0.218	0.204	0.236	0.234
A30	0.252	0.285	0.179	0.217	0.296	0.272	0.349	0.239	0.228	0.255	0.238	0.253	0.248	0.214	0.259	0.226
A31	0.250	0.277	0.199	0.267	0.270	0.305	0.289	0.245	0.201	0.298	0.281	0.209	0.255	0.220	0.283	0.214
A32	0.217	0.340	0.215	0.312	0.311	0.344	0.356	0.322	0.308	0.312	0.261	0.259	0.261	0.201	0.218	0.239

Çizelge 5.12. Allel jaccard benzerlik analizi 5. bölge.

	A33	A34	A35	A36	A37	A38	A39	A40	A41	A42	A43	A44	A45	A46	A47	A48
A33	1	0.399	0.395	0.370	0.423	0.247	0.270	0.250	0.250	0.367	0.275	0.278	0.294	0.329	0.302	0.270
A34		1	0.345	0.366	0.327	0.234	0.278	0.333	0.219	0.288	0.235	0.259	0.245	0.240	0.293	0.244
A35			1	0.381	0.316	0.299	0.230	0.255	0.220	0.331	0.209	0.259	0.230	0.292	0.274	0.236
A36				1	0.390	0.281	0.250	0.266	0.213	0.297	0.219	0.235	0.295	0.217	0.276	0.222
A37					1	0.243	0.277	0.292	0.265	0.278	0.217	0.217	0.261	0.301	0.310	0.268
A38						1	0.271	0.278	0.279	0.264	0.266	0.348	0.281	0.300	0.268	0.252
A39							1	0.252	0.276	0.250	0.287	0.278	0.260	0.254	0.254	0.220
A40								1	0.295	0.258	0.216	0.234	0.231	0.223	0.242	0.203
A41									1	0.268	0.204	0.254	0.286	0.283	0.232	0.160
A42										1	0.246	0.261	0.239	0.232	0.296	0.270
A43											1	0.307	0.265	0.304	0.271	0.254
A44												1	0.324	0.285	0.295	0.314
A45													1	0.259	0.294	0.277
A46														1	0.312	0.266
A47															1	0.302
A48																1
A49																
A50																
A51																
A52																
A53																
A54																
A55																
A56																
A57																
A58																
A59																
A60																
A61																
A62																
A63																
A64																

Çizelge 5.13. Allel jaccard benzerlik analizi 6. bölge.

	A49	A50	A51	A52	A53	A54	A55	A56	A57	A58	A59	A60	A61	A62	A63	A64
A33	0.284	0.329	0.207	0.275	0.302	0.333	0.311	0.329	0.261	0.287	0.281	0.239	0.287	0.252	0.305	0.287
A34	0.234	0.331	0.242	0.289	0.329	0.255	0.287	0.287	0.234	0.270	0.307	0.286	0.255	0.204	0.273	0.259
A35	0.212	0.260	0.218	0.237	0.318	0.285	0.278	0.303	0.220	0.245	0.221	0.212	0.262	0.222	0.257	0.242
A36	0.228	0.307	0.181	0.282	0.263	0.311	0.329	0.271	0.268	0.239	0.214	0.237	0.249	0.215	0.222	0.287
A37	0.220	0.298	0.226	0.266	0.277	0.293	0.270	0.320	0.250	0.245	0.315	0.268	0.262	0.239	0.207	0.209
A38	0.250	0.297	0.221	0.260	0.272	0.255	0.255	0.217	0.223	0.282	0.254	0.188	0.213	0.207	0.200	0.260
A39	0.218	0.233	0.188	0.223	0.250	0.234	0.261	0.240	0.218	0.194	0.230	0.219	0.192	0.190	0.203	0.148
A40	0.227	0.265	0.190	0.247	0.294	0.294	0.295	0.295	0.210	0.248	0.278	0.285	0.242	0.231	0.220	0.225
A41	0.191	0.200	0.197	0.154	0.230	0.200	0.199	0.212	0.183	0.203	0.209	0.182	0.154	0.161	0.148	0.159
A42	0.219	0.270	0.243	0.284	0.239	0.264	0.281	0.317	0.260	0.247	0.238	0.280	0.256	0.222	0.199	0.252
A43	0.271	0.213	0.232	0.196	0.256	0.239	0.257	0.218	0.188	0.237	0.246	0.179	0.239	0.148	0.184	0.183
A44	0.231	0.318	0.213	0.227	0.296	0.245	0.262	0.226	0.215	0.252	0.225	0.215	0.229	0.208	0.224	0.221
A45	0.236	0.348	0.219	0.225	0.247	0.302	0.296	0.271	0.244	0.263	0.222	0.184	0.294	0.199	0.215	0.243
A46	0.247	0.290	0.237	0.272	0.276	0.268	0.227	0.200	0.190	0.192	0.259	0.214	0.220	0.170	0.215	0.184
A47	0.247	0.307	0.246	0.280	0.259	0.252	0.295	0.241	0.213	0.250	0.223	0.239	0.260	0.225	0.208	0.237
A48	0.247	0.307	0.246	0.280	0.259	0.252	0.295	0.241	0.213	0.250	0.223	0.239	0.260	0.225	0.208	0.237
A49	1	0.297	0.310	0.303	0.309	0.253	0.261	0.293	0.256	0.252	0.278	0.242	0.276	0.237	0.234	0.240
A50		1	0.316	0.412	0.307	0.430	0.483	0.293	0.305	0.404	0.295	0.316	0.404	0.267	0.366	0.276
A51			1	0.376	0.277	0.294	0.261	0.252	0.292	0.260	0.243	0.241	0.320	0.227	0.217	0.239
A52				1	0.305	0.343	0.329	0.307	0.303	0.291	0.245	0.267	0.343	0.240	0.271	0.282
A53					1	0.327	0.329	0.313	0.259	0.255	0.308	0.278	0.271	0.232	0.274	0.296
A54						1	0.483	0.373	0.342	0.392	0.289	0.312	0.366	0.219	0.298	0.287
A55							1	0.297	0.362	0.467	0.299	0.263	0.344	0.226	0.323	0.306
A56								1	0.302	0.306	0.255	0.253	0.304	0.223	0.222	0.270
A57									1	0.357	0.287	0.293	0.292	0.229	0.191	0.231
A58										1	0.291	0.262	0.355	0.223	0.283	0.279
A59											1	0.299	0.265	0.221	0.236	0.207
A60												1	0.263	0.203	0.227	0.215
A61													1	0.278	0.337	0.295
A62														1	0.255	0.276
A63															1	0.317
A64																1

Çizelge 5.14. Allel jaccard mesafe analizi 1. bölge.

	A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	A10	A11	A12	A13	A14	A15	A16
A1	0	0.686	0.698	0.707	0.793	0.718	0.732	0.693	0.767	0.802	0.691	0.756	0.746	0.788	0.795	0.793
A2		0	0.529	0.658	0.711	0.654	0.624	0.593	0.611	0.656	0.677	0.730	0.692	0.714	0.710	0.757
A3			0	0.683	0.703	0.667	0.669	0.577	0.657	0.689	0.708	0.704	0.664	0.725	0.703	0.739
A4				0	0.740	0.583	0.675	0.629	0.650	0.758	0.619	0.811	0.787	0.754	0.738	0.796
A5					0	0.720	0.795	0.689	0.703	0.726	0.769	0.780	0.764	0.841	0.799	0.813
A6						0	0.679	0.637	0.627	0.745	0.659	0.779	0.747	0.759	0.719	0.755
A7							0	0.667	0.717	0.692	0.692	0.760	0.769	0.737	0.757	0.752
A8								0	0.577	0.628	0.629	0.664	0.671	0.727	0.673	0.671
A9									0	0.709	0.628	0.731	0.712	0.725	0.694	0.739
A10										0	0.702	0.754	0.716	0.784	0.733	0.735
A11											0	0.752	0.715	0.728	0.705	0.743
A12												0	0.475	0.676	0.526	0.664
A13													0	0.654	0.531	0.620
A14														0	0.607	0.643
A15															0	0.575
A16																0
A17																
A18																
A19																
A20																
A21																
A22																
A23																
A24																
A25																
A26																
A27																
A28																
A29																
A30																
A31																
A32																

Çizelge 5.15. Allel jaccard mesafe analizi 2. bölge.

A1	0.764	0.791	0.799	0.791	0.789	0.800	0.750	0.776	0.784	0.765	0.816	0.764	0.837	0.813	0.803	0.850
A2	0.722	0.757	0.766	0.739	0.764	0.757	0.752	0.735	0.759	0.693	0.797	0.722	0.825	0.795	0.734	0.763
A3	0.723	0.713	0.725	0.713	0.763	0.731	0.725	0.727	0.724	0.704	0.764	0.723	0.752	0.777	0.699	0.708
A4	0.750	0.741	0.785	0.731	0.766	0.786	0.744	0.779	0.787	0.722	0.801	0.750	0.831	0.790	0.780	0.765
A5	0.763	0.764	0.817	0.788	0.816	0.796	0.808	0.750	0.813	0.702	0.762	0.830	0.784	0.799	0.786	0.779
A6	0.747	0.755	0.772	0.763	0.737	0.771	0.750	0.758	0.748	0.694	0.728	0.759	0.733	0.699	0.760	0.745
A7	0.726	0.769	0.769	0.725	0.783	0.707	0.738	0.763	0.736	0.725	0.776	0.784	0.755	0.654	0.766	0.776
A8	0.631	0.664	0.679	0.655	0.707	0.682	0.711	0.713	0.701	0.664	0.755	0.769	0.711	0.686	0.737	0.723
A9	0.697	0.713	0.725	0.695	0.738	0.757	0.707	0.664	0.733	0.627	0.729	0.770	0.707	0.726	0.771	0.772
A10	0.681	0.727	0.738	0.736	0.734	0.745	0.766	0.757	0.764	0.736	0.769	0.767	0.792	0.782	0.768	0.778
A11	0.690	0.698	0.777	0.716	0.750	0.725	0.691	0.738	0.753	0.707	0.723	0.801	0.781	0.729	0.739	0.741
A12	0.570	0.676	0.682	0.657	0.676	0.712	0.669	0.636	0.620	0.685	0.753	0.768	0.750	0.725	0.752	0.745
A13	0.607	0.683	0.707	0.654	0.683	0.738	0.676	0.652	0.606	0.644	0.753	0.787	0.750	0.706	0.725	0.745
A14	0.679	0.676	0.709	0.667	0.686	0.705	0.617	0.645	0.679	0.676	0.684	0.661	0.669	0.718	0.728	0.774
A15	0.533	0.580	0.611	0.548	0.621	0.676	0.560	0.550	0.541	0.559	0.700	0.672	0.713	0.653	0.650	0.673
A16	0.597	0.559	0.584	0.603	0.635	0.644	0.560	0.623	0.595	0.614	0.727	0.669	0.686	0.750	0.725	0.736
A17	0	0.504	0.466	0.504	0.508	0.538	0.550	0.496	0.530	0.492	0.667	0.713	0.716	0.664	0.699	0.638
A18		0	0.568	0.543	0.609	0.628	0.520	0.511	0.610	0.554	0.701	0.692	0.650	0.690	0.688	0.664
A19			0	0.515	0.560	0.589	0.580	0.496	0.561	0.568	0.680	0.698	0.727	0.669	0.711	0.625
A20				0	0.523	0.576	0.484	0.523	0.535	0.520	0.635	0.702	0.715	0.643	0.659	0.692
A21					0	0.619	0.579	0.579	0.601	0.588	0.636	0.730	0.732	0.707	0.697	0.701
A22						0	0.588	0.636	0.640	0.647	0.635	0.731	0.724	0.633	0.734	0.645
A23							0	0.523	0.591	0.543	0.627	0.642	0.642	0.664	0.652	0.647
A24								0	0.548	0.545	0.614	0.679	0.648	0.660	0.667	0.689
A25									0	0.488	0.685	0.685	0.708	0.655	0.681	0.667
A26										0	0.625	0.692	0.598	0.643	0.639	0.655
A27											0	0.700	0.637	0.697	0.686	0.699
A28												0	0.705	0.763	0.765	0.766
A29													0	0.692	0.772	0.667
A30														0	0.702	0.640
A31															0	0.667
A32																0

Çizelge 5.16. Allel jaccard mesafe analizi 3. bölge.

A1	0.781	0.797	0.770	0.819	0.849	0.819	0.823	0.860	0.798	0.857	0.838	0.814	0.828	0.864	0.838	0.847
A2	0.781	0.758	0.745	0.794	0.760	0.778	0.854	0.845	0.824	0.860	0.834	0.782	0.833	0.815	0.858	0.818
A3	0.755	0.718	0.762	0.785	0.783	0.761	0.818	0.778	0.759	0.873	0.809	0.752	0.790	0.806	0.775	0.792
A4	0.757	0.784	0.764	0.821	0.745	0.789	0.835	0.833	0.829	0.803	0.781	0.826	0.748	0.804	0.815	0.788
A5	0.815	0.784	0.806	0.758	0.814	0.833	0.814	0.812	0.880	0.816	0.843	0.814	0.782	0.831	0.839	0.800
A6	0.725	0.768	0.711	0.734	0.775	0.806	0.803	0.850	0.794	0.791	0.815	0.745	0.758	0.805	0.772	0.806
A7	0.695	0.731	0.765	0.795	0.781	0.822	0.820	0.818	0.820	0.813	0.756	0.741	0.825	0.796	0.796	0.850
A8	0.705	0.713	0.730	0.728	0.745	0.754	0.801	0.767	0.793	0.759	0.779	0.747	0.728	0.773	0.748	0.798
A9	0.718	0.745	0.777	0.735	0.753	0.859	0.806	0.821	0.857	0.801	0.762	0.790	0.760	0.775	0.766	0.786
A10	0.755	0.759	0.836	0.828	0.783	0.789	0.815	0.803	0.841	0.757	0.798	0.761	0.813	0.807	0.799	0.784
A11	0.729	0.757	0.765	0.779	0.773	0.831	0.820	0.843	0.802	0.797	0.805	0.786	0.803	0.787	0.770	0.805
A12	0.748	0.743	0.759	0.774	0.783	0.814	0.830	0.766	0.803	0.822	0.806	0.812	0.804	0.797	0.772	0.821
A13	0.708	0.743	0.735	0.797	0.799	0.807	0.814	0.785	0.822	0.808	0.798	0.797	0.834	0.799	0.790	0.830
A14	0.702	0.738	0.755	0.786	0.763	0.794	0.800	0.807	0.836	0.779	0.794	0.748	0.809	0.786	0.777	0.747
A15	0.699	0.691	0.709	0.723	0.756	0.792	0.806	0.762	0.780	0.771	0.800	0.767	0.799	0.823	0.800	0.794
A16	0.724	0.743	0.760	0.766	0.814	0.732	0.786	0.829	0.786	0.816	0.789	0.754	0.766	0.799	0.807	0.792
A17	0.669	0.702	0.744	0.684	0.712	0.761	0.784	0.748	0.739	0.750	0.813	0.787	0.788	0.780	0.796	0.790
A18	0.692	0.727	0.752	0.691	0.744	0.752	0.785	0.739	0.758	0.750	0.760	0.771	0.734	0.813	0.789	0.776
A19	0.673	0.697	0.753	0.728	0.730	0.736	0.810	0.767	0.768	0.775	0.779	0.787	0.736	0.773	0.765	0.745
A20	0.675	0.709	0.719	0.691	0.727	0.742	0.775	0.757	0.794	0.758	0.779	0.788	0.789	0.781	0.729	0.735
A21	0.700	0.673	0.734	0.748	0.742	0.803	0.826	0.773	0.783	0.773	0.837	0.793	0.794	0.770	0.770	0.734
A22	0.692	0.743	0.693	0.725	0.727	0.779	0.726	0.775	0.776	0.758	0.750	0.762	0.766	0.755	0.755	0.735
A23	0.642	0.676	0.722	0.728	0.722	0.774	0.770	0.761	0.752	0.727	0.764	0.766	0.777	0.785	0.759	0.721
A24	0.656	0.689	0.699	0.722	0.739	0.764	0.804	0.761	0.796	0.728	0.772	0.789	0.761	0.822	0.783	0.770
A25	0.624	0.694	0.695	0.744	0.737	0.772	0.777	0.768	0.769	0.726	0.780	0.746	0.775	0.791	0.774	0.769
A26	0.612	0.701	0.702	0.655	0.727	0.761	0.794	0.775	0.794	0.706	0.779	0.754	0.742	0.797	0.755	0.718
A27	0.656	0.699	0.682	0.689	0.734	0.721	0.724	0.774	0.765	0.731	0.813	0.752	0.787	0.727	0.736	0.758
A28	0.760	0.728	0.781	0.812	0.805	0.816	0.761	0.792	0.850	0.790	0.786	0.767	0.812	0.806	0.760	0.764
A29	0.678	0.712	0.722	0.737	0.755	0.784	0.750	0.797	0.799	0.736	0.802	0.792	0.761	0.785	0.776	0.779
A30	0.549	0.660	0.644	0.651	0.662	0.765	0.760	0.743	0.752	0.745	0.754	0.739	0.753	0.741	0.741	0.755
A31	0.613	0.686	0.705	0.694	0.732	0.728	0.802	0.763	0.754	0.729	0.766	0.741	0.755	0.752	0.724	0.765
A32	0.638	0.671	0.691	0.715	0.691	0.750	0.744	0.737	0.706	0.686	0.748	0.696	0.689	0.727	0.699	0.707

Çizelge 5.17. Allel jaccard mesafe analizi 4. bölge.

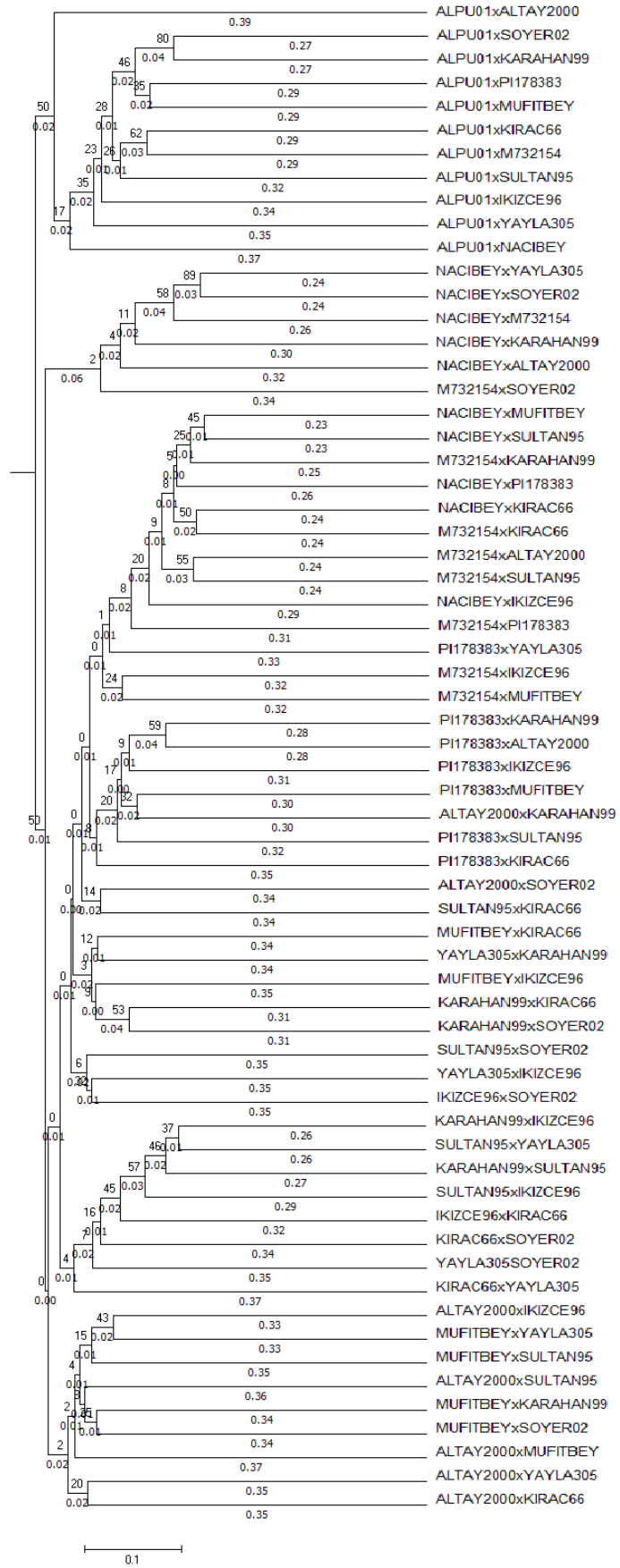
A1	0.845	0.853	0.805	0.835	0.814	0.810	0.813	0.830	0.819	0.814	0.803	0.806	0.814	0.843	0.870	0.862
A2	0.848	0.849	0.759	0.831	0.798	0.792	0.758	0.750	0.825	0.812	0.734	0.804	0.820	0.796	0.801	0.817
A3	0.816	0.795	0.728	0.829	0.768	0.783	0.742	0.717	0.800	0.771	0.726	0.786	0.795	0.765	0.778	0.823
A4	0.823	0.855	0.822	0.853	0.844	0.836	0.838	0.832	0.814	0.800	0.838	0.818	0.849	0.838	0.835	0.805
A5	0.816	0.765	0.828	0.788	0.834	0.756	0.756	0.783	0.816	0.799	0.793	0.825	0.843	0.852	0.834	0.830
A6	0.829	0.765	0.810	0.828	0.781	0.771	0.764	0.797	0.807	0.782	0.831	0.845	0.807	0.809	0.805	0.788
A7	0.791	0.770	0.810	0.807	0.795	0.806	0.777	0.796	0.799	0.780	0.782	0.845	0.813	0.807	0.811	0.819
A8	0.813	0.669	0.794	0.739	0.736	0.743	0.688	0.774	0.731	0.712	0.768	0.784	0.750	0.807	0.762	0.755
A9	0.832	0.720	0.813	0.797	0.760	0.742	0.742	0.768	0.787	0.784	0.857	0.818	0.765	0.829	0.731	0.815
A10	0.785	0.732	0.779	0.758	0.781	0.809	0.747	0.774	0.809	0.757	0.766	0.810	0.837	0.820	0.791	0.814
A11	0.814	0.820	0.833	0.828	0.771	0.820	0.792	0.804	0.799	0.812	0.839	0.822	0.868	0.833	0.811	0.819
A12	0.864	0.735	0.883	0.787	0.839	0.741	0.732	0.774	0.822	0.766	0.831	0.800	0.814	0.833	0.798	0.843
A13	0.824	0.758	0.865	0.788	0.812	0.787	0.772	0.791	0.801	0.767	0.826	0.825	0.829	0.836	0.769	0.822
A14	0.821	0.753	0.800	0.762	0.745	0.783	0.735	0.753	0.765	0.787	0.763	0.805	0.819	0.788	0.764	0.810
A15	0.837	0.702	0.841	0.763	0.747	0.738	0.673	0.755	0.750	0.714	0.787	0.756	0.795	0.803	0.757	0.822
A16	0.786	0.719	0.812	0.766	0.782	0.787	0.698	0.758	0.728	0.724	0.810	0.817	0.822	0.801	0.776	0.806
A17	0.806	0.673	0.860	0.744	0.734	0.718	0.640	0.725	0.769	0.774	0.758	0.783	0.799	0.807	0.782	0.795
A18	0.720	0.704	0.803	0.729	0.717	0.741	0.646	0.750	0.737	0.742	0.759	0.768	0.786	0.809	0.798	0.828
A19	0.777	0.644	0.786	0.739	0.696	0.697	0.645	0.720	0.755	0.736	0.752	0.769	0.771	0.799	0.783	0.803
A20	0.753	0.671	0.818	0.729	0.734	0.717	0.637	0.742	0.761	0.699	0.759	0.792	0.756	0.756	0.722	0.779
A21	0.759	0.695	0.815	0.728	0.708	0.716	0.690	0.707	0.759	0.756	0.722	0.750	0.754	0.806	0.728	0.785
A22	0.777	0.720	0.818	0.766	0.700	0.733	0.628	0.733	0.807	0.758	0.732	0.768	0.821	0.791	0.761	0.828
A23	0.757	0.753	0.807	0.791	0.728	0.759	0.693	0.710	0.765	0.719	0.762	0.772	0.818	0.813	0.772	0.800
A24	0.764	0.701	0.788	0.768	0.745	0.681	0.636	0.704	0.764	0.687	0.770	0.771	0.773	0.776	0.771	0.813
A25	0.778	0.698	0.812	0.746	0.767	0.719	0.701	0.727	0.755	0.743	0.777	0.786	0.780	0.793	0.770	0.813
A26	0.753	0.671	0.818	0.729	0.734	0.709	0.699	0.725	0.745	0.750	0.784	0.776	0.771	0.791	0.783	0.771
A27	0.768	0.702	0.769	0.743	0.698	0.699	0.697	0.697	0.791	0.757	0.757	0.758	0.770	0.790	0.728	0.743
A28	0.775	0.777	0.794	0.771	0.771	0.792	0.743	0.745	0.766	0.771	0.818	0.783	0.815	0.810	0.797	0.848
A29	0.811	0.738	0.782	0.747	0.745	0.703	0.727	0.745	0.740	0.801	0.771	0.834	0.782	0.796	0.764	0.766
A30	0.748	0.715	0.821	0.783	0.704	0.728	0.651	0.761	0.772	0.745	0.762	0.747	0.752	0.786	0.741	0.774
A31	0.750	0.723	0.801	0.733	0.730	0.695	0.711	0.755	0.799	0.702	0.719	0.791	0.745	0.780	0.717	0.786
A32	0.783	0.660	0.785	0.688	0.689	0.656	0.644	0.678	0.692	0.688	0.739	0.741	0.739	0.799	0.782	0.761

Çizelge 5.18. Allel jaccard mesafe analizi 5. bölge.

	A33	A34	A35	A36	A37	A38	A39	A40	A41	A42	A43	A44	A45	A46	A47	A48
A33	0	0.601	0.605	0.630	0.577	0.753	0.730	0.750	0.750	0.633	0.725	0.722	0.706	0.671	0.698	0.730
A34		0	0.655	0.634	0.673	0.766	0.722	0.667	0.781	0.712	0.765	0.741	0.755	0.760	0.707	0.756
A35			0	0.619	0.684	0.701	0.770	0.745	0.780	0.669	0.791	0.741	0.770	0.708	0.726	0.764
A36				0	0.610	0.719	0.750	0.734	0.787	0.703	0.781	0.765	0.705	0.783	0.724	0.778
A37					0	0.757	0.723	0.708	0.735	0.722	0.783	0.783	0.739	0.699	0.690	0.732
A38						0	0.729	0.722	0.721	0.736	0.734	0.652	0.719	0.700	0.732	0.748
A39							0	0.748	0.724	0.750	0.713	0.722	0.740	0.746	0.746	0.780
A40								0	0.705	0.742	0.784	0.766	0.769	0.777	0.758	0.797
A41									0	0.732	0.796	0.746	0.714	0.717	0.768	0.840
A42										0	0.754	0.739	0.761	0.768	0.704	0.730
A43											0	0.693	0.735	0.696	0.729	0.746
A44												0	0.676	0.715	0.705	0.686
A45													0	0.741	0.706	0.723
A46														0	0.688	0.734
A47															0	0.698
A48																0
A49																
A50																
A51																
A52																
A53																
A54																
A55																
A56																
A57																
A58																
A59																
A60																
A61																
A62																
A63																
A64																

Çizelge 5.19. Allel jaccard mesafe analizi 6. bölge.

A33	0.716	0.671	0.793	0.725	0.698	0.667	0.689	0.671	0.739	0.713	0.719	0.761	0.713	0.748	0.695	0.713
A34	0.766	0.669	0.758	0.711	0.671	0.745	0.713	0.713	0.766	0.730	0.693	0.714	0.745	0.796	0.727	0.741
A35	0.788	0.740	0.782	0.763	0.682	0.715	0.722	0.697	0.780	0.755	0.779	0.787	0.738	0.778	0.743	0.758
A36	0.772	0.693	0.819	0.718	0.738	0.689	0.671	0.729	0.732	0.761	0.786	0.763	0.751	0.785	0.778	0.713
A37	0.780	0.702	0.774	0.734	0.723	0.707	0.730	0.680	0.750	0.755	0.685	0.732	0.738	0.761	0.793	0.791
A38	0.750	0.703	0.779	0.740	0.728	0.745	0.745	0.783	0.777	0.718	0.746	0.812	0.787	0.793	0.800	0.740
A39	0.782	0.767	0.812	0.777	0.750	0.766	0.739	0.760	0.782	0.806	0.770	0.781	0.808	0.810	0.797	0.852
A40	0.773	0.735	0.810	0.753	0.706	0.706	0.705	0.705	0.790	0.752	0.722	0.715	0.758	0.769	0.780	0.775
A41	0.809	0.800	0.803	0.846	0.770	0.800	0.801	0.788	0.817	0.797	0.791	0.818	0.846	0.839	0.852	0.841
A42	0.781	0.730	0.757	0.716	0.761	0.736	0.719	0.683	0.740	0.753	0.762	0.720	0.744	0.778	0.801	0.748
A43	0.729	0.787	0.768	0.804	0.744	0.761	0.743	0.782	0.812	0.763	0.754	0.821	0.761	0.852	0.816	0.817
A44	0.769	0.682	0.787	0.773	0.704	0.755	0.738	0.774	0.785	0.748	0.775	0.785	0.771	0.792	0.776	0.779
A45	0.764	0.652	0.781	0.775	0.753	0.698	0.704	0.729	0.756	0.737	0.778	0.816	0.706	0.801	0.785	0.757
A46	0.753	0.710	0.763	0.728	0.724	0.732	0.773	0.800	0.810	0.808	0.741	0.786	0.780	0.830	0.785	0.816
A47	0.753	0.693	0.754	0.720	0.741	0.748	0.705	0.759	0.787	0.750	0.777	0.761	0.740	0.775	0.792	0.763
A48	0.709	0.709	0.733	0.662	0.689	0.698	0.738	0.713	0.766	0.771	0.780	0.757	0.722	0.761	0.801	0.784
A49	0	0.703	0.690	0.697	0.691	0.747	0.739	0.707	0.744	0.748	0.722	0.758	0.724	0.763	0.766	0.760
A50		0	0.684	0.588	0.693	0.570	0.517	0.707	0.695	0.596	0.705	0.684	0.596	0.733	0.634	0.724
A51			0	0.624	0.723	0.706	0.739	0.748	0.708	0.740	0.757	0.759	0.680	0.773	0.783	0.761
A52				0	0.695	0.657	0.671	0.693	0.697	0.709	0.755	0.733	0.657	0.760	0.729	0.718
A53					0	0.673	0.671	0.687	0.741	0.745	0.692	0.722	0.729	0.768	0.726	0.704
A54						0	0.517	0.627	0.658	0.608	0.711	0.688	0.634	0.781	0.702	0.713
A55							0	0.703	0.638	0.533	0.701	0.737	0.656	0.774	0.677	0.694
A56								0	0.698	0.694	0.745	0.747	0.696	0.777	0.778	0.730
A57									0	0.643	0.713	0.707	0.708	0.771	0.809	0.769
A58										0	0.709	0.738	0.645	0.777	0.717	0.721
A59											0	0.701	0.735	0.779	0.764	0.793
A60												0	0.738	0.797	0.773	0.785
A61													0	0.722	0.663	0.705
A62														0	0.745	0.724
A63															0	0.683
A64																0



Şekil 5.35. Allellerde ISSR primerleri kullanılarak oluşturulan dendrogram.

4. TARTIŞMA SONUÇ

Buğday tarımsal üretimin vazgeçilmez bir unsurudur. Geniş yayılış alanlarının olması ve yüksek adaptasyon gücü, buğdayın diğer bitkilere göre beslenmede daha önemli bir yere sahip olmasını sağlamıştır. Bu nedenle insanlık tarihinde tarımı en çok yapılan en önemli temel besin kaynağıdır (Yüksel vd., 2011).

Buğday üzerine yapılan çalışmalar ağırlıklı olarak verim ve kalitenin arttırılmasına yöneliktir. Bu amaçla ıslah çalışmaları yapılmakta ve üstün genotipler elde edilmeye çalışılmaktadır. Buğdayda verim kaybına neden olan etmenlerin başında hastalıklar bulunmaktadır. Sürme hastalığı da verim kaybına yol açan en önemli buğday hastalıklarındandır (Gassner ve Göydün, 1938; Bremer, 1948; Goates, 1996; Onoğur, 1996; Aktaş, 2001; Cota vd. 2007; Nagy ve Moldovan, 2007). Sürme ile mücadelede tohum ilaçlaması yapılmaktadır. Kimyasal yollarla mücadele edilebilmesine karşın bu mücadele yöntemi ciddi çevresel sorunları da beraberinde getirmektedir. Etkileri tam olarak araştırılmamış tonlarca ilaç her yıl toprağa karışmaktadır. Hastalıkla mücadeledeki daha güvenilir, çevreye daha duyarlı yöntemlerin geliştirilmesi gerekmektedir (Akan vd., 2005; Mut vd., 2005).

Bu nedenle hastalıklara dayanıklı türlerin geliştirilmesi en ekonomik ve en kalıcı yöntem olarak görülmektedir. Dünyada hastalığa dayanıklı genotipleri kabul edilebilir seviyede seçebilmek için hem doğal enfeksiyon hem de yapay epidemik koşulları altında tarla değerlendirmeleri yapılmaktadır. Klasik ıslah çalışmaları oldukça zahmetlidir ve çok uzun süreçler gerektirmektedir. Günümüzde bu çalışmaları kolaylaştıracak moleküler yöntemlerle desteklenmesi büyük bir avantaj sağlayacaktır (Güleç vd., 2010).

Çalışmamızın klasik genetik ve moleküler genetik olmak üzere 2 temel ayağı bulunmaktadır. Klasik yöntemlerle hastalık okumaları yapılmıştır. Yapılan hastalık okumaları sonucunda Alpu 01 %71.34 hastalık oranıyla en yüksek hassas reaksiyonu verirken, Karahan 99, Kırac 66, Müfitbey, Nacibey, P1178383 ve M732154 çeşitleri tam dayanıklılık göstermiştir (Çizelge 5.1, Çizelge 5.2, Çizelge 5.3). Hastalık okumalarında kullandığımız skalada çeşitlerin hastalık reaksiyonları: %41 ve üzeri hassas, %11-40 orta dayanıklı ve %0-10 dayanıklı kabul edilmek koşuluyla değerlendirilmiştir. Buna

göre, Yayla 305, Altay 2000, Soyer 02, İkizce ve Sultan 95 çeşitlerinde orta dayanıklılık gözlenmiştir (Rodenhiser ve Holton, 1945; Mirza vd., 1982).

Buğdayda sürme hastalığına dayanıklılığı araştırmak için yapılan çalışmalarda genellikle hastalık okumalarından yararlanılmıştır. Çalışmalarda bizim ebeveyn olarak kullandığımız bazı çeşitler değerlendirilmiştir. Buna göre Kıraç 66 (Aktaş ve Tunalı, 1994; Akan vd., 2005), Yayla 305 (Özkan vd., 1979; Aktaş ve Tunalı, 1994; Ataç ve Çetin, 1995), Karahan 99 (Akan vd., 2005) çeşitleri dayanıklı reaksiyon vererek çalışma sonuçlarımızla paralellik göstermişlerdir. Çalışma sonucundaki reaksiyonların aynı, % oranların farklılık göstermesi çevre koşullarının değişimi (çimlenme anında ortam sıcaklığı ve toprak nem düzeyi) ile açıklanabilir.

Hastalık okumaları sonucunda, hastalık reaksiyonlarına ilişkin veriler X^2 (Khi-kare) testi ile analiz edilmiş ve kalıtım biçimleri ayrı ayrı yorumlanmıştır.

Çizelge 5.20. Çeşitlerin sürme hastalığına dayanıklılığını kontrol eden gen sayıları.

Melez	Kalıtım Biçimi	X^2 oranı	P	Gen Sayısı
Alpu 01 x Altay 2000	15:1	0.369	0.70-0.50	2 Dominant Gen
Alpu 01 x Karahan 99	3:1	1.017	0.50-0.30	1 Dominant Gen
Alpu 01 x Kıraç 66	15:1	1.595	0.30-0.20	2 Dominant Gen
Alpu 01 x Nacibey	15:1	0.003	0.99-0.95	2 Dominant Gen
Alpu 01 x Müfitbey	57:7	1.174	0.30-0.20	2 Dominant Gen
Alpu 01 x Yayla 305	63:1	0.000	0.99-0.95	3 Dominant Gen
Alpu 01 x Sultan 95	15:1	0.764	0.50-0.30	2 Dominant Gen

P: Olasılık düzeyi, X^2 : Ki-kare

Alpu 01 x Altay 2000 melezine ait 104 F_2 bitkisinden 8 tanesi hassas reaksiyon göstermiştir. Yapılan X^2 analizi sonucunda ($X^2 = 0.369$) açılmanın 15 dayanıklı: 1 hassas oranında ve $P=0.70-0.50$ düzeyinde olduğu, dayanıklılıkta iki genin etkili olduğu ve çift dominant epistatik açılım etkisi ile meydana geldiği tespit edilmiştir.

Alpu 01 x Karahan 99 meleze ait F_2 kademesinde toplam 315 bitkide 71 hassas reaksiyon gözlenmiştir. Bu açılmada 3 dayanıklı: 1 hassas oranı, $X^2=1.017$ değeri ile $P=0.50-0.30$ düzeyinde bulunmuştur. Bu durum; Karahan 99 çeşidinde dayanıklılığı, 1 dominant genin kontrol etmekte olduğunu göstermektedir.

Alpu 01 x Kıraç 66 melezinde 242 dayanıklı, 11 hassas reaksiyon gösteren bitkilerin açılma oranı değerlendirildiğinde; $X^2=1.595$ değeri ile $P=0.30-0.20$ düzeyinde 15 dayanıklı: 1 hassas açılımına büyük bir uygunluk gösterdiği görülmektedir. Buna göre Kıraç 66 çeşidinde dayanıklılığın, çift dominant epistatik etki gösteren iki allel çifti tarafından belirlendiği anlaşılmaktadır.

Alpu 01 x Nacibey melezinde, 211 bitkiden 13'ü hassas reaksiyon sergilemiştir. $X^2= 0.003$ değeri ile 15 dayanıklı: 1 hassas açılmanın $P=0.99-0.95$ düzeyinde olduğu tespit edilmiştir. Bu 15: 1 oranı; bu Nacibey çeşidinde dayanıklılığın çift dominant epistasi ile iki dominant gen tarafından idare edildiğini göstermektedir.

Alpu 01 x Müfitbey melezinde F_2 kademesinde yetiştirilen toplam 228 melez bitkiden 30 adedi hassas reaksiyon göstermiştir. X^2 analizi ($X^2=1.174$), 57 dayanıklı: 7 hassas açılımı ortaya çıkmaktadır ($P=0.30-0.20$). Bu durum, melezde 2 dominant genin yer aldığını göstermekte ve hassas ebeveynde; tamamlayıcı gen etkisi gösteren üçüncü bir genin varlığını ortaya koymaktadır. Sonuç olarak Müfitbey çeşidinde; çift dominant epistatik etkiye sahip iki dominant genin varlığını kabul etmekle birlikte, konunun F_3 kademesinde aileler arası ve aile içi açılmalarla daha detaylı olarak incelenmesi gerekmektedir.

Alpu 01 x Yayla 305 melezinde 195 F_2 kademesindeki bitkiden 192'si dayanıklı 3'ü hassas reaksiyon göstermiştir. X^2 analizi değerlendirildiğinde ($X^2 =0.000$) 63 dayanıklı: 1 hassas açılımı; dayanıklılığın $P= 0.99$ düzeyinde 3 gen tarafından kontrol edildiği ortaya koymaktadır. Yayla 305 çeşidinin geldiği bölge ve kombinasyonlarında yer aldığı çeşitlerin performansları dikkate alındığında bunun beklenen bir sonuç olduğunu kabul etmek gerekmektedir.

Alpu 01 x Sultan 95 melezinden elde edilen 245 melez başaktan 221 tanesi sağlam, 12 tanesinin ise sürmeli tane taşıdığı görülmüştür. Khi kare analizi ($X^2 =0.764$); bu melezde dayanıklılığın, $P=0.50-0.30$ düzeyinde 15 dayanıklı: 1 hassas oranına büyük

bir uyumluluk göstermekte olup bu da; Sultan 95 çeşidinde de dayanıklılığın çift dominant epistatik etki ile yönetildiğini göstermektedir.

Çalışmamızda yer alan 4 dayanıklı çeşit; M732154, İkizce, PI178383 ve Soyer 02 çeşitlerinin hassas çeşit olarak kabul ettiğimiz Alpu 01 ile çiçeklenme dönemindeki uyumsuzluk nedeniyle melez yapmak mümkün olmamıştır. Bununla beraber, dayanıklı çeşitlerin kendi aralarında allelizm testi amacıyla planlanan yarım diallel melez programında yer almışlar ve büyük oranda başarıyla kullanılmışlardır.

Genler arası ilişkilerin incelendiği bu bölümde dayanıklı x dayanıklı çeşitlerin F_2 popülasyonlarını oluşturan dayanıklı ve hastalıklı bitkilerin oranları ve bunların Khi kare analiz sonuçları bu bölümde incelenecektir.

Nacibey x Yayla 305 melezde 198 bitkinin dayanıklı, 46 bitkinin hassas reaksiyon verdiği belirlenmiş ve bu sonuca göre istatistiksel olarak dayanıklılığın bir çift dominant genin kontrol ettiği düşünülebilir. Ancak daha önceki hassas x dayanıklı melezlerinde Nacibey çeşidinde 2, Yayla 305 çeşidinde 3 dayanıklı genin varlığı belirlenmiştir. Bu yüzden 3R:1S açılımı doğru görülse bile durumu açıklamaya yeterli değildir. 5 ayrı genin söz konusu olduğu bir genotipik ortamda gen interaksiyonlarının varlığını tartışmak yerinde olacaktır. Bu düşünce doğrultusunda da karşımıza Nacibey çeşidinin sahip olduğu iki geninde Yayla 305 genleri ile çift resesif epistatik ilişki içinde 45R:19S oranını vermeleri normal karşılanmalıdır. Yapılan Khi kare analizi $X^2=3.952$ değeri ile $P=0.05-0.01$ düzeyinde zayıf bir uyumluluk göstermektedir. Başka bir interaksiyon ise pek olası görünmemektedir. Zayıf ihtimal de olsa bu hipotezi kabul etmek gerekmektedir. Bununla beraber bu kombinasyonunda F_3 kademesinde tekrar değerlendirilerek aileler arası ve aile içi açılmaların görülmesi faydalı olacaktır.

Nacibey x Soyer 02 melezinde F_2 bitkilerinde yapılan hastalık okumalarında 269 bitkiden 57 tanesi hassas olarak tespit edilmiştir. X^2 analizi ($X^2=2.083$) bize 48 dayanıklı: 16 hassas açılımını vermektedir ($P=0.20-0.05$). Burada her iki çeşidin de taşıdığı genlerden birisi tamamlayıcı gen etkisi diğeri ise dominant gen etkisi göstererek açılımı desteklemektedir.

Nacibey x Altay 2000 melezinde 246 dayanıklı bitki elde edilmiştir. Açılma gözlenmediği için dayanıklılık genlerinin aynı olduğu anlaşılmaktadır.

Nacibey x M732154 melezinde 136 dayanıklı bitki elde edilmiştir. Açılma olmaması M732154 çeşidinde bulunan dayanıklılık genlerinin ikisinin Nacibey çeşidinde bulunan iki gen ile aynı lokusta bulunduğunu göstermektedir.

Nacibey x Karahan 99 melezinde, F₂ kademesinde; 145 dayanıklı bitki sayılmış ve bir açılımın olmadığı görülmüştür. Böylece Karahan 99 çeşidinde bulunan bir dominant genin, Nacibey çeşidinin sahip olduğu iki genden birisi ile aynı lokusta bulunduğu anlaşılmaktadır.

Nacibey x Müfitbey, 142 dayanıklı bitkiden açılma olmadığı tespit edilmiştir. Bu iki çeşidin aynı dayanıklılık genlerine sahip olduğu anlaşılmaktadır.

M732154 x PI178383 melezinde toplam 166 dayanıklı bitki meydana gelmiş ve kombinasyonda açılım görülmemiştir. Burada açılmanın meydana gelmemesi genlerin aynı lokusta olduğu anlamına gelmemektedir. Çünkü, literatüre geçmiş olan bu iki çeşitte 3'er tane dayanıklılık geni tanımlanmıştır ve bunlardan biri aynı gendir. Buna göre 5 farklı genin bulunduğu bir kombinasyonda, 5 genin de homozigot resesif genlerinin birlikte meydana gelme olasılığı 1/243'tür. Bizim popülasyonumuzda bulunan 166 bitki bu genler arasındaki interaksiyonu belirlemek için yeterli büyüklükte değildir. Bunun takibi F₃ kademesinde yapılmalıdır.

M732154 x Karahan 99 melezi 112 dayanıklı bitki oluşturmuştur. Karahan 99 çeşidi M732154 çeşidinin genlerinden birisini taşımaktadır.

M732154 x Altay 2000 melezi 157 dayanıklı bitki oluşturarak tam dayanıklılık göstermiştir. Açılmanın olmaması her iki çeşidin aynı genleri taşıdığını göstermektedir.

M732154 x Sultan 95'da 190 bitkinin dayanıklılık göstermesi açılım olmadığını göstermektedir. Sultanda bulunan 2 dominant genin M732154'te bulunan dayanıklılık genleri ile aynı lokusta bulunduğunu ortaya koymaktadır.

M732154 x Soyer 02, 180 dayanıklı bitki meydana gelmiştir. Fakat 5 genin söz konusu olduğu bir kombinasyonda bu açılım söz konusu değildir. Melezde hassas karakterin oluşabilme ihtimali 1/243'tür. 180 bitkiden oluşan popülasyon 5 gen açılımın ortaya koyacak yeterli büyüklüğe sahip değildir. Bu kombinasyonun F₃ kademesinde test edilmesi daha doğru sonuçlar elde edilmesinde faydalı olacaktır.

PI178383 x Karahan 99, yapılan hastalık okumalarında 158 dayanıklı 9 hassas bitki gözlenmiştir. X^2 analizi 60:4 açılımında 0.212 değeri ve $P=0.70-0.50$ olasılık düzeyinde kabul görmektedir. Buna göre Karahan 99 çeşidindeki bir gen, PI178383 çeşidindeki genlerin allelleri arasında çift dominant epistatik interaksiyon göstermektedir.

PI178383 ve Kırac 66 melezinde 149 dayanıklı, 12 hassas bitki belirlenmiş, analiz sonucunda ($X^2=0.399$) $P=0.70-0.50$ düzeyinde uygunluk belirlenmiştir ve değerler 60:4 açılım oranını desteklemektedir.

PI178383 x Altay 2000 melezinde toplam 184 bitki dayanıklı reaksiyon göstermiştir. Altay 2000 çeşidinin M732154 çeşidi ile açılma göstermemesi ve PI178383 ve M732154 çeşitlerinin birbirinden farklı dayanıklılık genleri içermesinden dolayı bu kombinasyonda açılma beklenmektedir fakat söz konusu olan interaksiyona 5 gen dahil olduğu için, popülasyon büyüklüğü açılmanın gözlenmesinde yeterli değildir. Daha büyük bir popülasyonda 249:7 veya 255:1 açılımı beklenen kalıtım biçimlerini temsil etmektedir. Buna göre genlerden bir tanesi ikisi arasında tamamlayıcı gen etkisi gösterecektir.

PI178383 x Sultan 95 kombinasyonunda, 117 dayanıklı 22 hassas bitki X^2 analizi ile değerlendirildiğinde ($X^2=3.416$) sonuçlar 57 dayanıklı: 7 hassas açılımını desteklemektedir ($P=0.20-0.05$). Burada yine trigenik bir açılım söz konusu olup PI178383'ün ilave bir gene sahip olduğunu göstermektedir.

PI178383 x İkizce, 132 dayanıklı: 46 hassas bitki oluşturmuştur. Bu değerler 45 dayanıklı: 19 hassas oranıyla $P=0.30-0.20$ düzeyinde uygunluk göstermiştir ($X^2=1.259$). Yine PI178383'ün üçüncü bir gene sahip olduğunu kanıtlayan bir interaksiyon söz konusudur. Aynı anda bir genin diğer iki gene çift resesif epistatik etki gösterdiği bir trigenik açılma örneğidir.

Altay 2000 x Karahan 99 melezi, 251 dayanıklı bitki ile açılma göstermemiştir. Bu durum Karahan 99 çeşidinde dayanıklılığı kontrol eden gen Altay2000 çeşidinin sahip olduğu genlerden birisi ile aynı lokusta bulunmaktadır.

Altay 2000 x İkiizce melezi hastalık okumalarında 270 bitkiden 253 dayanıklı, 17 hassas bitki tespit edilmiş ve X^2 analizi yapıldığında 15 dayanıklı:1 hassas açılımı tespit edilmiştir. Burada da iki dominant genin etkili olduğu anlaşılacakla beraber diğer bir ihtimal olarak bu kombinasyonda, çift dominant epistatik etkileşime müsait bir açılımında incelenmesini gerekli kılmıştır. Bu yolla bu kombinasyonda 60R:4S açılımı için yapılan Khi kare analizinde $X^2 = 0,0009$ değeri bulunmuş ve bunun $P=0.95$ düzeyinde yüksek oranda uyumluluk tespit edilmiştir. Bu durum bize her iki çeşitte bulunan iki gen çiftinin çift dominant epistasi (çift gen etkisi) gösterdikleri anlaşılacaktır. “Genlerin Penetrans ve ekspresiviteyi, buldukları genotipik ortama göre şekillenir” tezine çok büyük bir uygunluk göstermektedir.

Altay 2000 x Müfitbey melezi 217 bitkinin tamamı hastaliksız olup açılma meydana gelmemiştir. Dolayısıyla bu iki çeşitteki genlerin aynı lokuslarda yer aldığını söyleyebiliriz.

Altay 2000 x Yayla 305 melezinin hastalık okumalarında 141 dayanıklı bitki elde edilmiştir. Açılma olmaması, Yayla 305’te 3 genin olduğunu ve Altay 2000 de görülen 2 dominant genin Yayla 305’te bulunan 3 genden ikisi ile aynı lokuslarda yer almakta olduğunu söylemek yerinde olacaktır.

Altay 2000 x Kırış 66 melezi 147 dayanıklı bitki oluşturmuştur. Açılım gözlenmemiştir. Bu da bir önceki hipotezi doğrular niteliktedir. Kırış 66; Yayla 305 x Floransa melezinden gelmekte olup taşıdığı 2 gen Yayla 305’ten gelmektedir. Açılmanın olmaması Kırış 66 genleri ile Altay 2000’nin genlerinin allelik olduğunu göstermektedir.

Altay 2000 x Soyer 02 melezine ait 226 dayanıklı bitki tespit edilmiştir. Bu melezde de açılım meydana gelmemiştir. Bu yüzden burada da karşımıza yine allelik olan iki gen grubu çıkmaktadır.

Altay 2000 x Sultan 95 kombinasyonunun hastalık okumalarında 156 bitkinin 137’sinin dayanıklı reaksiyon gösterdiği belirlenmiştir. Yapılan değerlendirmelerle $P=0.70-0.50$ olasılık düzeyinde 57 dayanıklı: 7 hassas açılım oranı bulunmuştur ($X^2=0.237$). Bu melezde her iki çeşitte de bulunan 2 çift dominant gen, dayanıklılığı

kontrol ederken; bunların etkisini modifiye eden bir gen çeşitlerinden birinde devreye girmekte ve 57R: 7S oranının ortaya çıkmasına sebep olmaktadır.

Müfitbey x Yayla 305 melezi 178 dayanıklı bitki tespit edilmiştir. Bu kombinasyonda açılma olmadığı için Müfitbey'de bulunan iki dominant genin Yayla 305 genlerinden ikisi ile allel olduğunu söylemek mümkündür.

Müfitbey x Sultan 95 melezinin yapılan hastalık okumaları sonucunda 282 dayanıklı ve 13 hassas bitki oluşturduğu belirlenmiştir. Bu değerler X^2 analizinde 15 dayanıklı: 1 hassas açılımını $P=0.20-0.05$ düzeyinde desteklemektedir ($X^2=1.712$). Bu melezde de yine gen interaksiyonu olabileceği düşüncesiyle yapılan 60R: 4S açılım oranına uygunluk testinde Khi kare değeri 1.712 değeri yine aynı ihtimal düzeyinde uygunluk göstermektedir. Bu melezle ilgili olarak her iki çeşitte de aynı genler dayanıklılığı kontrol etmekte olup melezleme sonucu oluşan genotipik ortamda bu iki allel çifti dominant epistatik etki göstermektedir.

Müfitbey x Karahan 99 kombinasyonda 393 bitkinin dayanıklılık gösterdiği bulunmuştur. Açılmanın olmaması genlerin aynı lokusta olmasıyla açıklanmaktadır.

Müfitbey x Soyer 02 kombinasyonunda 164 bitkinin değerlendirildiği grupta hassas reaksiyon gözlenmemiştir. Buna göre açılma yoktur. Bunun anlamı da her iki çeşitte bulunan genler aynı lokuslarda yer almaktadırlar.

Müfitbey x Kıraç 66 melezin de F_2 kademesinde 264 dayanıklı bitki elde edilmiştir. Açılmanın olmaması bu iki çeşitte bulunan ve dayanıklılığı kontrol eden genlerin aynı genler olduğunu göstermektedir.

Müfitbey x İkizce melezinde toplam 316 bitkiden 296'sının dayanıklılık gösterdiği allelin yapılan analiz sonuçları ($X^2=0.003$) değerlendirildiğinde açılımın 15 dayanıklı: 1 hassas oranını ($P=0.99-0.95$) düzeyinde desteklediği görülmekle birlikte, bu melezde de 60R: 4S oranı, yine $P=0.99-0.95$ düzeyinde ve $X^2=0.00337$ değeri ile çok büyük uyum göstermiştir.

Karahan 99 x İkizce allelinin tarla okumaları değerlendirildiğinde, 250 bitkiden 245 tanesinin dayanıklılık gösterdiği tespit edilmiştir. Buna göre $P=0.70-0.50$ düzeyinde açılım 63 dayanıklı: 1 hassas oranıyla ortaya çıkmaktadır ($X^2=0.315$). Bu

açılma oranı, Karahan 99 çeşidinin taşıdığı genin; İkizce çeşidinde dayanıklılığı idare eden iki genden farklı bir gen olduğunu göstermektedir.

Karahan 99 x Kıraç 66 melezinde 162 dayanıklı bitki saptanmış ve açılım gözlenmemiştir. Bu durum, Karahan 99'da ki dayanıklılık geninin Kıraç 66'da dayanıklılığı kontrol eden genlerden birisi ile alleldir.

Karahan 99 x Soyer 02, 219 bitkiden 213 bitkinin dayanıklılık gösterdiği melezin hastalık okumalarına dayanan X^2 analizi yapıldığında $P=0.20-0.05$ düzeyinde 63 dayanıklı: 1 hassas açılımı görülmüştür ($X^2=1.977$). Bu durum yine Karahan 99 çeşidinde yer alan genin, Soyer 02 de bulunan genlerden farklı bir gen olduğunu göstermektedir.

Yayla 305 x Karahan 99 melezinde 86 bitkinin dayanıklılık gösterdiği görülmektedir. Bu melezde yer alan Karahan 99 çeşidine ait dayanıklılığı sağlayan gen, Yayla 305 çeşidinde ki 3 genden birisi ile allelik durumdadır.

Karahan 99 x Sultan 95 kombinasyonunda 188 dayanıklı bitki ile tam dayanıklılık meydana gelmiştir. Açılma yoktur. Yine Karahan 99'un taşıdığı gen; Sultan 95' in sahip olduğu genlerden birisi ile aynı lokusta yer almaktadır.

Sultan 95 x Yayla 305 melezinde açılma gözlenmemiştir. 210 dayanıklı bitki oluşmuştur. Açılmanın olmaması, Sultan 95'in sahip olduğu iki dominant gen çiftinin, Yayla 305'te bulunan 3 dominant gen çiftinden ikisi ile aynı lokuslarda bulunmasından kaynaklanmaktadır.

Sultan 95 x Kıraç 66 melezi 158 dayanıklı bitki oluşturmuş, açılım gözlenmemiştir. Kıraç 66 dayanıklılık genlerini Yayla 305'ten almaktadır ve Sultan 95'in taşıdığı iki gen çifti Yayla 305'in iki geni ile alleliktir. Bu kombinasyonda da bu iki çeşide ait genlerinde allelik olduğu görülmektedir.

Sultan 95 x Soyer 02 kombinasyonunda 125 dayanıklı bitki oluşmuştur. Açılma gözlenmemiştir. Bu durumda bu iki çeşidin genlerinin de allelik olduğunu söyleyebiliriz.

Sultan 95 x İkizce melezinde açılma meydana gelmemiştir. 183 dayanıklı bitki tespit edilmiştir. Dayanıklılığı sağlayan genler; her iki çeşitte de aynı genlerdir.

Yayla 305 x İkizce melezi, 227 dayanıklı bitki oluşturarak tam dayanıklılık göstermiştir. Açılma meydana gelmemiştir. Burada İkizce çeşidinin iki dayanıklılık genin Yayla 305'in 3 geninden ikisiyle aynı lokuslarda yer almaktadırlar.

İkizce x Soyer 02 melezi 160 dayanıklı bitki oluşturarak açılma göstermemiştir. Yine benzer bir durum olup her iki çeşitte de dayanıklılığı aynı genler sağlamaktadır.

İkizce x Kıraç 66 melezindeki hastalık okumalarında 144 bitkinin dayanıklılık gösterdiği tespit edilmiştir. Buna göre açılma yoktur ve çeşitlerin taşıdığı dayanıklılık genleri aynı lokustadır denilebilir.

Kıraç 66 x Yayla 305 melezinde sadece 78 adet dayanıklı bitki meydana gelmiş, açılma görülmemiştir. Daha öncede belirtildiği üzere Kıraç 66; Yayla305 - Floransa melezinden elde edilmiş ve taşıdığı iki gen Yayla 305'ten gelmektedir.

Kıraç 66 x Soyer melezinde 160 bitkinin dayanıklı reaksiyon gösterdiği kombinasyonda açılma gözlenmemiştir. Genlerin allelik olduğu söylenebilir.

Yayla 305 x Soyer 02 melezi 210 dayanıklı bitki oluşturmuştur. Açılma görülmemiştir. Bu kombinasyonda da açılmanın olmamasının nedeni Soyer 02'de bulunan iki çift dominant genin, Yayla 305'te bulunan genlerden ikisi ile aynı lokusları paylaşmasıdır.

Kalıtım biçimleri değerlendirildiğinde genel olarak 7 farklı açılım görülmüştür. Bunlar 3:1, 15:1, 45:19, 48:16, 57:7, 60:4 ve 63:1 açılımlarıdır.

Hastalık oranları değerlendirildiğinde, pek çok mezlede açılma olmamıştır. Melezlerin pedigrileri incelendiğinde bu durum çok olağandır. Çünkü çeşitlerin birçok ortak ataya sahip oldukları görülmüştür. Bu durumda çeşitlerin aynı dayanıklılık genlerine sahip olduğu düşünülmektedir.

10 (Alpu 01 x Yayla 305), 50 (Karahana 99 x İkizce), 52 (Karahana 99 x Soyer 02) melezlerinin F₂ kademesindeki hastalık okumaları sonucunda yapılan X² analizi ile

melezlerdeki dayanıklılığın 63 dayanıklı: 1 hassas açılımı ile meydana geldiği tespit edilmiştir. Bu durum dayanıklılığın 3 gen tarafından kontrol edildiğini göstermektedir.

1 (Alpu 01 x Altay 2000), 4 (Alpu 01 x Kırac 66), 5 (Alpu 01 x Nacibey), 11(Alpu 01 x Sultan 95) melezlerine ait X^2 analizi sonuçları değerlendirildiğinde 15 dayanıklı: 1 hassas açılımı görülmüştür. Bu açılım melezlerdeki dayanıklılığın çift gen etkisi ile meydana geldiğini ortaya koymaktadır.

Nacibey x Soyer 02 melezi 48 dayanıklı: 16 hassas açılımı göstermiştir.

Alpu 01 x Müfitbey, PI178383 x Sultan 95 ve Altay 2000 x Sultan 95 melezleri 57 dayanıklı: 7 hassas açılımını göstermişlerdir.

Farklı bir açılıma sahip olan PI178383 x İkizce melezi ve Nacibey x Yayla 305 melezinin kalıtımı değerlendirildiğinde 45 dayanıklı: 19 hassas açılımına uygun sonuçlar vermiştir.

PI178383 x Kırac 66, PI178383 x Karahan 99, Altay 2000 x İkizce, Müfitbey x Sultan 95 ve Müfitbey x İkizce melezleri 60R:4S açılımı göstermişlerdir.

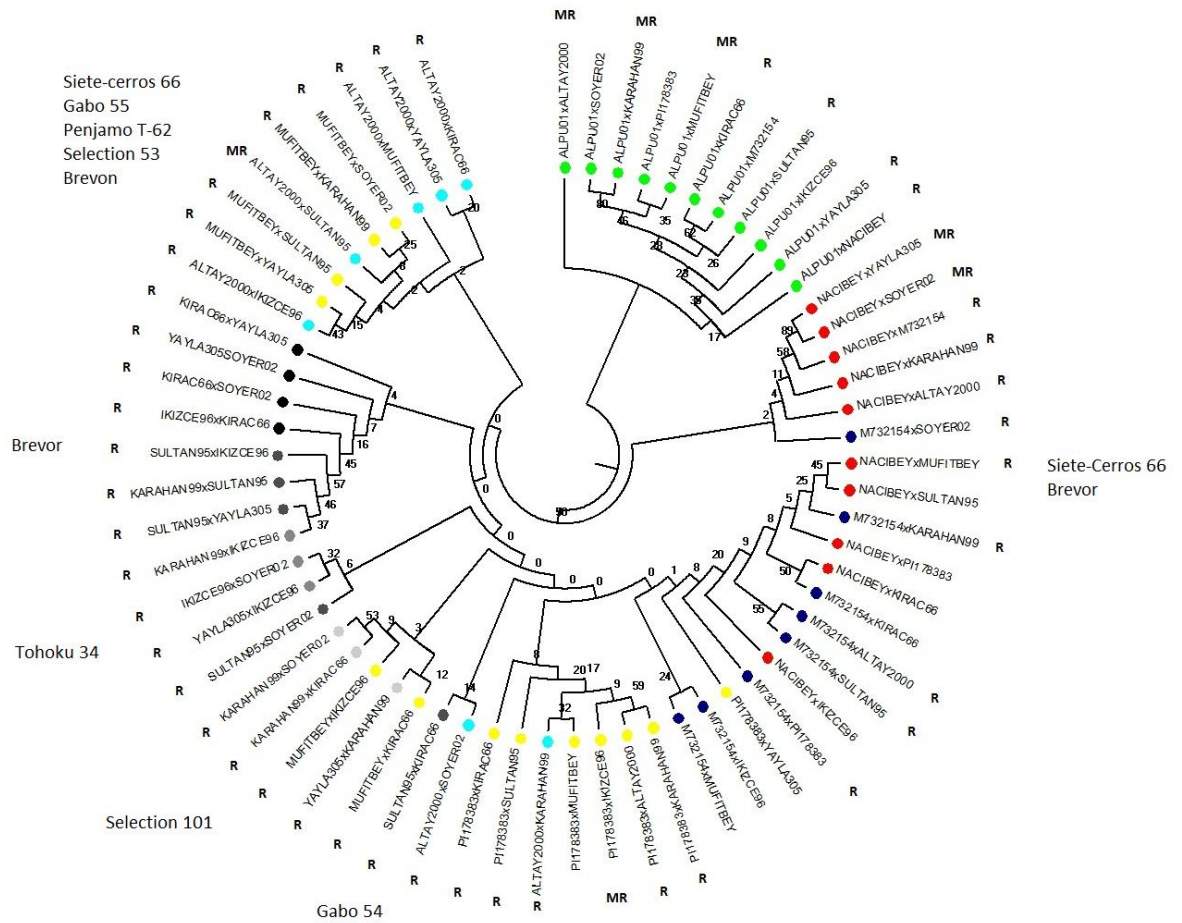
Hassas x dayanıklı alleli olan 3 numaralı Alpu 01 x Karahan 99 melezi 3 dayanıklı: 1 hassas kalıtım biçimine uygunluk göstermiştir. Bu durum dayanıklılığın 1 dominant genle yönetildiğini ortaya koymaktadır. Cota vd. (2009), çalışmamızdaki sonuçlara paralel olarak dirençli ve duyarlı buğdayların çaprazlanmasından oluşan 8 melezi *T. caries* ve *T. foetida* sporlarından oluşan karışım ile inokule etmişler ve F_2 kademesindeki enfekte olan buğdayların yüzdelerinin varyans analizini yapmışlardır. Enfeksiyonun %18.4-63 arasında değişiklik gösterdiğini belirlemişler ve yaptıkları x^2 analizi sonucunda 3:1 (Dayanıklı: Duyarlı) açılımıyla tek majör direnç geninin varlığını tespit etmişlerdir. Cota vd (2010), yaptıkları başka bir araştırmada buğdayda sürmeye direnci için polimorfizmi tespit etmek amacıyla, 5 dayanıklı 8 duyarlı buğday genotipi kullanmışlardır. F_2 kademesinde populasyonu test edilmiştir. Yapılan X^2 testi ile dayanıklılığın kalıtım oranı 3:1 olarak bulunmuştur.

Ulukan ve Özgen (1998), buğdayda hastalıklara dayanıklı çeşitlerin saptanması için yaptıkları çalışmada X^2 testi ile dayanıklılık bakımından dğerlendirmiş ve 3:1 (Dayanıklı: Dayanısız) açılma oranının dayanıklılığın 1 dominant genle, 57:7

dayanıklılığının trigenik ve dominant genle, 55:9 oranı dayanıklılığın 1 çift dominant tamamlayıcı genle, 15:1 dayanıklılığın 1 çift dominant genle yönetildiğini saptamışlardır. Bulunan kalıtım biçimleri çalışmamızla paralellik göstermiştir.

İslah çalışmalarında kalıtıma bağlı meydana gelen genetik çeşitliliğin moleküler yöntemlerle tespiti, oluşturulan yeni hibritlerin genetik olarak birbirleri ile yakınlık uzaklık mesafelerinin bilinmesi yapılacak çalışmalara ışık tutacak ciddi bir veri oluşturacaktır.

Kalıtıma bağlı genotipik çeşitliliğin nasıl oluştuğunu ortaya çıkarmak amacıyla genotipler arasındaki genetik benzerlik ve uzaklık değerleri, ISSR bantlarının varlığında 1 yokluğunda 0 olacak şekilde hazırlanmış olan veri matrisinden yararlanarak hesaplanmıştır. Buna göre genetik uzaklık ve yakınlığı belirlemek amacıyla ebeveynlere ve allellere ait filogenetik ağaç oluşturulmuştur.



Şekil 5.36. Allellere ait dendrogramda allellerin hastalık oranları ve ortak ataları.

Çalışma sonucunda moleküler analizler ile elde edilen tarla verileri paralellik göstermiştir. Dendrogramda aynı dallanmada bir araya gelen melezleri pedigrileri incelendiğinde ortak ataya sahip oldukları tespit edilmiştir. Ebeveynlerin yakınlıkları değerlendirildiğinde pedigrileri bilinen bütün çeşitler arasında ortak ata ile bir bağ bulunduğu belirlenmiş, daha detaylı yorum yapılabilmesi için allelere ait olan dendrogram, pedigrileri göz önünde bulundurularak değerlendirilmiştir.

Allellere ilişkin dendrogram incelendiğinde, 1. ana grup hassas ve dayanıklı olarak seçilen çeşitlerden oluşan melezlerin dallanması ile oluşmuştur ve tüm melezler tek dalda toplanmıştır. 2. Ana grup 53 melezden meydana gelmiştir. Bu grup üzerinde 2 alt dal bulunmaktadır. 1. dallanma Nacibey çeşidinin Yayla 305, Altay 2000, M732154 ve melezleri ile M732154 x Soyer 02 melezini kapsamaktadır. 2. Dallanmanın 1. grubu dikkat çekici olarak Altay 2000 melezleri ve Müfitbey kombinasyonlarını içermektedir. Buna göre Altay 2000 çeşidinin Yayla 305 ve Kıraç 66 ile olan melezleri ayrılmıştır. Bu Kıraç 66 çeşidinin Yayla 305 çeşidi melezi olmasıyla açıklanabilir. 2. Grup dendrogramın en yoğun dallanmasının meydana geldiği gruptur. Buradaki gruplaşmalar kararlı bir dağılım göstermiştir. Dayanıklılık özellikleri ile literatüre geçen ve Bt genlerini içeren PI178383 ve M732154 kendi dallanmalarını oluşturmuştur. Ayrıca Müfitbey x Karahan 99 hibritleri, İkizce x Soyer 02 hibritleri ve Sultan 95, Yayla 305, Kıraç 66 ve İkizce çeşitlerinin melezleri birer alt grup olarak karşımıza çıkmaktadır.

Dendrogram pedigriler göz önüne alınarak değerlendirildiğinde, Altay 2000 x Müfitbey melezi, Altay 2000 ve Müfitbey'in ortak ataları (Siete-cerros 66, Gabo 55, Gabo 54, Penjamo, Tohoku 34, Selection 53 ve Brevon)'ndan gelen yakın genotipik özelliklerle birlikte allellerini kapsayan bir dallanma meydana getirmişlerdir. Bu dallanma içerisinde, bu iki çeşidin İkizce, Sultan 95, Soyer 02, Karahan 99 ve Yayla 305 ile melezleri, pedigrilerindeki Brevor çeşidinin etkisi ile aynı gruba dahil olmalarını sağlamıştır. Aynı zamanda Müfitbey, Nord Desprez çeşidi ortak ata olduğundan Soyer 02 ile melezini, Selection 101 çeşidi ortak ata olduğundan Karahan 99 ile melezini ve Sonara 64 çeşidi ortak ata olduğundan Sultan 95 ile melezini bu grupta toplamıştır. Altay 2000 x Kıraç 66 melezi ile Altay 2000 x Yayla 305 melezi dallanmadan farklı bir

grupla ayrılmıştır. Bunun nedeni Yayla 305 çeşidinin Kıraç 66'nın 1. kuşaktan atası olması ve yakın genotipe sahip olması ile açıklanmaktadır.

2. alt grubun ayrılan alt dalı Brevor ve Tohoku 34 çeşidinden ortak ataya sahip Soyer 02, İkizce, Sultan 95 ve Karahan 99 çeşitlerinin birbirleri, Yayla 305 ve Kıraç 66 çeşitlerinin kombinasyonlarını kapsamaktadır. Dallanmada Soyer 02 x Yayla 305 ve Soyer 02 x Kıraç 66 melezlerinin Kıraç 66 x Yayla 305 melezi ile olan yakınlığı sayesinde melezi bu gruba çekmiştir.

Filogenetik ağaçta, Siete-Cerros 66 çeşidi ile aynı dereceden akraba olan Sultan 95, Soyer 02 ve İkizce'nin; Sultan 95 x Soyer 02, Soyer 02 x İkizce ve İkizce x Yayla 305 melezleri birlikte küçük bir grup oluşturmuştur.

Selection 101 çeşidi Müfitbey, Karahan 66 ve Soyer 02 çeşitlerinin ortak atasıdır. Karahan 99 x Soyer 02, Karahan 99 x Kıraç 66, Karahan 99 x Yayla 305, Müfitbey x Kıraç 66 ve Müfitbey x İkizce melezlerinin bu ortak ata etkisinde bir arada toplandıkları düşünülmektedir.

Gabo 54 çeşidi ata olarak değerlendirildiğinde Altay 2000, Sultan 95 ve Soyer 02 çeşidinde ortaktır. Altay 2000 x Soyer 02 ve Sultan 95 x Kıraç 66 bu ortak noktanın etkisinde dallanma göstermiş olabilir.

Ağaçta en dikkat çeken gruplardan birisi de ırk skalasında yer alan, dayanıklı olduğu bilinen ve Hakkari Şemdinli'nin lokal bir çeşidi olan PI178383'ün kendi allelleri ile birlikte oluşturduğu gruptur.

ICARDA orijinli M732154 çeşidinin bu coğrafyadan olma ihtimali yüksektir. Çeşit, sürme ırk ayırıcı sette yer alan yabancı kökenli bir çeşittir ve pedigri bilgileri mevcut değildir. Dendrogramdaki davranışı incelendiğinde çeşidin genotipik olarak Nacibey çeşidi ile yakınlık gösterdiği görülmektedir.

En geniş gruplardan birisi Nacibeyin kendi allelleri ile birlikte oluşturduğu dallanmalardır. Nacibey çeşidi ağaçta dengeli bir dağılım sergilemiştir. Dendrogram genel olarak değerlendirildiğinde, hassas x dayanıklı melezleri ayrı bir grup gibi davranmıştır aynı zamanda dayanıklılık özellikleri kesin olarak bilinen PI178383 ve M732154 çeşitlerinin ayrı gruplar oluşturması dikkat çekici bir diğer durum olmuştur.

Nacibey çeşidi de bu iki çeşit gibi kararlı bir dağılım sergileyerek kendi hibritleri ile alt grup oluşturmuştur.

Çalışma sonucunda farklı genotipik ortamlarda genetik açılmaya etki eden çok fazla minör gen veya etkisi görülmeyen ama kombinasyonda tamamlayıcı etki gösteren majör genlere rastlanmıştır.

Yayla 305 çeşidi Doğu Anadolu bölgesinden toplanmış 3 saf hattın karışımından elde edilmiş bir kombinasyondur. Yayla 305 çeşidinde 3 gen mevcuttur. Bu genlerin özel bir çalışma ile tanımlanmasında fayda vardır. Yayla 305 araştırma enstitüsünde sürmeye dayanıklılık kaynağı olarak pek çok çeşitin pedigrisinde yer almıştır. Bu çeşidin kombinasyon yeteneği yüksektir. Yani özelliklerini döllerine iyi aktarabilme kabiliyetine sahiptir. Bu 3 genin farklı hatlardan mı oluştuğu yoksa tek hattan mı geldiği belirlemek için Yayla 305 çeşidi üzerindeki genlerin araştırılması önemlidir.

Bu çalışmada, bazı ekmeklik buğday çeşitlerinde yapılan melezleme denemeleri ile sürme hastalığına karşı dayanıklılığının kalıtımını, klasik ve moleküler yöntemler kullanılarak ortaya çıkarmak amaçlanmıştır. Alleler arasında belirlenen yakınlık mesafeleri ve kalıtım biçimleri belirlenmiştir. Bu sayede, hastalıkla mücadele için gelecekte yapılacak ıslah çalışmalarına ciddi katkı sağlayacak önemli bir altyapı elde edilmiştir.

Allelizm tablosu genel olarak değerlendirildiğinde çeşitlerin taşıdıkları genler, hemen hemen birbirinin aynısı olduğu görülmektedir. Farklı bir gen veya gen grubu ortaya çıkmamaktadır. Bu durum sürmeye karşı yapılan ıslah programı için bir risk oluşturmaktadır. Farklı davranışlar içinde olan genlere ihtiyaç vardır. Bu amaçla yeni gen kaynakları araştırılmalıdır. Rekombinant DNA teknolojisi, farklı gen kaynaklarından gen aktarımı için uygun bir strateji olabilir.

Ortaya konulan veriler, ileride geliştirilecek yeni dirençli çeşitlerin oluşturulması ile verim kayıplarının önlenmesinde tohum ilacı kullanımının azaltılmasına bağlı olarak daha ekonomik ve çevreye daha duyarlı alternatif bir mücadele yönteminin geliştirilmesine yardımcı olacaktır.

Bu alıřma, buędayda hastalık direnci kalıtımının hem klasik ıslah hemde moleküler genetik arařtırma yöntemlerinin birlikte kullanımına bir örnektir ve gelecekte yapılacak benzer alıřmalara öncülük edecektir.

KAYNAKLAR

- Agrios, G. N., "Plant Pathology", **Academic Pres**, New York, (1997).
- Ahmed, R., Riaz, A., Zakria, M., Naz, F., "Incidence of Karnal Bunt (*Tilletia indica* Mitra) of Wheat (*Triticum aestivum* L.) in Two Districts of Punjab (Pakistan) and Identification of Resistance Source" **Pak. J. Phytopathol.**, 25 (01): 01-06 (2013).
- Akan K., Mert Z., Çetin L., Albostan S., Düşünceli F. and Yazar S., "Tescilli Bazı Buğday Çeşitleri İle Ümitvar Buğday Hatlarının Adi Sürme (*Tilletia foetida* (Wallr.) Liro, *Tilletia caries* (D.C.) Tul.)'ye Karşı Reaksiyonlarının Ankara'da Tarla Koşullarında Belirlenmesi (Sunulu Bildiri)", **Türkiye II. Tohumculuk Kongresi**, Adana, 316-321 (2005).
- Akan, K., Çetin, L., Albostan, S., Düşünceli, F., and Mert, Z., "İç Anadolu'da Görülen Önemli Tahıl ve Nohut Hastalıkları", **Tarla Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsü Dergisi**, 15(1-2): 29-48 (2006).
- Akkaya A., "Tahılın Kalbi Konya'dan Çağrı.", **Ülkesel Tahıl Sempozyumu**, Konya, 1-13 (2008).
- Aktaş, H. and Tunalı, B., "Türkiye'de Ekimi Yapılan ve Ümitvar Olan Bazı Buğday ile Arpa Çeşit ve Hatlarının Önemli Hastalıklarına Karşı Reaksiyonlarının Saptanması Üzerinde Araştırmalar", **Bitki Koruma Bülteni**, 34(3-4): 123-133 (1994).
- Aktaş, H. "Önemli hububat hastalıkları ve survey yöntemleri", **TC Tarım ve Köyişleri Bakanlığı**, Tarımsal Araştırmalar Genel Müdürlüğü Bitki Sağlığı Araştırmaları Daire Başkanlığı, Ankara (2001).
- Aktaş, H. and Katırcıoğlu, Y. Z., "Bazı Buğday ve Arpa Çeşit ve Hatlarının Önemli Bazı Fungal Patojenlere Karşı Reaksiyonları", **Tarım Bilimleri Dergisi**, 14(4): 381-385 (2008).
- Altay, F. and Süzen, B., "On Ekmeklik Buğday Çeşidinde Kahverengi Pas'a (*Puccinia recondita*) Karşı Dayanıklılığın Kalıtımı", **II. Türkiye Fitopatoloji kongresi**, Ankara, (1978).
- Altay, F., "Kahverengi Pasa Dayanıklılık ve Dayanıklılık Kaynakları", **Ege Üniversitesi Bitki Islahı Semineri**, İzmir, (2008).
- Altay, F., "Yield Stability Of Some Turkish Winter Wheat (*Triticum aestivum* L.) Genotypes In The Western Transtional Zone Of Turkey", **Turkish Journal of Field Crops**, 17(2): 129-134 (2012).
- Altındal, D., and Akgün, İ., "Bitki Genetik Kaynakları ve Tahıllardaki Durumu" **Adnan Menderes Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi**, 12(1): 147-153 (2015).
- Arısoy, H. and Oğuz, C., " Tarımsal Araştırma Enstitüleri Tarafından Yeni Geliştirilen Buğday Çeşitlerinin Tarım İşletmelerinde Kullanım Düzeyi ve Geleneksel Çeşitler İle Karşılaştırmalı Ekonomik Analizi-Konya İli Örneği", **TC Tarım ve Köyişleri Bakanlığı Tarımsal Ekonomik Araştırma Enstitüsü Yayınları**, Ankara, (2005).

KAYNAKLAR (Devam ediyor)

- Ataç, A. and Çetin, V., “Türkiye’de Tanılanmış Sürme [*Tilletia foetida* (Wallr.) Liro ve *T. caries* (D, C.) Tul.] Irklarına Karşı Akdeniz Bölgesinde Bazı Buğday Çeşit ve Hatlarının Reaksiyonlarının Belirlenmesi Üzerinde Araştırmalar”, ***Bitki Koruma Bülteni***, 35(3-4): 177-187 (1995).
- Bardakçı, F. and Yenidünya, A. F., “Moleküler Biyoloji Teknikleri I: Nükleik Asit Analiz Teknikleri”, Moleküler Biyoloji, Yıldırım, A., Bardakçı, F., Karataş, M. and Tanyolaç B., ***Nobel Yayın***, Ankara, 521-555 (2010).
- Bauer, R., “Study on Time Duration of Viability and Related Infestation Potential of Common Bunt (*Tilletia caries*) and Dwarf Bunt (*T. Controversa*) Spores of Wheat in Soil and Farmyard Manures Taking into Account Different Crop Rotation Systems in Ecological Farming”, ***30th ISTA Congress***, Antalya, (2013).
- Baydar, H., “Genetik (Bitki Genetiği ve Islahı)”, ***SDÜ Basımevi***, Isparta (2007).
- Bremer, H., “Türkiye fitopatolojisi”, ***Güney Matbaacılık ve Gazetecilik TAO***, Ankara (1948).
- Castlebury, L. A., Carris, L. M. and Vánky, K., “Phylogenetic Analysis of *Tilletia* and Allied Genera in Order Tilletiales (Ustilaginomycetes; Exobasidiomycetidae) Based on Large Subunit Nuclear rDNA Sequences”, ***Mycologia***, 97(4): 888-900 (2005).
- Ciucă, M. and Săulescu, N., “Screening Romanian Winter Wheat Germplasm for Presence of Bt10 Bunt Resistance Gene Using Molecular Markers”, ***Romanian Agricultural Research***, 25: 1-5 (2008).
- Ciucă, M., “A Preliminary Report on the Identification of SSR Markers for Bunt (*Tilletia* sp.) Resistance in Wheat”, ***Czech J. Genet. Plant Breed.***, 47: 142-145 (2011).
- Cota, L. C., Botez, C., Bota, D. and Lucaci, M., “Genetic Marker Assisted Selection for Common Bunt Resistance (*Tilletia* sp.) in Some Wheat Lines”, ***Bulletin of University of Agricultural Sciences and Veterinary Medicine Cluj-Napoca. Agriculture***, 63: 237-242 (2007).
- Cota, L. C., Botez, C., Grigoraş, M. A. and Curticiu D., “Screening for Resistance to Artificial Infection by Common Bunt (*Tilletia caries* and *Tilletia Foetida*) in F₂ Populations of Wheat (*Triticum Aestivum* L.)”, ***Bulletin UASMV Agriculture***, 66(1): 24-31 (2009).
- Cota, L. C., Grigoraş, M., Botez, C., Curticiu, D. and Balazs, E., “Molecular Analysis of Wheat Dihaploid Lines in Scope of Selection for Common Bunt Resistance” , ***Journal of Horticulture, Forestry and Biotechnology***, 13: 142-146 (2009).
- Cota, L. C., Botez, C., Pamfil, D. and Grigoraş, M. A., “Testing of RAPD and SSR Markers for Wheat Resistance to *Tilletia* spp. In F₂ Segregating Populations“, ***45th Croatian & 5th International Symposium on Agriculture***, Opatija, 385-389 (2010).

KAYNAKLAR (Devam ediyor)

- Cota, L. C., Pamfil, D., Botez, C. and Grigoraş, M. A., “Preliminary Studies on Microsatellite Marker Analysis of Resistance to Common Bunt in several Wheat Genotypes (*Triticum Aestivum* L.)”, *Not. Bot. Hort. Agrobot. Cluj*, 38(2): 42-47 (2010).
- Çalış, Ö., “Bitki Dayanıklılık Genleri ve Proteinleri”, *Türk Bilimsel Derlemeler Dergisi*, 4 (2):1-9 (2011).
- Delen, N., Güncan, E. D. A., Turgut, N. G. C. and Burçak, A., “Türkiye’de Pestisit Kullanımı, Kalıntı Ve Organizmalarda Duyarlılık Azalışı Sorunları”, *Türkiye Ziraat Mühendisliği 6. Teknik Kongre*, Ankara (2005).
- Delen, N., “Fungisitler”, *Nobel Yayın*, Ankara (2008).
- Demir, İ., “Genel Bitki Islahı”, *E. Ü. Ziraat Fakültesi Ofset Atölyesi*, İzmir (1990).
- Demiraslan, V., “Türkiye’de ki Un ve Unlu Mamul İşletmelerinin Pazarlama Yöntemleri Açısından İncelenmesi: Edirne İli Örneği”, *Akademik Bakış Dergisi*, 34: 1-18 (2013).
- Doyle, J. J. ve Doyle, J. L., "Isolation of plant DNA from fresh tissue", *Focus*, 12: 13-15 (1987).
- Dromph, K. M., and Borgen, A., “Reduction of Viability of Soil Borne Inoculum of Common Bunt (*Tilletia tritici*) by Collembolans”, *Soil Biology and Biochemistry*, 33(12): 1791-1795 (2001).
- Dumalasovâ, V. and Bartos, P., “Reaction of Winter Wheat Cultivars to Common Bunt *Tilletia tritici* (Bjerk.) Wint. and *T. Laevis* Kühn”, *Plant Protect. Sci.*, 43(4): 138-141 (2007).
- Dumalasovâ, V. and Bartos, P., “Effect of Inoculum Doses on Common Bunt Infection on Wheat Caused by *Tilletia tritici* and *T. Laevis*”, *Czech J. Genet. Plant Breed.*, 44(2): 73-77 (2008).
- Dumalasovâ, V. and Bartos, P., “Reaction of Wheat, Alternative Wheat and Triticale Cultivars to Common Bunt”, *Czech J. Genet. Plant Breed.*, 46(1): 14-20 (2010).
- Elgün, A., Ertugay, Z., “Tahıl İşleme Teknolojisi”, *Atatürk Üniv. Ziraat Fakültesi Yayınları*, Erzurum, (1995).
- Elyasi-Gomari, S. and Farrokhi-Nejad R., “Virulence of *Tilletia laevis* in two most Important Provinces of İnan”, *International Journal of Agronomy and Plant Production*, 4(11): 2953-2959 (2013).
- FAO, <http://www.fao.org/> (Ziyaret Edilme Tarihi: 01.05.2015).
- Filiz, E., Koç, İ., “Bitki Biyoteknolojisinde Moleküler Markörler”, *GOÜ Ziraat Fakültesi Dergisi*, 28 (2), 207-214 (2011).

KAYNAKLAR (Devam ediyor)

- Finci, S., Parlak, Y., Bilgin, O., Gümüştekin, H., Aktuna, İ., and Tunçdemir, M., “Buğday Sürme Etmenleri (*Tilletia foetida* Wallr. Liro ve *Tilletia caries* (DC) Tul.)'nin Türkiye'de Yayılmış Olan Irklarının Saptanması Üzerinde Araştırmalar”, ***Bitki Koruma Bülteni***, 23(3): 124-147 (1983).
- Flor, H. H., “Current status of the gene-for-gene concept”, ***Annual review of phytopathology***, 9(1): 275-296 (1971).
- Fofana, B., Humphreys, D. G., Cloutier, S., McCartney, C. A. and Somers, D. J., “Mapping Quantitative Trait Loci Controlling Common Bunt Resistance in a Doubled Haploid Population Derived from the Spring Wheat Cross RL4452× AC Domain”, ***Molecular Breeding***, 21(3): 317-325 (2008).
- Furan, M. A. and Yüce, S., “Buğdayda Sarı Pasa Dayanımlı ve Duyarlı Bazı Çeşit ve Hatların SSR Analizleri” , ***Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi***, 46(1): 1-8 (2009).
- Gang, D. R. and Weber, D. J., “Using Random Amplified Polymorphic DNA to Analyze the Genetic Relationships and Variability Among Three Species of Wheat Smut (*Tilletia*)”, ***Botanical Bulletin of Academia Sinica***, 37: 173-180 (1996).
- Gardner, E. J., "Principles of Genetics, Fourth Edition", ***John Wiley & Sons, Inc.***, New York (1972).
- Gassner, G., Göydün, A. "Sürme hastalığının Türkiye'de yayılışı, Sürme hastalığı ve bulaşma kabiliyeti, Türkiye'de tohum ilaçlama işleri", ***Birinci Köy ve Ziraat Kalkınma Kongresi Yayını***, 3-13 (1938).
- Gaudet, D. A., Puchalski, B. J., Kozub, G. C., and Schaalje, G. B., “Susceptibility and Resistance in Canadian Spring Wheat Cultivars to Common Bunt (*Tilletia tritici* and *T. laevis*)”, ***Canadian journal of plant science***, 73(4): 1217-1224 (1993).
- Gaudet, D. A., Lu Z.-X., Leggett F., Puchalski B. and Laroche A., “Compatible and Incompatible Interactions in Wheat Involving the *Bt-10* Gene for Resistance to *Tilletia tritici*, the Common Bunt Pathogen”, ***Phytopatology***, 97: 1397-1405 (2007).
- Gaudet, D. A., Puchalski, B. J., Despins, T., McCartney, C., Menzies, J. G. and Graf, R. J., “Seeding Date and Location affect Winter Wheat Infection by Common Bunt (*Tilletia tritici* and *Tilletia laevis*) in Western Canada”, ***Canadian Journal of Plant Science***, 93: 483-489 (2012).
- Goates, B. J., "Common bunt and dwarf bunt”, ***CIMMYT*** , Mexico (1996).
- Goates, B. J. and Mercier, J., “Control of common bunt of wheat under field conditions with the biofumigant fungus *Muscodor albus*”, ***European journal of plant pathology***, 131(3): 403-407 (2011).
- Güleç, T. E., Yıldırım, A. and Sönmezoğlu Ö. A., “Bitkilerde Markör Destekli Seleksiyon”, ***Türk Bilimsel Derlemeler Dergisi***, 3(2): 67-79 (2010).

KAYNAKLAR (Devam ediyor)

- He, C. and Hughes, G. R., "Inheritance of Resistance to Common Bunt in Spelt and Common Wheat", *Canadian journal of plant science*, 83(1): 47-56 (2003).
- Holton, C. S., "Host selectivity as a factor in the establishment of physiologic races of *Tilletia caries* and *T. foetida* produced by hybridization", *Phytopathology*, 37(11): 817-821 (1947).
- Hoffmann, J. A. and Kendrick, E. L., "A new pathogenic race of *Tilletia foetida*", *Plant Disease Reporter*, 52: 569-570 (1968).
- Index Fungorum, <http://www.indexfungorum.org/names/Names.asp> (Ziyaret Edilme Tarihi: 20.04.2015).
- İren, S., "Tarla bitkileri hastalıkları", *Türk Ziraat Yüksek Mühendisleri Birliği Yayını*, 27: 64 (1962).
- İren, S., Maden, S., Coşkun, H., "Türkiye'de 1980 Yılında Buğdaylarda Görülen Sürme Hastalığı (*Tilletia Spp.*) Türleri, Bunların Geçmiş Yıllarla Karşılaştırılması ve Hastalık Çıkışına Tohum İlaçlarının Etkinliği", *Bitki Koruma Bülteni*, 22(2): 61-71 (1982).
- Jia, W., Zhou, Y., Duan, X., Luo, Y., Ding, S., Cao X. and Fitt B. D. L., "Assessment of Risk of Establishment of Wheat Dwarf Bunt (*Tilletia controversa*) in China", *Journal of Integrative Agriculture*, 12(1): 87-94 (2013).
- Johnson, R., "Durable Resistance: Definition of, Genetic Control, and Attainment in Plant Breeding", *Plant Breeding Institute*, Trumpington, Cambridge CB2 2LQ, England (1981).
- Josefsen, L. and Christiansen, S. K., "PCR as a Tool for the Early Detection and Diagnosis of Common Bunt in Wheat, Caused by *Tilletia tritici*", *Mycological Research*, 106(11): 1287-1292 (2002).
- Juroszek, P., and Von Tiedemann, A., "Climate Change and Potential Future Risks Through Wheat Diseases: a Review", *European Journal of Plant Pathology*, 136(1): 21-33 (2013).
- Kellerhals, M., Gianfranceschi, L., Seglias, N. and Gessler, C., "Marker-assisted Selection in Apple Breeding", *Acta Horticulturae*, 521: 255-266 (2000).
- Kendrick, E. L., "Race groups of *Tilletia caries* and *Tilletia foetida* for varietal-resistance testing" *Phytopathology*, 51(8): 537-540 (1961).
- Khavarinejad, M. S., Karimov, M. and Samadi, M., "Evaluation of RAPD and SSR Monecular Markers in Bread Wheat Genotypes", *International Journal of Plant, Animal and Environmental Sciences*, 3(4): 131-139 (2013).

KAYNAKLAR (Devam ediyor)

- Kılıç, H., “Assessment of Parametric and Non-Parametric Methods for Selecting Stable and Adapted Spring Bread Wheat Genotypes in Multi-Environments”, *Journal of Animal and Plant Sciences*, 22(2): 390-398 (2012).
- Klug, W. S., Cummings, M. R., Spencer, C. A., "Genetik Kavramlar", Öner, C., Sümer, S., Öner, R., Ögüş, A. and Açıık, L., *Palme Yayıncılık*, Ankara (2011).
- Knox, R. E., Campbell, H. L., DePauw, R. M., Gaudet, D., Puchalski, B., and Clarke, F. C., “DNA Markers for Resistance to Common Bunt in ‘McKenzie’ Wheat”, *Canadian Journal of Plant Pathology*, 35(3): 328-337 (2013).
- Kochanová, M., Zouhar, M., Prokinová, E. and Rysanek, P., “Detection of *Tilletia controversa* and *Tilletia caries* in Wheat by PCR Method”, *Plant Soil and Environment*, 50(2): 75-77 (2004).
- Koprivica, M., Zouhar, M., Prokinova, E., Rysanek, P., "Detection of *Tilletia controversa* and *Tilletia caries* in wheat by PCR method", *Plant Soil Environ*, 50: 75–77 (2004).
- Kotancılar, G., Çelik, İ. and Ertugay, Z., “Ekmeğin Besin Değeri ve Beslenmedeki Önemi”, *Atatürk Üni.Zir.Fak. Der.*, 26(3): 431-441 (1995).
- Kuru, M. and Ergene, S., “Genetik (Örnek Problemlerle)”, *Palme Yayıncılık*, Ankara (2011).
- Kün, E., "Serin İklim Tahılları", *Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları*, Ankara (1983).
- Li, Y. M., Shivas, R. G. and Cai, L., “Three New Species of *Tilletia* on *Eriachne* from North-Western Australia”, *Mycoscience*, 55(5): 361-366 (2014).
- Liatukas, Ž. and Ruzgas, V., “Effect of Air Temperature on Common Bunt (*Tilletia caries*) Infection in Winter Wheat”, *Acta Agriculturae Scandinavica Section B–Soil and Plant Science*, 59(3): 225-232 (2009).
- Lu, Z. X., Gaudet, D. A., Frick, M., Puchalski, B., Genswein, B. and Laroche, A., “Identification and Characterization of Genes Differentially Expressed in the Resistance Reaction in Wheat Infected with *Tilletia tritici*, the Common Bunt Pathogen” , *Journal of Biochemistry and Molecular Biology*, 38(4): 420-431 (2005).
- Lu, Z. X., Gaudet, D., Puchalski, B., Despins, T., Frick, M. and Laroche, A., “Inducers of Resistance Reduce Common Bunt Infection in Wheat Seedlings While Differentially Regulating Defence-Gene Expression”, *Physiological and molecular plant pathology*, 67(3): 138-148 (2006).
- Logering, Q. W., “Specificity in Plant Disease”, *Missouri Agricultural Experiment Station* 5723: 29-41 (1969).

KAYNAKLAR (Devam ediyor)

- Mahmood, A., Idrees, M., Burhan, M., Muhammad, F., and Niaz, M. Z., "Evaluation of Wheat Test Lines / Commercial Varieties Against Karnal Bunt (*Tilletia Indica*) Under Field Conditions", *Pakistan Journal of Phytopathology*, 26(1): 137-141 (2014).
- Matanguihan, J. B. "Identification of Pathogenic Races and Mikrosatellite Markers of *Tilletia caries* (D.C.) Tul. & C. Tul. And Mapping of Common Bunt Resistance gene in Winter Wheat", Doctor of Philosophy, *Washington State University*, Department of Crop and Soil Sciences (2011).
- Matanguihan, J. B. and Jones, S. S., "A new pathogenic race of *Tilletia caries* possessing the broadest virulence spectrum of known races", *Plant Health Progress*, doi:10.1094/PHP-2010-0520-01-RS (2011).
- Matanguihan, J. B. and Murphy, K. M., "Control of Common Bunt In Organic Wheat", *Plant Disease*, 95: 92-103 (2011).
- Menzies, J. G., Knox, R. E., Popovic, Z. and Procnier, J. D., "Common Bunt Resistance Gene Bt10 Located on Wheat Chromosome 6D" *Canadian journal of plant science*, 86: 1409-1412 (2006).
- Mirza, M. S., Hamid, S. J., Hassan, S. F. and Khan, M. A., "A new race L-13 of *Tilletia foetida* (Wallr.) Liro. from Pakistan", *Pakistan Journal of Agricultural Research*, 3(2): 75-77 (1982).
- Mut, Z., Aydın, N., Özcan, H. and Bayramoğlu, H. O., "Orta Karadeniz Bölgesi'nde Ekmeklik Buğday (*Triticum aestivum* l.) Genotiplerinin Verim ve Bazı Kalite Özelliklerinin Belirlenmesi" *GOP Üni. Zir. Fak. Dergisi*, 22(2): 85-93 (2005).
- Nagy, E., Moldovan, V., "The Effect Of Fungicide Treatments On Wheat Common Bunt (*Tilletia spp.*) In Transylvania", *Agricultural Research and Development Station Turda*, 33-38 (2007).
- Oncică, F. and Săulescu, N., "Potentially new sources of genes for resistance to common bunt (*Tilletia spp.*) in winter wheat (*Triticum Aestivum* L.)", *Proc. Rom. Acad. Series B*, 1-2: 97-100 (2008).
- Onoğur, E., "Bitki Fungal Hastalıkları (Ders Notları)", *Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları*, Bornova, İzmir, (1996).
- Özer, N., "Fitopatoloji", *Trakya Üniversitesi Tekirdağ Ziraat Fakültesi Basımevi*, Tekirdağ (1995).
- Özkan, M., "Sürme Hastalığının Türkiye'de Yayılışı, Biyolojisi ve Mücadelesi Üzerine Araştırmalar", *Sanat Matb.*, Ankara (1956).
- Özkan, M., "Türkiye'de buğday ve yabancı otlarda Cüce sürme (*Tilletia controversa* Kühn)'nin ve Çavdar sürmesi (*Tilletia secalis* Cda. Koern.)'nin yayılışı üzerinde çalışmalar", *Bitki Koruma Bülteni*, 11(2): 101-132 (1971).

KAYNAKLAR (Devam ediyor)

- Özkan, M., Finci, S., "Buğday Sürmesi (*Tilletia foetida* Wallr. Liro)'ne Karşı Kullanılan Kuru Tohum İlaçlarının, Sonradan Bulaşmalardaki Koruyucu Etkisi Üzerinde Çalışmalar", ***Bitki Koruma Bülteni***, 14(3): 191-204 (1974).
- Özkan, M., Babaoğlu, B. and Damgacı, E., "Türkiye'de buğdayın Cüce sürme (*Tilletia controversa* Kühn.) hastalığından korunma olanakları üzerinde araştırmalar", ***Bitki Koruma Bülteni***, 19(1): 39-56 (1979).
- Özkan, M., Damgacı, E., "Türkiye'de Buğdayın Sürme Türleri (*Tilletia foetida* (Wallr.) Liro ve *T. caries* (D.C.) Tull.)'nin 1949-1964 ve 1983 76 Yıllarında Coğrafik Yayılışı Üzerinde Araştırmalar", ***Bitki Koruma Bülteni***, 4: 38- 44 (1985).
- Öztürk, S., Özkan, M., Çelik, Ç., Finci, S., Beydeşman, T. and Damgacı, E., "Maneb ve Mancozeb'li ilaçların Akıcılık özelliği ile Buğdayın Sürme (*Tilletia foetida* Wallr. Liro) Hastalığına Biyolojik Etkisi Arasındaki İlgiler Üzerinde Araştırmalar", ***Bitki Koruma Bülteni***, 17(1): 41-51 (1977).
- Poyraz, İ., " *Origanum onites* L.'de Mitojenler Tarafından Aktive Edilen Protein Kinaz Kinaz (MAPKK) Enzim Ailesi Üyelerinden Birinin Klonlanması ve Enzimatik Olarak Tanımlanması", Doktora Tezi, ***Anadolu Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü***, Biyoloji Anabilim Dalı, Eskişehir (2007).
- Randhawa, H. S., Asif, M., Pozniak, C., Clarke, J. M., Graf, R. J., Fox, S. L., Humphreys, D. G., Knox, R. E., Depauw, R. M., Singh, A. K., Cuthbert, R. D., Hucl, P. and Spaner, D., "Application of Molecular Markers to Wheat Breeding in Canada", ***Plant Breeding***, 132(5): 458-471 (2013).
- Rodenhiser, H. A. and Holton, C. S., "Distribution of Races of *Tilletia caries* and *Tilletia foetida* and Their Relative Virulence on Certain Varieties and Selections of Wheat", ***Phytopathology***, 35:955-969 (1945).
- Russell, B. W. and Mills, D., "Morphological, Physiological, and Genetic Evidence in Support of a Conspecific Status for *Tilletia caries*, *T. controversa*, and *T. Foetida*", ***Phytopathology***, 84(6): 576-582 (1994).
- Singh, A., Pandey, M. P., Singh, A. K., Knox, R. E., Ammar, K., Clarke, J. M., Clarke, F. R., Singh, R. P., Pozniak, C. J., DePauw, R. M., McCallum, B. D., Cuthbert, R. D., Randhawa, H. S. And Fetch Jr, T. G., "Identification and Mapping of Leaf, Stem and Stripe Rust Resistance Quantitative Trait Loci and Their Interactions in Durum Wheat", ***Molecular Breeding***, 31(2): 405-418 (2013).
- Snedecor, G. W. and Cochran, W. G., "Statistical Methods Applied to Experiments in Agriculture and Biology", ***The Iowa State College Press***, Ames- Iowa, (1956)
- Sorauer, P., "Handbook of Plant Diseases (Basidiomycetes)", ***Paul Pareyin***, Berlin and Hamburg, (1962).
- Strickberger, M. W., "Genetics", ***The Macmillan Company***, New York (1972).

KAYNAKLAR (Devam ediyor)

- Şahin, M., Akçacık, A. and Aydoğan, S., “Bazı ekmeklik buğday genotiplerinin tane verimi ile kalite özellikleri arasındaki ilişkiler ve stabilite yetenekleri”, *Anadolu Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü Dergisi*, 21(2): 39-48 (2011).
- Şehirali, S. and Özgen, A. M.,” Bitki Islahı”, *Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları*, Ankara (2010).
- Şener, O., Kılınç, M. and Yağbasanlar, T., “Ekmeklik Buğdayda Diallel Melez Analizi ile Bazı Tarımsal Karakterlerin Kalıtımının Belirlenmesi”, *Turk J Agric For*, 24: 121-127 (2000).
- TÜİK, <http://tuik.gov.tr>, (Ziyaret Edilme Tarihi: 01.05.2014)
- TÜİK, <http://tuik.gov.tr>, (Ziyaret Edilme Tarihi: 23.07.2015)
- Tan, M. K. and Murray, G. M., “A Molecular Protocol Using Quenched FRET Probes for the Quarantine Surveillance of *Tilletia indica*, the Causal Agent of Karnal Bunt of Wheat”, *Mycological research*, 110(2): 203-210 (2006).
- Tan, H., Huang, H., Tie, M., Ma, J., and Li, H., “Comparative Analysis of Six DNA Extraction Methods in Cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp)”, *Journal of Agricultural Science*, 5(7): 82-90 (2013).
- Tiryaki, O., Canhilal, R., and Horuz, S., “Tarım İlaçları Kullanımı ve Riskleri”, *Erciyes Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi*, 26(2): 154-169 (2010).
- Topal, A., “Buğday Yetiştiriciliği”, *Hasad Yayıncılık*, İstanbul (2011).
- Tosun, M., "Tahıllarda Hastalığa Dayanıklılığın Temelleri", *Ülkesel Tahıl Sempozyumu*, Konya, 290-295 (2008).
- Tör, M., “Bitkilerde Moleküler Konukçu-Patojen İlişkilerinde Son Gelişmeler”, *Turkish Journal of Biology*, 22: 271-285 (1998).
- Tuncel, M., "Konya Yöresinde Hasat Edilen Buğday Ürünündeki Sürme Hastalığı (*Tilletia spp.*) Ve Hastalığın Patojenitesini Etkileyen Bazı Faktörler Üzerine Bir Araştırma", Yüksek Lisans Tezi, *Selçuk Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü*, Konya, Türkiye (2006).
- Ulukan, H., and Özgen, M., “Bazı Buğday (*Triticum spp.*) Melezlerinde Karapasa (*Puccinia graminis tritici* Eriks. and Henn.) Dayanıklılık ile Morfolojik Özellikler Arasındaki İlişkiler” , *Tr. J. of Agriculture and Forestry*, 23: 551-557 (1998).
- Van Der Plank, J. E., “Disease Resistance In Plants”, *Academic Press*, New York (1968).
- Weisz, O., Szunics, L., and Szunics, L., “Effect of Common Bunt on the Frost Resistance and Winter Hardiness of Wheat (*Triticum aestivum* L.) Lines Containing Bt Genes” , *Euphytica*, 114(2): 159-164 (2000).

KAYNAKLAR (Devam ediyor)

- Wang, S., Knox, R. E., DePauw, R. M., Clarke, F. R., Clarke, J. M. and Thomas, J. B., "Markers to a common bunt resistance gene derived from 'Blizzard'wheat (*Triticum aestivum* L.) and mapped to chromosome arm 1BS", *Theoretical and applied genetics*, 119(3): 541-553 (2009).
- Yıldırım, A., Kandemir, N., Karadağ, Y. and Sakin M. A., "Genetik", *Nobel Yayın*, Ankara (2010).
- Yüksel, F., Koyuncu, M., and Sayaslan, A., "Makarnalık buğday (*Triticum durum*) kalitesi", *Türk Bilimsel Derlemeler Dergisi*, 4(2): 25-31 (2011).
- Zietkiewicz, E., Rafalski, A., Labuda, D., "Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR)-anchored polymerase chain reaction amplification", *Genomics*, 20: 176–183 (1994).

EK-1: Yarım diallellere ait genomik DNA'ların miktar ve saflık ölçüm değerleri.

Çeşit no	Saflık (260/280 nm)	DNA miktarı (Ng/µl)
1	52.44	1.80
2	86.41	1.97
3	217.43	2.05
4	180.46	2.00
5	136.47	2.02
6	251.12	1.99
7	203.00	2.00
8	330.10	2.04
9	106.51	2.04
10	285.93	2.03
11	411.14	1.96
12	455.88	1.99
13	122.84	1.92
14	395.18	2.10
15	308.93	1.87
16	309.56	2.05
17	770.65	2.05
18	894.49	2.03
19	1.481.90	2.02
20	445.75	2.03
21	148.01	2.04
22	142.86	1.98
23	327.11	1.97
24	1.108.65	2.09
25	273.46	2.06
26	780.44	1.99
27	163.22	2.00
28	288.46	1.99
29	179.84	1.96
30	608.24	2.10
31	516.56	2.02
32	245.36	1.98
33	638.83	2.02
34	471.10	1.95

35	229.32	2.01
36	59.57	2.00
37	340.21	1.89
38	80.36	2.01
39	158.90	1.81
40	193.14	2.06
41	296.53	1.81
42	162.79	1.86
43	311.58	1.85
44	137.94	1.83
45	166.14	1.83
46	169.47	1.88
47	303.51	2.02
48	246.14	2.03
49	441.07	2.02
50	483.54	2.05
51	178.89	1.84
52	216.89	1.86
53	474.08	1.93
54	769.68	2.03
55	292.37	1.98
56	240.86	1.88
57	1.529.69	2.05
58	452.09	2.05
59	321.70	1.89
60	459.40	1.88
61	187.99	1.86
62	153.52	2.00
63	400.09	2.08
64	204.55	1.86

EK-2: F₂ kademesi dayanıklı x dayanıklı melezlerin hastalık oranları.

MELEZ	T.B.S.	S.B.S.	%	H.R.
NACİBEY-YAYLA305	198	46	23.2	MR
NACİBEY-SOYER02	269	57	21.2	MR
NACİBEY-ALTAY2000	246	0	0.0	R
NACİBEY-M732154	136	0	0.0	R
NACİBEY-KARAHAN99	145	0	6.6	R
NACİBEY-MÜFİTBİY	142	0	0.0	R
NACİBEY-PI178383	-	-	-	-
NACİBEY-SULTAN95	-	-	-	-
NACİBEY-KIRAÇ66	-	-	-	-
NACİBEY-İKİZCE	-	-	-	-
M732154-PI178383	166	0	0.0	R
M732154-KIRAÇ66	-	-	-	-
M732154-KARAHAN99	112	0	0.0	R
M732154-ALTAY2000	157	0	0.0	R
M732154-SULTAN95	190	0	0.0	R
M732154-İKİZCE	-	-	-	-
M732154-SOYER02	180	0	0.0	R
M732154-MÜFİTBİY	-	-	-	-
PI178383-KARAHAN99	167	9	5.4	R
PI178383-KIRAÇ66	161	12	7.5	R
PI178383-YAYLA305	-	-	-	-
PI178383-ALTAY2000	184	0	0.0	R
PI178383-SULTAN95	139	22	2.2	R
PI178383-İKİZCE	178	46	25.8	MR
PI178383-MÜFİTBİY	-	-	-	-
ALTAY2000-KARAHAN99	251	0	0.0	R
ALTAY2000-İKİZCE	270	17	6.3	R

ALTAY2000-MÜFİTBEY	217	0	0.0	R
ALTAY2000-YAYLA305	141	0	0.0	R
ALTAY2000-KIRAÇ66	147	0	0.0	R
ALTAY2000-SOYER02	226	0	0.0	R
ALTAY2000-SULTAN95	156	19	12.2	MR
MÜFİTBEY-YAYLA305	178	0	0.0	R
MÜFİTBEY-SULTAN95	282	13	4.6	R
MÜFİTBEY-KARAHAN99	393	0	0.0	R
MÜFİTBEY-SOYER02	164	0	0.0	R
MÜFİTBEY-KIRAÇ66	264	0	0.0	R
MÜFİTBEY-İKİZCE	316	20	6.3	R
KARAHAN99-İKİZCE	250	5	2.0	R
KARAHAN99-KIRAÇ66	162	0	0.0	R
KARAHAN99-SOYER02	219	6	2.7	R
YAYLA305-KARAHAN99	86	0	0.0	R
KARAHAN99-SULTAN95	188	0	0.0	R
SULTAN95-YAYLA305	210	0	0.0	R
SULTAN95-KIRAÇ66	158	0	0.0	R
SULTAN95-SOYER02	125	0	0.0	R
SULTAN95-İKİZCE	183	0	0.0	R
YAYLA305-İKİZCE	227	0	0.0	R
İKİZCE-SOYER02	160	0	0.0	R
İKİZCE-KIRAÇ66	144	0	0.0	R
KIRAÇ66-YAYLA305	78	0	0.0	R
KIRAÇ66-SOYER02	160	0	0.0	R
YAYLA305-SOYER02	210	0	0.0	R

T.B.S. : Toplam Bitki Sayısı, S.B.S. : Sürmeli Bitki Sayısı, H. R. :Hastalık Reaksiyonu
S: Hassas, MR: Orta Dayanıklı, R:Dayanıklı

EK-3: F₂ kademesinde dayanıklı x dayanıklı melezlerin kalıtım biçimleri ve X² değerleri.

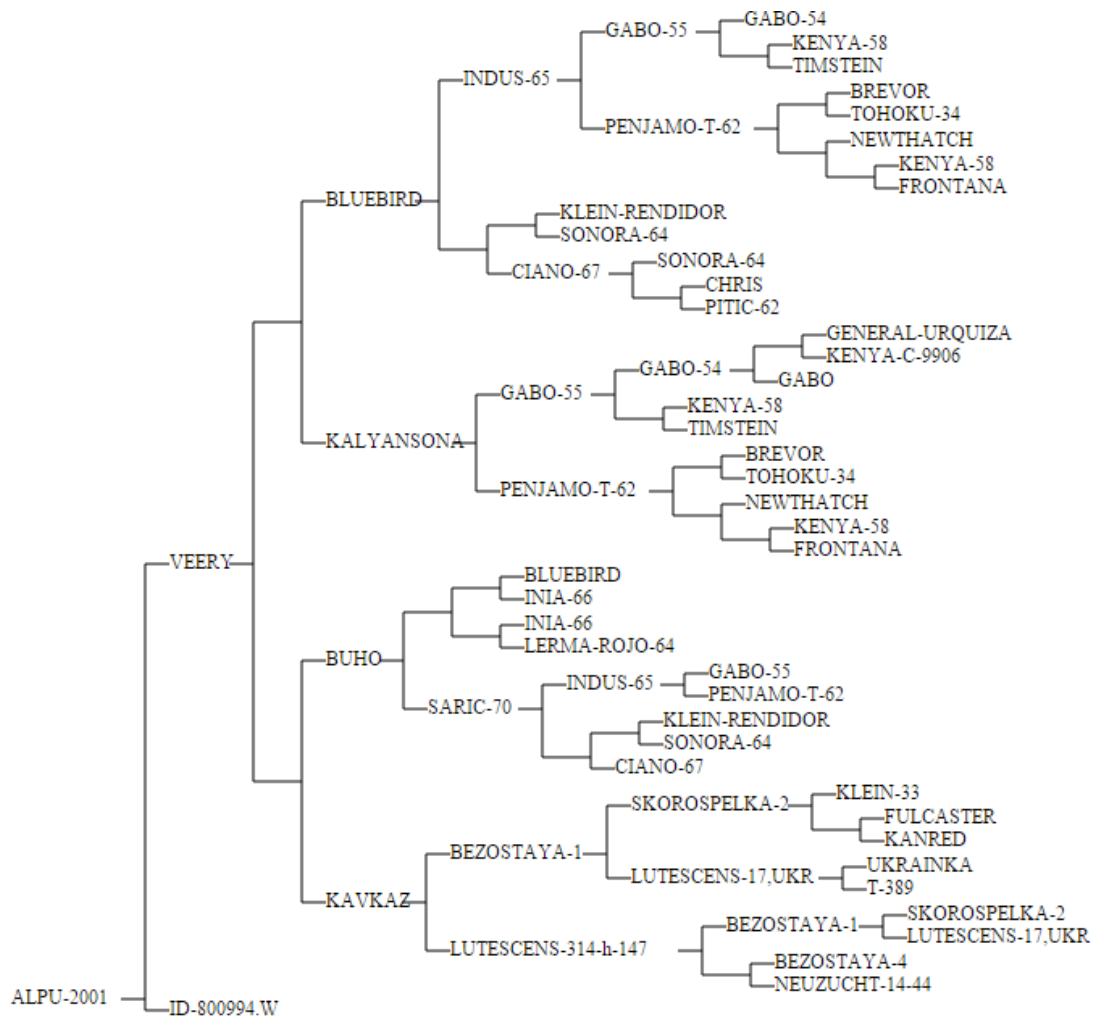
Yarım Diallel Melezler	A. O.	D/ H	G. D.	B. D.	(G-B) ² / B ²	X ²
NACİBEY-YAYLA305	45:19	D	152	139.22	1.173	3.952
		H	46	58.78	2.779	0.05-0.01
NACİBEY-SOYER02	48:16	D	212	201.75	0.521	2.083
		H	57	67.25	1.562	0.20-0.05
NACİBEY-ALTAY2000	Açılma yok	D	246	-	-	-
		H	0			
NACİBEY-M732154	Açılma yok	D	136	-	-	-
		H	0			
NACİBEY-KARAHAN99	Açılma yok	D	145	-	-	-
		H	0			
NACİBEY-MÜFİTBEY	Açılma yok	D	142	-	-	-
		H	0			
M732154-PI178383	Açılma yok	D	166	-	-	-
		H	0			
M732154-KARAHAN99	Açılma yok	D	112	-	-	-
		H	0			
M732154-ALTAY2000	Açılma yok	D	157	-	-	-
		H	0			
M732154-SULTAN95	Açılma yok	D	190	-	-	-
		H	0			
M732154-SOYER02	Açılma yok	D	180	-	-	-
		H	0			
PI178383-KARAHAN99	60:4	D	158	156.56	0.013	0.212
		H	9	10.44	0.199	0.70-0.50
PI178383-KIRAÇ66	60:4	D	149	150.94	0.025	0.399
		H	12	10.06	0.374	0.70-0.50
PI178383-ALTAY2000	Açılma yok	D	184	-	-	-
		H	0			

PI178383-SULTAN95	57:7	D	117	123.8	0.374	3.416
		H	22	15.2	3.042	0.20-0.05
PI178383-İKİZCE	45:19	D	132	125.16	0.374	1.259
		H	46	52.84	0.885	0.30-0.20
ALTAY2000-KARAHAN99	Açılma yok	D	251	-	-	-
		H	0			
ALTAY2000-İKİZCE	60:4	D	253	253.12	0.000	0.0009
		H	17	16.88	0.000	0.99-0.95
ALTAY2000-MÜFİTBEY	Açılma yok	D	217	-	-	-
		H	0			
ALTAY2000-YAYLA305	Açılma yok	D	141	-	-	-
		H	0			
ALTAY2000-KIRAÇ66	Açılma yok	D	147	-	-	-
		H	0			
ALTAY2000-SOYER02	Açılma yok	D	226	-	-	-
		H	0			
ALTAY2000-SULTAN95	57:7	D	137	138.9	0.026	0.237
		H	19	17.1	0.211	0.70-0.50
MÜFİTBEY-YAYLA305	Açılma yok	D	178	-	-	-
		H	0			
MÜFİTBEY-SULTAN95	60:4	D	282	276.56	0.107	1.712
		H	13	18.44	1.605	0.20-0.05
MÜFİTBEY-KARAHAN99	Açılma yok	D	393	-	-	-
		H	0			
MÜFİTBEY-SOYER02	Açılma yok	D	164	-	-	-
		H	0			
MÜFİTBEY-KIRAÇ66	Açılma yok	D	264	-	-	-
		H	0			
MÜFİTBEY-İKİZCE	60:4	D	296	296.25	0.000	0.003
		H	20	19.75	0.003	0.99-0.95
KARAHAN99-İKİZCE	63:1	D	245	246.1	0.005	0.315

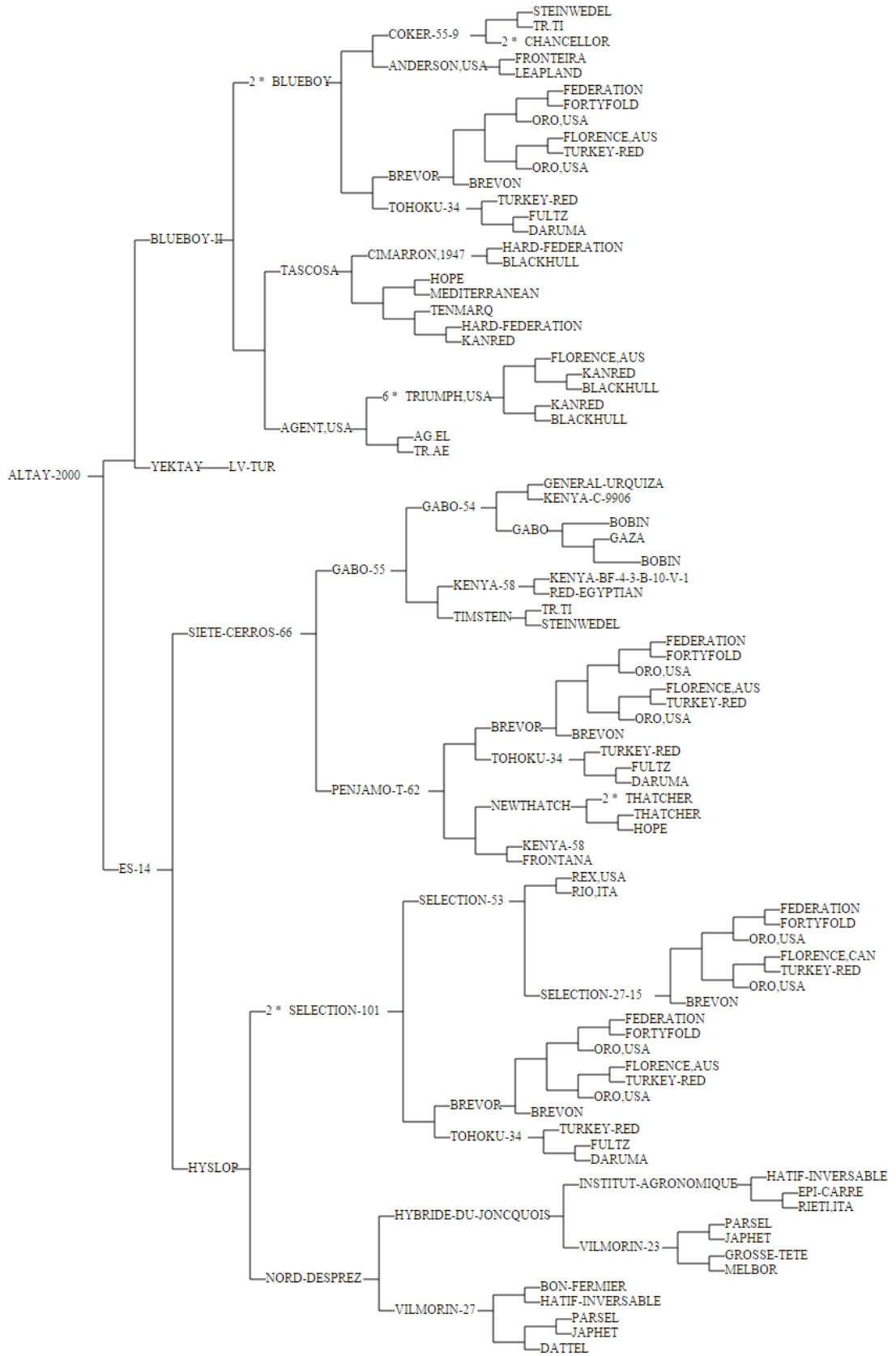
		H	5	3.9	0.310	0.70-0.50
KARAHAN99-KIRAÇ66	Açılma yok	D	162	-	-	-
		H	0			
KARAHAN99-SOYER02	63:1	D	213	215.58	0.031	1.977
		H	6	3.42	1.946	0.20-0.05
YAYLA305-KARAHAN 99	Açılma yok	D	86	-	-	-
		H	0			
KARAHAN99-SULTAN95	Açılma yok	D	188	-	-	-
		H	0			
SULTAN95-YAYLA305	Açılma yok	D	210	-	-	-
		H	0			
SULTAN95-KIRAÇ66	Açılma yok	D	158	-	-	-
		H	0			
SULTAN95-SOYER02	Açılma yok	D	125	-	-	-
		H	0			
SULTAN95-İKİZCE	Açılma yok	D	183	-	-	-
		H	0			
YAYLA305-İKİZCE	Açılma yok	D	227	-	-	-
		H	0			
İKİZCE-SOYER02	Açılma yok	D	160	-	-	-
		H	0			
İKİZCE-KIRAÇ66	Açılma yok	D	144	-	-	-
		H	0			
KIRAÇ66-YAYLA305	Açılma yok	D	78	-	-	-
		H	0			
KIRAÇ66-SOYER02	Açılma yok	D	160	-	-	-
		H	0			
YAYLA305-SOYER02	Açılma yok	D	210	-	-	-
		H	0			

A.O.:Açılım Oranı, D: Dayanıklı, H: Hassas, G: Gözlenen değer, B: Beklenen değer, X^2 : Ki-kare değeri

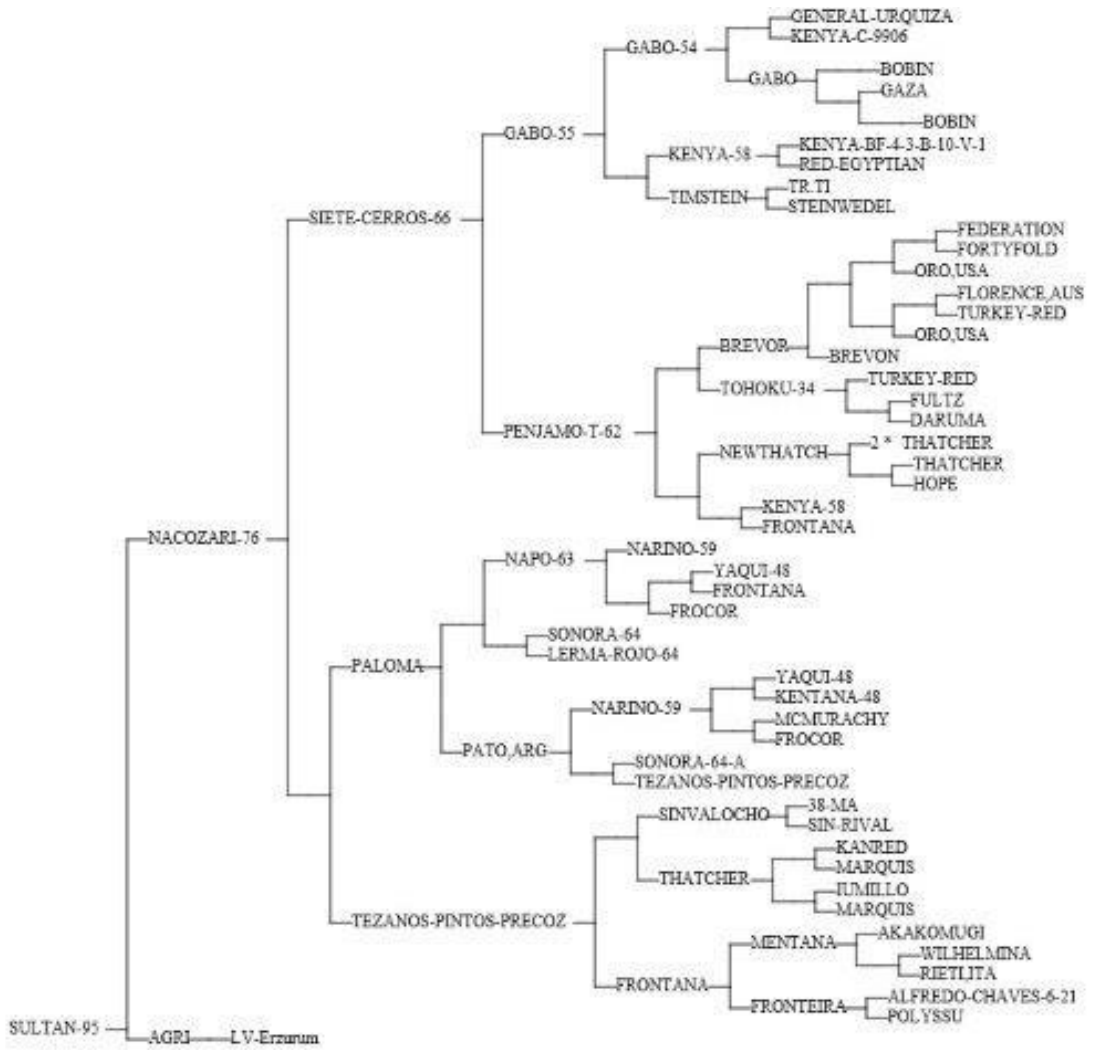
EK-4: Alpu 01 pedigri.



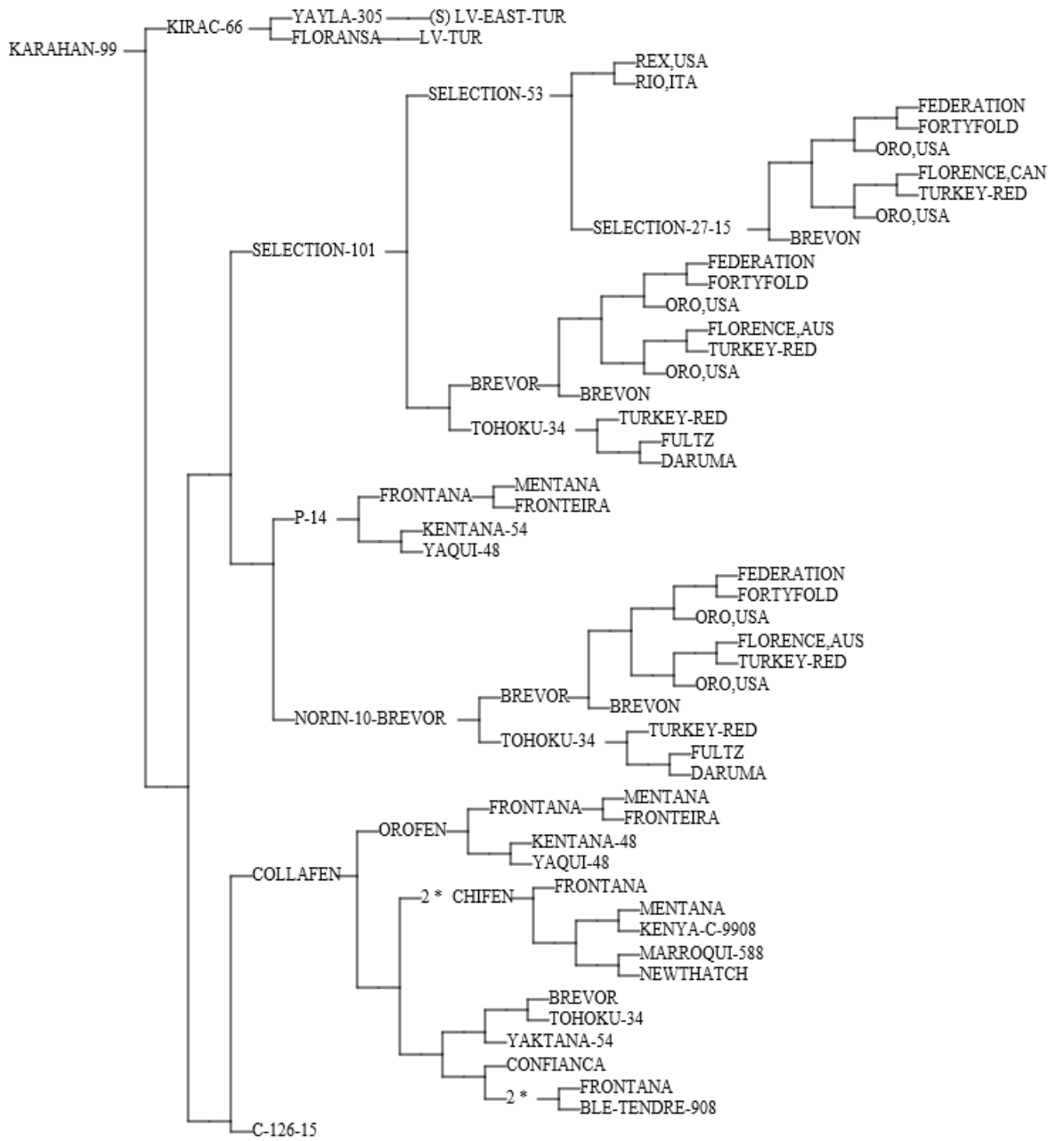
EK-5: Altay 2000 pedigree.



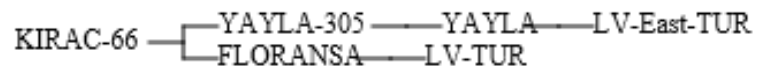
EK-6: Sultan 95 pedigri.



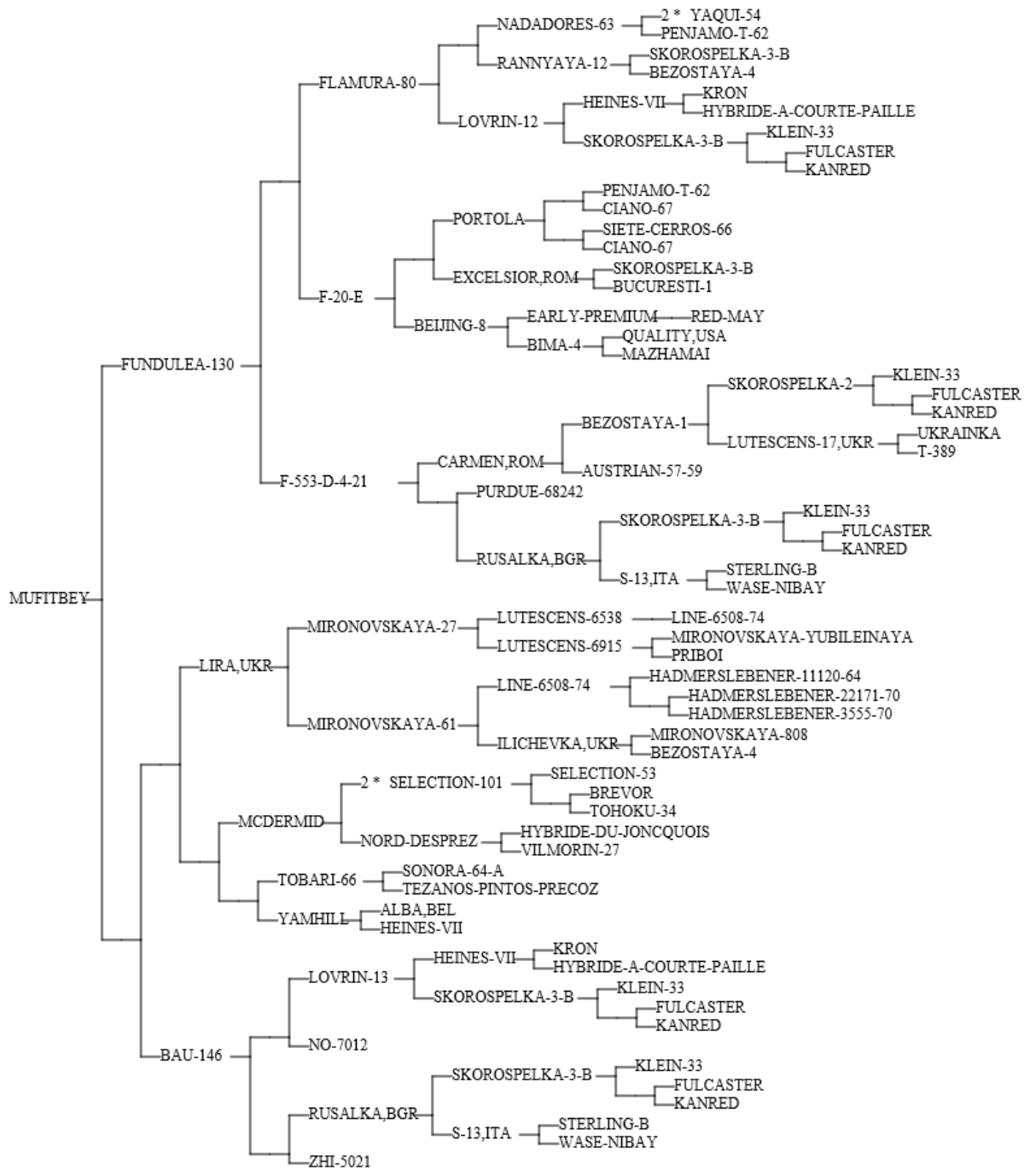
EK-8: Karahan 99 pedigri.



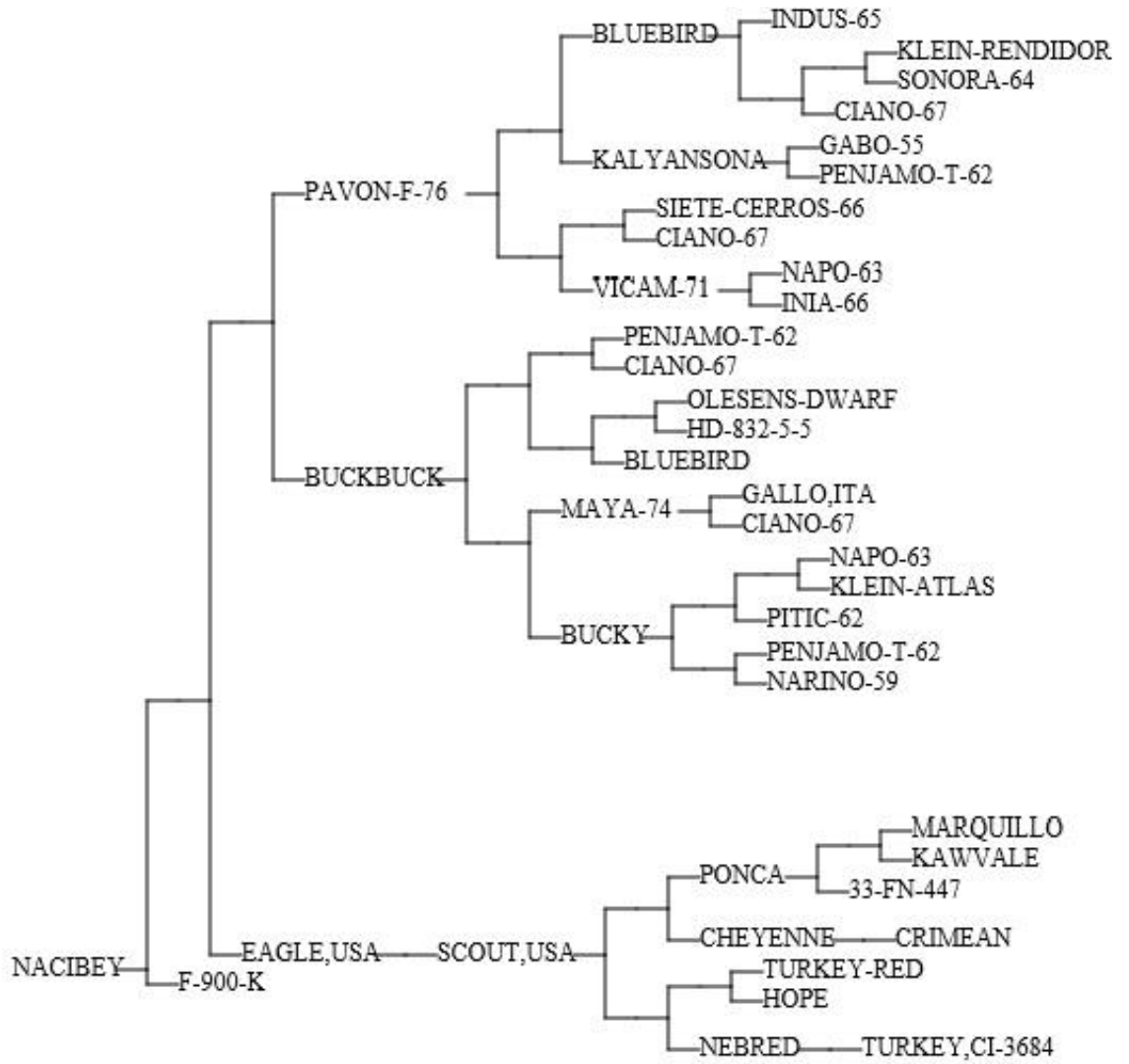
EK-9: Kıraç 66 pedigri.



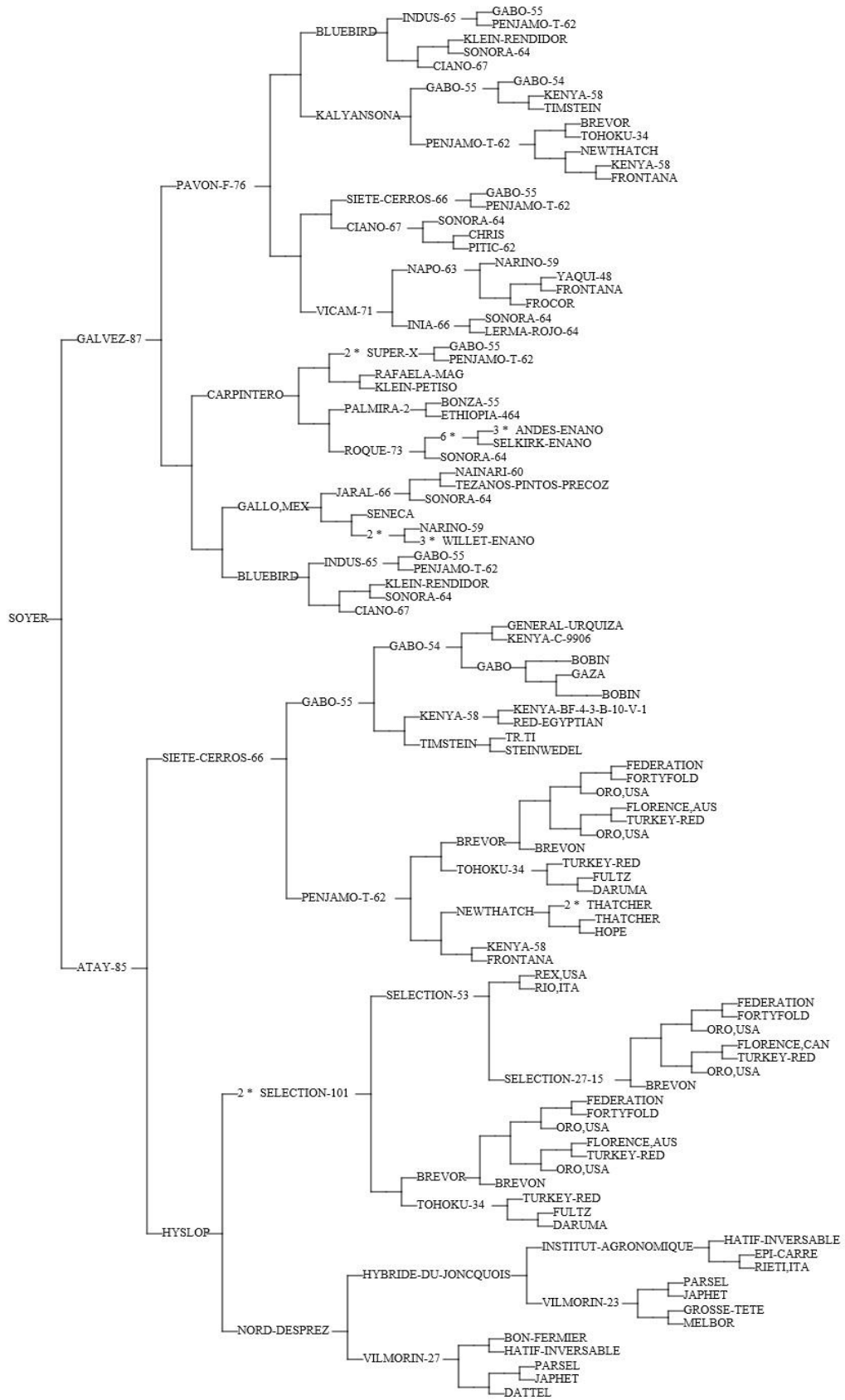
EK-10: Müfitbey pedigri.



EK-11: Nacibey pedigri.



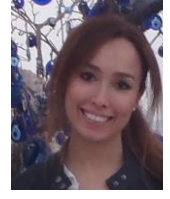
EK-12: Soyer 02 pedigree.



ÖZGEÇMİŞ

Kişisel Bilgiler

Adı Soyadı : Gülçin AKGÖREN PALABIYIK
Doğum Yeri ve Tarihi : ESKİŞEHİR 11.08.1985



Eğitim Durumu

Lisans Öğrenimi : OSMANGAZİ ÜNİVERSİTESİ
ZİRAAT FAKÜLTESİ-Ziraat Mühendisliği Bölümü
FEN EDEBİYAT FAKÜLTESİ- Kimya Bölümü

Bildiği Yabancı Diller : İngilizce

Bilimsel Faaliyetleri :

İş Deneyimi

Stajlar :

Projeler :

Çalıştığı Kurumlar : Bilecik Şeyh Edebali Üniversitesi- Pazaryeri Meslek
Yüksek Okulu

İletişim

Adres :

Tel :

E-Posta Adresi : gulcin.akgoren@bilecik.edu.tr

Tarih:...../...../.....