

**EGE ÜNİVERSİTESİ FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**(YÜKSEK LİSANS TEZİ)**

**BUĞDAYIN (*Triticum aestivum* L.) 7D KROMOZOMU  
ÜZERİNDE RUS BUĞDAY AFİDİ DAYANIKLILIK GENİ İLE  
İLİŞKİLİ SSR MARKÖRLERİNİN BELİRLENMESİ**

**Meltem TURĞUT**

**Tez Danışmanı: Doç. Dr. Fatma AYKUT TONK**

**Tarla Bitkileri Anabilim Dalı**

**Sunuş Tarihi: 13.09.2017**

**Bornova-İZMİR**

**2017**



Meltem TURĞUT tarafından yüksek lisans tezi olarak sunulan “Buğdayın (*Triticum aestivum* L.) 7D Kromozomu Üzerinde Rus Buğday Afidi Dayanıklılık Geni ile İlişkili SSR Markörlerinin Belirlenmesi” başlıklı bu çalışma EÜ Lisansüstü Eğitim ve Öğretim Yönetmeliği ile EÜ Fen Bilimleri Enstitüsü Eğitim ve Öğretim Yönergesi'nin ilgili hükümleri uyarınca tarafımızdan değerlendirilerek savunmaya değer bulunmuş ve 13.09.2017 tarihinde yapılan tez savunma sınavında aday oybirliği/oyçokluğu ile başarılı bulunmuştur.

**Jüri Üyeleri:**

**Jüri Başkanı : Doç. Dr. Fatma AYKUT TONK**

**Raportör Üye : Prof. Dr. Muzaffer TOSUN**

**Üye : Yrd. Doç. Dr. Hilal Betül KAYA AKKALE**

**İmza**



## EGE ÜNİVERSİTESİ FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

### ETİK KURALLARA UYGUNLUK BEYANI

E.Ü. Lisansüstü Eğitim ve Öğretim Yönetmeliğinin ilgili hükümleri uyarınca Yüksek Lisans Tezi olarak sunduğum “**Buğdayın (*Triticum aestivum L.*)7D Kromozomu Üzerinde Rus Buğday Afidi Dayanıklılık Geni ile İlişkili SSR Markörlerinin Belirlenmesi**” başlıklı bu tezin kendi çalışmam olduğunu, sunduğum tüm sonuç, doküman, bilgi ve belgeleri bizzat ve bu tez çalışması kapsamında elde ettiğimi, bu tez çalışmasıyla elde edilmeyen bütün bilgi ve yorumlara atıf yaptığımı ve bunları kaynaklar listesinde usulüne uygun olarak verdiğimi, tez çalışması ve yazımı sırasında patent ve telif haklarını ihlal edici bir davranışımın olmadığını, bu tezin herhangi bir bölümünü bu üniversite veya diğer bir üniversitede başka bir tez çalışması içinde sunmadığımı, bu tezin planlanmasından yazımına kadar bütün safhalarda bilimsel etik kurallarına uygun olarak davrandığımı ve aksinin ortaya çıkması durumunda her türlü yasal sonucu kabul edeceğimi beyan ederim.

13 / 09 / 2017

Meltem TURĞUT



**ÖZET****BUĞDAYIN (*Triticum aestivum L.*) 7D KROMOZOMU  
ÜZERİNDE RUS BUĞDAY AFİDİ DAYANIKLILIK GENİ İLE  
İLİŞKİLİ SSR MARKÖRLERİNİN BELİRLENMESİ**

TURĞUT, MELTEM

Yüksek Lisans Tezi, Tarla Bitkileri

Tez Danışmanı: Doç. Dr. Fatma AYKUT TONK

Eylül 2017, 120 sayfa

Rus Buğday Afidi *Diuraphis noxia* (Kurdjumov) (Homoptera: Aphididae) dünyada tüm buğday ekili alanlarda büyük ekonomik kayba sebep olan afit türlerinin en başında gelmektedir. Zararlı, buğday bitkisinde yaprak kıvrılmasına neden olmasıyla kimyasal mücadeleyi de zor bir hale getirmektedir. Bu nedenle de afide karşı dayanıklı çeşit kullanımı, dayanıklılık ıslahı çalışmaların ana konusunu oluşturmaktadır.

Daha önce yapılan iki çalışma sonucunda Rus buğday afidine dayanıklılık sağlayan genin buğdayın 7D kromozomunun kısa kolunda lokalize olduğu belirlenmiştir. Çalışmada dayanıklı olarak belirlenen ICARDA kökenli 15 nolu hat ile hassas olarak saptanan Basribey çeşidi ebeveyn olarak yer almıştır. Bu iki genotip arasında yapılan melezlemeden elde edilen ve 190 bireyden oluşan F<sub>2</sub> generasyonu QTL analizinde haritalama popülasyonu olarak kullanılmıştır. Çalışmada dayanıklılık genine daha yakın markör veya markörleri belirlemek amacıyla 7D kromozomu üzerinde lokalize olmuş ve ebeveynlerde polimorfik sonuç veren 11 adet SSR primeri kullanılmıştır. Elde edilen bant desenleri QTL analizlerinde fenotipik gözlemler olan kloroz, yaprak kıvrılması ve afit yoğunluğu değerleriyle ilişkilendirilmiştir. Yapılan analizler sonucu, dayanıklılık geninin yakın bir bölgesinde bir SSR markörü (GWM121) haritalanmıştır. GWM121 markörü dayanıklılık geninin hemen üst kısmında genden 19.9 cM uzaklıkta haritalanmış ve afidin bitkide oluşturduğu kıvrılma özelliğindeki fenotipik varyasyonu %7.1 oranında açıklamıştır.

İncelenen popülasyonda dayanıklılık genine en yakın markör olan CFD14'den sonra gene en yakın markör GWM121 olarak saptanmıştır. Bundan sonraki yapılacak Rus buğday afidi dayanıklılık ıslahı çalışmalarında bu markörlerin kullanılmasıyla ıslah sürecinin kısılması ve seleksiyon etkinliğinin artması beklenmektedir.

**Anahtar Sözcükler:** Ekmeklik buğday, Rus Buğday Afidi, *Diuraphis noxia*, QTL, dayanıklılık,, SSR





**ABSTRACT****DETERMINATION OF SSR MARKERS RELATED TO RUSSIAN WHEAT APHID RESISTANCE GENE ON CHROMOSOME 7D OF WHEAT (*Triticum aestivum* L.)**

TURGUT, Meltem

MSc in Thesis, Department of Field Crops

Supervisor: Assoc. Prof. Dr. Fatma AYKUT TONK

September 2017, 120 pages

Russian Wheat Aphid *Diuraphis noxia* (Kurdjumov) (Homoptera: Aphididae) is the most important of all aphid species that cause economic losses in wheat cultivated areas in all over the world. The pest causes leaf rolling in wheat plant and this makes chemical control difficult. Therefore using the aphid resistant cultivars is the main subject of resistance breeding studies.

Two previous studies have shown that the gene which provides resistance to Russian Wheat Aphid (RWA) is located on the short arm of wheat chromosome 7D. RWA resistant genotypes the line 15 from ICARDA and the susceptible variety Basribey were used as parents in this study. The F<sub>2</sub> generation that includes 190 individuals obtained from the cross between two genotypes were used as mapping population for QTL (Quantitative Trait Loci) analysis. In the study, 11 SSR primers localized on chromosome 7D and polymorphic between the parents were used to identify markers or markers closer to the resistance gene. Obtained DNA banding patterns were correlated to the phenotypic characteristics chlorosis, leaf rolling and aphid density.

In consequence of the analysis, an SSR marker (GWM121) was mapped on close location of resistance gene. Marker GWM121 was mapped immediately above the resistance gene at a distance of 19.9 cM and explained 7.1% phenotypic variation of leaf rolling. As a result of this study, the GWM121 is the most closer marker to the resistance gene after CFD14 in the this population. It is expected that the use of these markers will shorten the breeding process and increase the efficiency of selection in resistance the Russian wheat aphid in breeding program.

**Anahtar Sözcükler:** Bread wheat, Russian wheat aphid, *Diuraphis noxia*, QTL, Resistance, SSR



## TEŐEKKÜR

Yüksek lisans tezimin konusunu belirleyen, moleküler çalışmalarım boyunca bütün bilgilerini benimle paylaşan, bilgi ve tavsiyelerinden faydalandığım, ayrıca tez yazımında benden desteğini asla esirgemeyen danışman hocam Sayın Doç, Dr. Fatma AYKUT TONK'a teşekkürlerimi sunarım.

Çalışma aşamasında deneyim ve bilgilerimi benden esirgemeyen Sayın Prof. Dr. Muzaffer TOSUN'a, moleküler laboratuvar çalışmalarımdayanımdaya olan Arş. Gör. Deniz İŐTİPLİLER'e, ayrıca moleküler analiz çalışmalarında yardımını esirgemeyen Dr. Hülya YILMAZ TEMEL'e teşekkür ederim.

Moleküler laboratuvardaya benden yardım ve desteğini esirgemeyen arkadaşlarım Yüksek Biyolog Gizem ÇİVİ'ye ve Ceren ER'e, tez yazımında ve çalışmalarda desteğini hiçbir zaman esirgemeyen Zir. Yük. Müh. Uğur ÇAKALOĞULLARI'na teşekkür ederim. Ayrıca tez yazımı boyunca yardım ve desteklerini esirgemeyen İZLADAŐ Őirketi çalışma arkadaşlarıma teşekkür ederim.

Hayatımda olduđu gibi yüksek lisans eğitimimde her zaman yanımda olan maddi ve manevi desteğini esirgemeyen ailem; annem Semra TURĐUT'a, babam Halil TURĐUT'a, ablam Nihan TURĐUT'a ve niőanlım Sercan EVİRGEN'e sonsuz teşekkür ederim.

Ayrıca 15-ZRF-050 nolu projenin yürütülmesine maddi olarak sađlayan Ege Üniversitesi Bilimsel AraŐtırma Projeleri birimine teşekkür ederim.



**İÇİNDEKİLER**Sayfa

ÖZET .....	vii
ABSTRACT .....	ix
TEŞEKKÜR .....	xi
ŞEKİLLER DİZİNİ .....	xvi
ÇİZELGELER DİZİNİ .....	xix
SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ .....	xxi
1.GİRİŞ .....	1
2.ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR .....	5
2.1.Buğday ( <i>Triticum aestivum L.</i> ) .....	5
2.2.Rus Buğday Afidi (Russian Wheat Aphid).....	5
2.2.1.Diuraphis noxia (Kurdjumov)'nın Sistematikteki Yeri .....	5
2.2.2.Rus Buğday Afidi Biyolojisi ve Ekolojisi .....	6
2.2.3. Yayılış Alanları.....	7
2.2.4.Zararları .....	8
2.2.5.Rus Buğday Afidi Dağılışı ve Önemi .....	10
2.2.6.Rus Buğday Afidinde Dayanıklılık Çalışmaları .....	11
2.3.Moleküler Markörler .....	12

2.3.1.SSR (Mikrosatellit) Markörleri.....	17
3. MATERYAL VE YÖNTEM.....	23
3.1. Bitki Materyali.....	23
3.2. Böcek Materyali.....	23
3.3. Yöntem .....	23
3.3.1.DNA Analizleri.....	23
3.3.2.DNA İzolasyonu .....	23
3.3.3.DNA Miktar Tayini .....	26
3.3.4.PCR İşlemi (Polimeraz Zincir Reaksiyonu) .....	26
3.3.5.Poliakrilamid Jel Elektrofezi .....	30
3.3.6.Poliakrilamid Jelin Boyanması ve Görüntülenmesi.....	31
3.3.7.Bantların Değerlendirilmesi.....	32
4. ARAŞTIRMA BULGULARI.....	34
4.1. Kloroz özelliği ile ilgili QTL analizi sonuçları.....	46
4.2. Kıvrılma özelliği ile ilgili QTL analizi sonuçları .....	46
4.3. Afid yoğunluğu özelliği ile ilgili QTL analizi sonuçları .....	47
5. SONUÇ VE TARTIŞMA .....	48

xv  
**İÇİNDEKİLER (devam)**

Sayfa

KAYNAKLAR DİZİNİ.....54

ÖZGEÇMİŞ.....65

EKLER



## ŞEKİLLER DİZİNİ

<u>Şekil</u>	<u>Sayfa</u>
1.1	Buğday üretiminin dünyadaki dağılımı ..... 1
2.1	<i>Diuraphis noxia</i> ..... 6
2.2	Rus buğday afidi araştırma noktaları, populasyon yoğunlukları ve skala değerleri ..... 8
2.3	<i>Diuraphis noxia</i> (Kurdjumov) beslenmesi sonucu (a)yaprak kenarlarının kıvrılması (b)yapraklarda oluşan boyuna çizgiler ..... 9
2.4	<i>Diuraphis noxia</i> (Kurdjumov) zararı dolayısıyla (a)bayrak yapraktan çıkmamış başak (b)buğday yaprağında <i>D. noxia</i> (Kurdjumov) kolonisi ..... 9
2.5	Dünya’da Rus buğday afidi ile bulaşık alanlar ..... 10
2.6	Türkiye’deki Rus buğday afidi dağılımı ..... 11
2.7	Kodominant ve dominant DNA markörleri ..... 16
2.8	Dominant ve kodominant markörlerin karşılaştırılması ..... 16
2.9	SSR markörlerin şematik gösterimi ..... 17
3.1	Sıvı azotta ezilmiş yaprak örneği ..... 24
3.2	İnkübasyon ..... 25
3.3	Santrifüjden sonra iki fazlı görünüm ..... 25
3.4	Bio-Rad T100 Thermal Cycler ..... 28
3.5	Eppendorf Master Cycler Gradient ..... 28



**ŞEKİLLER DİZİNİ (devam)**

<u>Şekil</u>	<u>Sayfa</u>
3.6 Jel yükleme görüntüsü .....	30
3.7 50 bp'lik DNA ladder (NEB 3236).....	31
3.8 Jellerin boyanması. ....	32
3.9 BIO- VISION 1000 ile görüntüleme.....	32
4.1 Farklı SSR primerlerinin Basribey ve 15 nolu hat ebeveynlerinde sonuçları (B: Basribey, 15: 15 nolu hat, M: Markör) .....	34
4.2 GWM121 primerinin F <sub>2</sub> popülasyonunun ilk 21 bireyindeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 1-21 F <sub>2</sub> bireyleri, M: Markör). ....	35
4.3 GWM121 primerinin F <sub>2</sub> popülasyonunun 22-42 numaralı bireylerdeki sonuçları(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 22-42 F <sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).....	35
4.4 GWM121 primerinin F <sub>2</sub> popülasyonunun 43-63 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 43-63 F <sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).....	35
4.5 GWM121 primerinin F <sub>2</sub> popülasyonunun 64-84 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 64-84 F <sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).....	36
4.6 GWM121 primerinin F <sub>2</sub> popülasyonunun 85-105 numaralı bireylerdeki sonuçları (B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 85-105 F <sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).....	36
4.7 GWM121 primerinin F <sub>2</sub> popülasyonunun 106-126 numaralı bireylerdeki sonuçları(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 106-126 F <sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).....	36

**ŞEKİLLER DİZİNİ (devam)**

<u>Şekil</u>	<u>Sayfa</u>
48 GWM121 primerinin F <sub>2</sub> populasyonunun 127-147 numaralı bireylerdeki sonuçları(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 127-147 F <sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).....	37
49 GWM121 primerinin F <sub>2</sub> populasyonunun 148-168 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 148-168 F <sub>2</sub> bireyleri, M: Markör) .....	37
4.10 GWM121 primerinin F <sub>2</sub> populasyonunun 169-190 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 169-190 F <sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).....	37
4.11 Basribey x 15 nolu hat F <sub>2</sub> populasyonunda elde edilen linkage haritası.....	45

**ÇİZELGELER DİZİNİ**

<u>Çizelge</u>	<u>Sayfa</u>
2.1 <i>Diuraphis noxia</i> (Kurdjumov)'nın farklı biyotiplerince kırılan genler.....	12
2.2 DNA markörlerinin karşılaştırılması .....	15
3.1 DNA izolasyon tamponu (Doyle & Doyle) .....	24
3.2 PCR işleminde kullanılan 1.PCR protokolü .....	26
3.3 PCR protokolünde kullanılan 1.PCR programı (touchdown) .....	27
3.4 PCR işleminde kullanılan 2.PCR protokolü .....	27
3.5 PCR protokolünde kullanılan 2.PCR programı (touchdown) .....	27
3.6 Projede kullanılan buğday genomuna ait SSR primerleri, baz dizilişleri ve kromozom lokasyonları .....	29
3.7 %8' lik poliakrimalid jel .....	30
4.1 GWM121 markörünün 190 bireydeki bant sonuçları .....	38
4.2 Basribey x 15 nolu hat melezlemesinin F <sub>3</sub> ailelerinde QTL fenotipleme sonuçları .....	40
4.3 Rus buğday afidinde yaprak klorozu ve yaprak kıvrılması fenotipik açılma oranları .....	42
4.4 QTL analizinde kullanılan SSR primerleri ve kromozom lokasyonları.....	43

**ÇİZELGELER DİZİNİ (devam)**ÇizelgeSayfa

4.5	F <sub>2</sub> populasyonunda elde edilen linkage haritasının özellikleri .....	46
4.6	Kloroz özelliğine ait markör regresyon analizi sonuçları .....	46
4.7	Kıvrılma özelliğine ait markör regresyon analizi sonuçları.....	47
4.8	Afid yoğunluğu özelliğine ait markör regresyon analizi sonuçları.....	47



**SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ****Simgeler** **Açıklama** \_\_\_\_\_

°C Santigrat derece

% Yüzde

 $\chi^2$  Varyans $\mu$ l Mikrolitre

mM Milimolar

ng Nanogram

 $\mu$ M Mikromolar

cM Santimorgan

 $\mu$ g Mikrogram

ml Mililitre

**Kısaltmalar**

bp Base pair

bç Baz çifti

CIMMYT Uluslar arası Mısır ve Buğday Geliştirme Merkezi

ETAE Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü

TAGEM Tarımsal Araştırmalar ve Politikalar Genel Müdürlüğü

CIMMYT Uluslar arası Mısır ve Buğday Geliştirme Merkezi

Kısaltmalar (devam)

ICARDA	Uluslar arası Kurak Alanlarda Tarımsal Araştırma Merkezi
FAO	Gıda ve Tarım Örgütü
ABD	Amerika Birleşik Devletleri
QTL	Quantitative Trait Locus (Kantitatif özellik lokus)
LOD	Logarithm (base10) of odds
RIL	Rekombinant kendilenmiş hat
NILs	Near Isogenic Lines
PCR	Polymerase Chain Reaction
GM	Geri Melez
LG	Linkage grubu
BSA	Bulk Segregant Analizi
RFLP	Restriction Fragment Length Polymerase
RAPD	Random Amplified Polymerase
AFLP	Amplified Fragment Length Polymerase
SSR	Simple Sequence Repeats
SNP	Single Nucleotide Polymerase
STS	Sequence-Tagged Sites



## 1. GİRİŞ

Buğday (*Triticum spp.*), dünyanın pek çok yerinde üretimi yapılan tek yıllık serin iklim tahılıdır. Dünyada ve yurdumuzda en çok üretim payına sahip tarım ürünüdür. 8000 yıldır Avrupa, Batı Asya ve Kuzey Afrika'da temel besin kaynağı olarak kullanılmaktadır (Curtis, 2002). Buğday; günümüzde tüm tarım ürünleri içerisinde en yaygın yetiştirilme sahasına sahip ve yaklaşık olarak 40 ülkenin besin kaynağı durumundadır (Kendall et al., 2012) (Şekil 1.1).



Şekil 1.1 Buğday Üretiminin Dünyadaki Dağılımı (Lawlor and Mitchell, 2000)

Buğday tarımsal üretim farklılığı bakımından oldukça zengin olan ülkemizde de en önemli tahıl grubudur ve üretiminin yaklaşık %60'ını oluşturmaktadır. Ülkemizde ortalama 8.3 milyon hektar buğday ekim sahası bulunmakta ve yaklaşık 20.1 milyon ton buğday üretimi yapılmaktadır. Türkiye buğday randıman açısından hektarda 2.48 ton'luk verimi ile Avrupa Birliği, Çin, Amerika Birleşik Devletleri ve Kanada'dan sonra beşinci sıradadır. Türkiye, FAO bilgilerine göre buğday üretim miktarına göre dünyada onuncu sırada bulunmaktadır (Anonymus, 2010, 2011b, 2012b).

Ülkemizde yetiştirilen buğdayın 18.1 milyon tonu tüketilmekte olup, 3.2 milyon tonuyla ihracat yapılmaktadır. Ülkemizde kullanımında; 15.7 milyon tonu tüketimde, 1.4 milyon tonu da tohumluk olarak, 0.4 milyonu yemlik olarak ve 0.5 milyon tonluk bölümü ise farklı sebeplerden dolayı kayıpları oluşturmaktadır (Anonymus, 2010, 2012a ve b). Buğdayın gen kaynağı Orta Anadolu, Batı İran ve Kafkasya kabul edilmektedir.



Dünyada buğday üretiminde çok fazla hastalık ve zararlı probleme neden olmaktadır. Ülkemizde buğdayın kalitesini ve üretim miktarını kötü yönde etkileyen zararlılar süne [*Eurygaster* spp. Put. (Hemiptera; Scutelleridae)], kımıl [*Aelias* pp. Boh. (Hemiptera; Pentatomidae)], yaprak bitleri [*Schizaphis graminum* (Rondani) (Hemiptera; Aphididae); *Metopolophium dirhodum* (Walker) (Hemiptera; Aphididae); *Rhopalosip humpadi* L. (Hemiptera; Aphididae); *Sitobion avenae* Fab. (Hemiptera; Aphididae)], Rus Buğday afidi [*Diuraphis noxia* Kurdj. (Hemiptera; Aphididae)], tripsler [*Haplothrips tritici* Kurdj. (Thysanoptera; Phlaeothripidae); *Haplothrip saculeatus* Fabricius (Thysanoptera; Phlaeothripidae)], Buğday galnematodu [*Anguina tritici* (Steinbuch) (Tylenchida; Anguinidae)], Ekin sap arısı [*Cephus pygmeus* L. (Hymenoptera; Cephidae)], kambur böceği [*Zabrus tenebrioides* Goeze (Coleoptera; Carabidae)], Buğday kesik sineği [*Mayetiola destructor* Say. (Diptera; Cecidomyiidae)] ve Hububat hortumlu böceği [*Pachytychius hordei* Brulle (Coleoptera; Curculionidae)]'dir (Anonymous, 2011a; Lodos, 1981, 1986, 1989).

Bu zararlılardan olan afitler buğday üretimi alanında oluşturdukları zararlar dolayısıyla önemli bir yere sahiptir. Afitlerin özellikle bitkinin özsuyunu emmesiyle şekil bozukluğu ve viral hastalıkları sağlıklı bitkilere taşımasıyla zararlarını daha da önemli hale getirmektedir. Bu zararlılardan olan afitler buğday üretimi alanında oluşturdukları zararlar dolayısıyla önemli bir yere sahiptir. *Diuraphis noxia*'nın zarar oranı yıllara göre değişmektedir. Bu değişim bulaşma zamanı, zararlının beslenme döneminin uzunluğu ve bitkinin gelişme periyoduna bağlıdır. Afitlerin özellikle bitkinin özsuyunu emmesiyle şekil bozukluğu ve viral hastalıkları sağlıklı bitkilere taşımasıyla zararlarını daha da önemli hale getirmektedir. Dünyadaki çoğu buğday üretim alanlarında etkili olan afitler içerisinde Rus buğday afidi (*Diuraphis noxia*)'nin, bitkide görülen tipik zararları ise yaprak kenarlarının kıvrılması, yaprakta boyuna çizgilerin oluşmasıdır. Yapraklarındaki kıvrılmalar nedeniyle kimyasal mücadelesini imkânsızlaştırmaktadır. Zararlının buğday veriminde neden olduğu kayba ek olarak mücadelesinde kullanılan insektisit maliyetiyle birlikte A.B.D.'de 1 milyar dolarının üzerinde ekonomik zarara neden olduğu saptanmıştır. Zararlının özellikle geç ekilen buğday alanlarında başaklanmayı önemli ölçüde etkilediği gözlenmiştir. Bu zararlı ile mücadelede en önemli seçenek olarak görülen dayanıklı çeşit kullanımı tüm dünyada yapılan çalışmaların ana konusunu oluşturmaktadır.

Son senelerde moleküler markörler hayvan ve bitki sistemleri üzerinde uygulamalı olarak çalışılmaktadır. Moleküler markörlerin en yaygın kullanım alanları ise bitki, hayvan, insan ve ekmeklik buğdayda detaylı bir şekilde genetik ve fiziksel haritalarının oluşturulması şeklindedir. Bitki sistemlerindeki uygulama alanları ise belirlenmek istenen özelliğe bağlı markörlerden faydalanılarak indirekt seleksiyon yapmak ve konvensiyonel bitki ıslahının kullanımını arttırmaktır (Gupta et al.,1999).

Moleküler markörlerler; diğer sistemlere göre daha güvenilir olması, bitkinin gelişimdeki her evrede kullanılabilir olması, çevreden etkilenmemesi ve geniş bir varyasyon göstermesiyle son yıllarda yaygın olarak kullanılmaktadır. Moleküler markörlerler farklı genotiplere ait DNA nükleik asit diziliş farklılığını da farklı şekillerde ortaya koymaktadır. Ayrıca bu markör belirleyicilerinin DNA polimorfizmi klasik morfolojik veya biyokimyasal markörlerlerden daha fazladır (Özcan ve ark., 2001 ).

Alışılmış ıslah çalışmaları çok fazla emek ve zaman gerektirmektedir. Son senelerde bilhassa moleküler yöntemlerdeki gelişmeler kısa zamanda güvenilir sonuç veren, az materyalle hızlı bir şekilde sonuç vermesine imkan sağlayan ıslah çalışmalarını ve araştırmalarının gündeme gelmesini sağlamıştır (Jones et al., 1997; Hakkı, 2000; Kırçalıoğlu, 1997; Köksel ve ark., 1993).

Moleküler markörlerin ortaya çıkması ve onlardan meydana getirilen gen haritaları, kantitatif özelliklerin genetik kontrolüne ve onun parçalara ayrılmasına imkan sağlamıştır. Analize uygun populasyonun kullanılması ve QTL analizi yönteminin uygulanmasıyla kromozom üstündeki ilgili genlerin yerleri belirlenebilir, etkisinin büyüklüğü tahmin edilebilir ve gen etkisini dominant ya da eklemeli olup olmadığına bakılabilir (Bryne, 2005).

Buğdayda çok sayıda hastalık ve zararlılara dayanıklılık büyük genler tarafından kontrol edildiğinden buğday moleküler çalışmaları bu tür genlerde yoğunlaştırılmıştır (Hoisington et al.,2002). QTL analizleri, bakılacak özellik açısından zıt verileri içeren bireylerin melezlenmesi sonucunda, en az 100-300 bireyden meydana gelen F<sub>2</sub>, geriye melez, çift haploid veya RIL (Rekombinant kendilenmiş hat) populasyonlarının hazırlanmasını içerir. QTL analizleri, teksel bitkilerde incelenen fenotipik ölçüm ya da gözlemlerle DNA örneklerinin alınması ve markör değerlendirme yapılması ve QTL'lerin saptanmasıdır (Tosun ve ark., 2007).

Monomorfik markörler, genotipler arası farklılık göstermemektedir. Farklı veya aynı türlerin bireyleri arasında farklılık gösteren markörler ise polimorfik markörler olarak adlandırılır. Polimorfik markörler farklılıkları belirlediği için daha yararlıdır. Bu markörler polimeraz zincir reaksiyonuna bağlı olmayanlar (RFLP) ve bağlı olanlar (RAPD, AFLP, SSR) olarak gruplandırılır (Staub et al., 1996 ; Ridout and Donini 1999).

Bu markörler buğdayda hastalığın olduğu çevrede dayanıklılık genleri için indirekt seleksiyon uygulamasında ve dayanıklılık genlerinin piramitleştirilmesinde önemli bir araçtır (Röder et al., 1998b; Gupta et al., 1999).

Ülkemizde ise bu tip çalışmalara daha önce yer verilmediği görülmüştür. 2010 yılında Turanlı ve ark., (2014)'nın "Rus Buğday Afidi'ne Dayanıklı Buğday Çeşitlerimizin ve Dayanıklılık Mekanizmalarının Saptanması" isimli bir projeye bu konuda en kapsamlı çalışmalardan birisini tamamlamışlardır. Yapılan bu çalışmayla; Rus buğday afidine karşı dayanıklılık durumlarının incelenmesi, ülkemizde bulunan buğday çeşitlerinde hangi dayanıklılık genlerine sahip olduğunun belirlenmesi, dayanıklılık genlerinin hassas çeşitlerimize geri melezlemeyle aktarılması, dayanıklı olduğu ortaya çıkan çeşitlerle hassas olarak belirlenen çeşitler arasında F<sub>2</sub> ve F<sub>3</sub> populasyonları oluşturularak QTL analizinin yapılması ve uygun moleküler markörlerin ortaya konması ve yapılan testlere göre *D. Noxia*'ya en dayanıklı ve hassas iki çeşidin bazı biyokimyasal ve fizyolojik özelliklerinin karşılaştırılması amaçlanmıştır. Yapılan proje sonucunda; ülkemizde ve bölgemizde farklı kaynaklardan dayanıklı genotipler belirlenmiş ve bu belirlenen dayanıklılık genlerinin yerel çeşitlerimize geri melezleme yöntemiyle aktarılmaya başlamıştır (Turanlı ve ark., 2014). Ayrıca dayanıklılık sağlayan genin 7DS kromozomu üzerinde yer aldığı saptanmış ve buna ek olarak yapılan ek bir çalışmayla da bu gene en yakın SSR markörlerinin (GWM44, CFD14, CFD46, BARC126) olduğu saptanmıştır (Tonk et al., 2016).

Bu çalışmanın amacı ise yukarıda açıklanan proje sonucunda Rus buğday afidine dayanıklılık sağlayan genin bulunduğu 7DS kromozomu üzerinde söz konusu dayanıklılık genine daha yakın SSR markörlerini belirlemektir. Bu amaçla projede kullanılan haritalama populasyonundan yararlanılarak buğdayın 7D kromozomunun kısa kolunda lokalize olmuş SSR markörleri ile Rus buğday afidi dayanıklılık geni arasındaki ilişkiler incelenmiştir.

## 2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

### 2.1. Buğday (*Triticum aestivum* L.)

Buğday (*Triticum spp.*) buğdaygiller (Poaceae) familyasına ait bir bitkidir. Dünyada ve yurdumuzda en çok üretimi yapılan tahıl bitkisidir. İlk toplanan çeşitleri *Triticum monoccum* veya *T. diococum*'dur (Quisenberry and Reitz, 1967).

Buğday insan beslenmesinde hiç kuşkusuz ilk sırada yer almaktadır. Bu yüzden de dünyadaki açlık probleminin çözüm temelinde buğday bitkisi yer almaktadır.

Buğday türleri içerisinde en bilinen ve en çok yetiştirilen ekmeklik buğday (*Triticum aestivum* L.)'dır. Buğday tanesinde, fermentasyon işlemi sırasında meydana gelen CO<sub>2</sub>'i hamur içerisinde tutarak hamurun kabarmasına neden olan bir tür elastik protein formu gluten bulunmaktadır. Glutenin bu özelliğinden ötürü ekmek yapımında kullanılmaktadır. Ayrıca buğday makarna, bisküvi ve diğer unlu mamüllerinin yapımında da kullanılmaktadır (Curtis et al., 2002). Buğday tanesi ayrıca alkollü içeceklerin yapımında da kaynak olarak kullanılır. Buğday tanesinin öğütülmesinden sonra ise elde edilen kepek hayvan besini olarak da kullanılmaktadır (Duke, 1983). Buğday bitkisinin adaptasyonunun yüksek olması, depolanmasının kolay olması, tanelerinden un ve kepek elde edilmesi buğdayın önemini daha fazla artırmaktadır.

### 2.2. Rus Buğday Afidi (Russian WheatAphid)

#### 2.2.1. *Diuraphis noxia* (Kurdjumov)'nın Sistematikteki Yeri

<b>Alem</b>	: Animalia
<b>Alt Alem</b>	: Eumetazoa
<b>Şube</b>	: Arthropoda
<b>Alt Şube</b>	: Hexapoda
<b>Sınıf</b>	: Insecta
<b>Takım</b>	: Hemiptera
<b>Alt Takım</b>	: Sternorrhyncha
<b>Üst Familya</b>	: Aphidoidea
<b>Familya</b>	: Aphididae
<b>Cins</b>	: <i>Diuraphis</i>
<b>Tür</b>	: <i>Noxia</i>

Syn., *Brachycolus noxia* (Fauna Europea, 2012).

*D.noxia*'nın boyu 2 mm'den küçük, soluk gri-sarı-yeşilimsi renkte ve kısa antenlidir (Şekil 2.1). 6 segmentten oluşan antenleri vardır. *D.noxia*'yı diğer afit türlerinden ayrılmasını sağlayan farkı ise, corniculusun belirgin olmamasıdır (Du Toit and Aalbersberg, 1980; Walters et al., 1980). Vücudunun üzerinde mumsu beyaz bir tabaka vardır. Kanatlı formları da olan afit türleri de hemen hemen aynı boyutta olup, antenlerin bir bölümü siyahımsı renktedir (Lodos, 1986).



Şekil 2.1. *Diuraphis noxia*

### 2.2.2. Rus Buğday Afidi Biyolojisi ve Ekolojisi

Yılda teorik olarak 22 döl vermektedir. Gelişme evreleri ergin ve 4 nimf döneminden oluşmaktadır. Her bir evrenin süresi 1-16 gün arasında değişmekte, fakat 2-6 gün arasında da olabilmektedir. Rus buğday afidi (RWA, Russian Wheat Aphid) buğdayda beslenen diğer yaprak bitlerinden daha doğurgan ve kış mevsimine dayanıklıdır.

*D.noxia* 5-15°C sıcaklık düzeyinde yüksek kapasitede artış göstermektedir (Michels and Behle, 1989). Bitki büyüme evresi, sıcaklık ve etkileşimleri *D. noxia*'nın ömrünü ve çoğalmasını etkiler (Girma et al., 1990). *D. noxia*'nın büyüme aşaması ve çoğalması 18- 21°C'de artış göstermektedir. Bu sıcaklıklarda daha hızlı gelişir, daha uzun yaşar, daha fazla üreme meyillidir ve bu nedenle buğdayda çavdardan daha yüksek bir artış oranı vardır (Behle and Michels, 1990). Buğday ve arpa, yılın 9-11 ayı için uygun bir yaşam alanı sağlayabilir, ancak yabancı otlar *D. noxia* popülasyonlarının kalıcılığı ve büyümesi için çok önemlidir (Kriel et al., 1986; Aalbersberg et al., 1988a; Armstrong et al., 1991; Montandon et al., 1993).

Bir dişi uygun ortam şartlarında günde 4 nimf, hayatı boyunca ise 70 nimf doğurmaktadır. Üremenin bu kadar fazla olması epidemilerin başlıca kaynağıdır. Bu özelliklere bakıldığında afit popülasyonunun çok hızlı artabileceği ve fazla

zararlara neden olabileceğini göstermektedir. Şili ve Arjantin'den toplanan 22 koloninin yalnızca %20'sinde seksüel üreme görülmüştür (Robinson (1992)'a atfen Tolmay, 2006).

Yaprak bitleri parthenogenetik üreme ile kanatsız ve kanatlı bireyler meydana getirmektedir. Kanatsız bireyler kanatlı bireylerden hem görünüş hem de biyoloji olarak farklılık göstermektedir. Kanatlı formların kanatlarının oluşumu ise 3. ve 4. nimf dönemlerinde ortaya çıkmaktadır. Kanatlı formlar doğdukları bitki üzerinde beslenmekte; fakat üreme amacıyla başka bitkilere yönelmektedirler. Daha sonra ise güneş ışığıyla uçmaları tetiklenir ve rüzgâr yardımıyla uzak yerlere taşınabilmektedir. Rus buğday afidelerinin uçmaları onlar için yeni bir koloni oluşturmaktır (Robinson (1992)'a atfen Tolmay, 2006).

Rus buğday afidinin Konya ilinde buğdayla ekili alanlarda yılda ortalama olarak 22 döl verdiği gözlenmiştir. Karasal iklime uyum sağlaması, kuru ve sıcak havalarda ile yağışların görüldüğü yerlerde popülasyonun hızlı bir şekilde arttığı belirlenmiştir. Ancak uzun süren yağışlarda fazla nemin zararlıda olumsuz bir etkiye sahip olduğu görülmüştür. *D. noxia*'nın nimf evrelerinin teşhisinde antenlerinin farklılığından faydalanılmaktadır (Aalbersberg, 1987).

### 2.2.3. Yayılış Alanları

Rus buğday afidi ilk defa 1901'de Kırım'da zararlı olarak olarak belirlendikten sonra buğdayın dünyadaki en önemli zararlısı olarak kayıtlara geçmiştir. *D. noxia*'nın orijini Doğu Akdeniz'e yakın ülkeler dahil Batı ve Orta Asya kabul edilmektedir. Sonrasında ise Avrupa'ya ulaşarak tüm dünyadaki tahıl üretim alanlarındaki ana zararlılarından biri olmuştur (Stary, 1996). Yayılma alanları Moldovya'dan Ukrayna'ya ve Rusya'ya ve oradan da Kuzeybatı Çin'e ve Yemen'e geçtiği bilinmektedir. Avrupa'nın kıyılarında da Portekiz'e ilerlediği bildirilmiştir (Stary et al., 2003). Bu zararlının Amerika'daki alanlara verdiği zarar, verimdeki azalma ve insektisit kullanımıyla 1 milyar doların üzerinde kayba sebep olmuştur.

Ülkemizde ise ilk defa Bitlis'de 1959 yılında saptanmış ve daha sonra Konya, Ankara, Isparta, Malatya ve Adıyaman gibi tahıl üretiminin fazla olduğu yerlerde de saptanmıştır (Tuatay and Remaudiere, 1964). Geç ekilen buğdaylardaki zararı ise %25-60 civarındadır (Duran ve Koyuncu, 1974). Elmalı (1996,1998)'nın yaptığı araştırmalara göre Rus buğday afidinin Eskişehir ve

Konya’da yaygın olarak saptandığı ve tahıl üretimi bakımından farkına varılamayan bir risk olduğu görülmüştür. Yapılan araştırmalarda geç ekilen buğday çeşitlerinde zararının 3 kat daha fazla populasyon artışı gösterdiği gözlenmiştir.

2010 yılında TAGEM’e bağlı Araştırma Enstitülerinin desteğiyle CIMMYT Türkiye Temsilciliği, Güney Afrika Tahıl Tarımsal Araştırma Enstitüsü ile bir araştırma gerçekleştirmiştir. Bu araştırmada Türkiye’deki mevcut zararının bulaşık alanlarını saptamak amacıyla 100 buğday tarlası gezilmiştir. Araştırma sonucunda ise *D. noxia*’nın buğday alanlarının yaklaşık olarak %80’inde gözlenmiştir (Turanlı et al., 2012a) (Şekil 2.2).



Şekil 2.2. Rus buğday afidi araştırma noktaları, populasyon yoğunlukları ve skala değerleri;

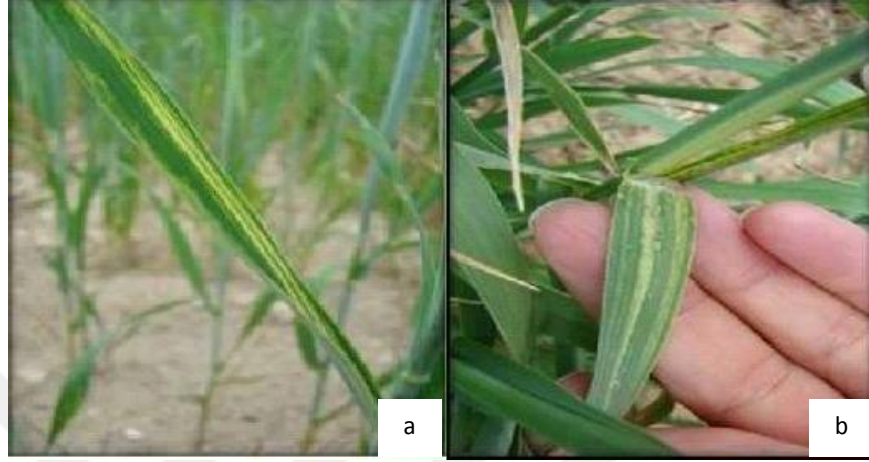
○=sıfır birey/bitki; ●=1 (1-10) ●=2 (10-100 birey/bitki); ●=3 (100 den fazla birey/bitki)  
(Turanlı ve ark.,2012a)

#### 2.2.4. Zararları

*D. noxia*’nın emgi yoluyla ürettiği toksinler bitkinin fotosentez yapmasını engeller, kardeşlenmeyi ve yaprak çıkışını geciktirir, dane verimini azaltır.

Bitkide görülen zararları ise; yaprak kenarlarının kıvrılması ve boyuna çizgilerin oluşmasıdır (Şekil 2.3). Bu çizgiler soğuk havalarda kırmızımsı mor, ılık havada ise soluk sarı renklindedir. Bulaşmanın yoğun olduğu zamanlarda ise başaklar kıvrılmış bayrak yaprak arasında kalmasına sebep olur (Şekil 2.4.a).

Bitkide başaklanma öncesinde gerçekleşirse başak bu yaprak içinden çıkamaz ve yaprak biti için uygun bir besi ortamı oluşturur. *D. noxia* çoğunlukla yeni gelen yaprakların üstünde, yaprak koltuğunda ve kıvrılan yaprakların arasında bulunur (Şekil 2.4.b) (Elmalı, 1999).



**Şekil 2.3.** *Diuraphis noxia*(Kurdjumov) beslenmesi sonucu a)Yaprak kenarlarının kıvrılması b) Yapraklarda oluşan boyuna çizgiler.



**Şekil 2.4.** *Diuraphis noxia* (Kurdjumov) zararı dolayısıyla a) bayrak yapraktan çıkamamış başak ve b) Buğday yaprağında *Diuraphis noxia* (Kurdjumov) kolonisi

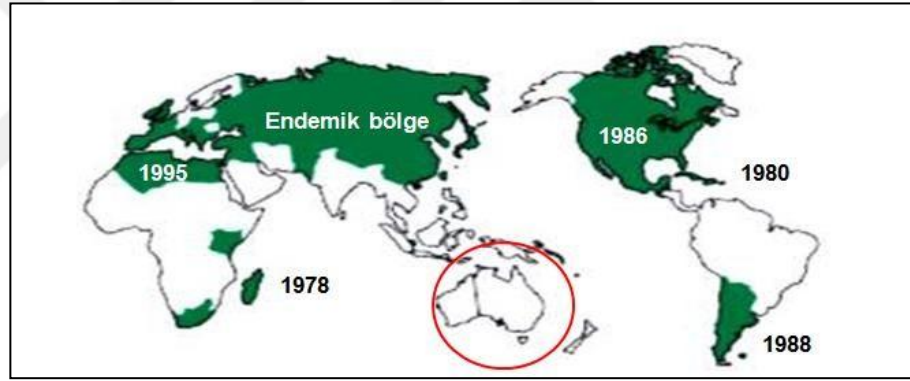
*D. noxia* zararı bitkinin büyüme ve gelişme evresinin durmasına, sararmalara ve kurumaya, verim ve kalitede ise kayıplara neden olmaktadır.



Böylece bu zararlar yaprak bitinin direkt beslenmesiyle meydana gelirken, bitkideki virüs hastalıklarını diğer bitkilere taşımaktadır. *Diuraphis noxia* arpa sarı cücelik virüsü (BYDV), arpa çizgi mozaik virüsü ve brom mozaik virüsünün vektörlüğünü yapmaktadır (VonWechmar (1984)'a atfen Tolmay, 2006).

### 2.2.5. Rus Buğday Afidi Dağılışı ve Önemi

1978 yılında Güney Afrika'da ortaya çıktıktan sonra, diğer önemli tahıl üreticisi ülkelerde de buğday ana zararlısı olarak görülmüştür. Buğday verimindeki azalma ve kimyasal mücadelede kullanılan insektisit maliyeti 1 milyar doların üzerinde ekonomik kayba sebep olmuştur. Ayrıca zararlı, günümüzde Avustralya kıtası hariç dünyadaki tüm buğday üretim alanlarında bulunmakta ve risk oluşturmaktadır (Şekil 2.5). 2014'te yapılan araştırmalara göre bazı ülkelerde yayılma oranı artmıştır. Bunlar; Pakistan, Portekiz, İspanya, Suriye, USA, Zimbabwe (EPPO, 2014) .



Şekil 2.5. Dünya'da Rus Buğday Afidi ile Bulaşık Alanlar

Rus buğday afidi ülkemizde ise ilk kez 1959 yılında Bitlis'de saptanmış olup, diğer yıllarda Konya, Isparta, Ankara, Adıyaman ve Malatya gibi tahıl üretiminin en yoğun olan merkezlerine de yayılmıştır (Şekil 2.6).



Şekil 2.6. Türkiye’deki Rus buğday afidi dağılımı

### 2.2.6. Rus Buğday Afidinde Dayanıklılık Çalışmaları

*D. noxia*’ya karşı sistem mekanizmaları antiksensis, antibiosis ve tolerans olarak gerçekleşmektedir. Tolerans seviyesindeki dayanıklılık, buğday bitkisinin afitlerle bulaşık olmasına rağmen, gelişmesine ve verim vermesine devam edebilmesidir. Antiksensis dayanıklılık ise, buğdayın afit aracılığıyla az tercih edilmesi manasına gelmektedir. Antibiosis biçiminde dayanıklılık ise zararlının buğday bitkisi üstünde hayatını devam ettirmesinin imkansız olmasıdır. Bu vaziyet aynı anda tolerans ve antiksensis dayanıklılığıyla birlikte oluşabilir. Bu farklı çeşitlerin bitkide beraber bulunması bitkilerin afide karşı dayanıklılığını da yükseltmektedir (Anderson et al., 2003).

Bu dayanıklılıklarla ilgili çok fazla araştırma geliştirilmiş ve *Diuraphis noxia*’ya dayanıklı çok fazla gen tanımı yapılmıştır. Arpa ve buğdayda 11 tane dayanıklılık geni bulunmuştur (Smith et al., 2004). Verim kaybından korunmada etkili olan D7 geninin varlığı tarla denemeleriyle belirlenmiştir. Ekmeklik kalitesi ile ilişkili bulunan bu genin buğdayda 1B kromozomunun uzun kolunda yer aldığı belirlenmiştir (Marais et al., 1994).

Zararlılarla mücadelede kullanılan yöntemlerden biri de dayanıklı çeşit kullanımıdır. *D. noxia*’ya dayanıklılık genleri PI 137739, PI 260660 ile PI 294994 olup bu genler *Dn*(*Dn1*, *Dn2*, *Dn3*, *Dn4*, *Dn5*, *Dn6*, *Dn7*, *Dn8*, *Dn9*, *Dnx*, *Dny* ve *CI2401*) kodlarıyla isimlendirilmektedir. Bu genleri taşıyan dayanıklı çeşitlerin farklı *D. noxia* biyotiplerince zarara uğradığı ve çok miktarda kayıplara neden olduğu görülmüştür (Haley et al., 2004; Malinga et al., 2007; Lapitan et al., 2007).

Amerika’da tanımlanan Biyotip 2 olarak adlandırılan biyotipin önceden dayanıklı olarak bilinen buğday çeşitlerinde çok fazla zararlara neden olduğu gözlenmiştir. Bu yüzden dayanıklılık genlerini araştırma çalışmalarına hız verilmiştir. Dayanıklılık genlerini kıran *Diuraphis noxia* biyotipleri Çizelge 2.1’de verilmiştir. Bu sebeple yeni dayanıklılık genlerinin sörvey çalışmaları da hız kazanmıştır (Collins et al., 2005a; Burn et al., 2006; Weiland et al., 2008).

**Çizelge 2.1.** *Diuraphis noxia* (Kurdjumov)’nın farklı biyotiplerince kırılan genler

Saptanma Tarihi	Saptanma Yeri	Biotip	Kırılan Genler	Orta Derecede Dayanıklı Genler	Dayanıklı Genler
2002	A.B.D	Kuzey Amerika Texas-1		-	-
2002	A.B.D	Kuzey Amerika Texas-2	<i>Dn1, Dn2, Dn3, Dn5, Dn7, Dn8, Dn9</i>	-	<i>Dn4, Dn6</i>
2002	A.B.D	Kuzey Amerika Wyoming	<i>Dn1, Dn2, Dn3, Dn8, Dn9</i>	-	<i>Dn4, Dn5, Dn6, Dn7</i>
1901	Kırım	RWA1 (ORJİNAL)	<i>Dn1, Dn8, Dn9</i>	-	<i>Dn2, Dn3, Dn4, Dn5, Dn6, Dn7</i>
1998	A.B.D	RWA2 (CANADA)	<i>Dn1, Dn2, Dn4, Dn5, Dn6, Dn9</i>	<i>Dn3, Dn8,</i>	<i>Dn7</i>
2008	A.B.D	RWA6(Canada, Montezuma)	<i>Dn3, Dn8, Dn9, Dny,</i>	<i>Dn1, Dn2, Dn5,</i>	<i>Dn4, Dn6, Dn7</i>
2008	A.B.D	RWA7(Canada, Baca)	<i>Dn1, Dn3, Dn8, Dn9, Dny</i>	<i>Dn2, Dn4, Dn5</i>	<i>Dn6, Dn7</i>
2008	A.B.D	RWA8(Canada, Montezuma)	-	<i>Dn1, Dn2, Dn3, Dn4, Dn8, Dn9, Dny</i>	<i>Dn5, Dn6, Dn7</i>
-	Şili	Şili	<i>Dn4</i>	-	<i>Dn2, Dn5, Dn6, Dn9</i>
-	Macaristan	Macaristan	<i>Dn4</i>	-	-
2012	Türkiye	Türkiye	<i>Dn0, Dn2, Dn4, Dn5</i>		<i>Dn7, Dn6</i>

### 2.3. Moleküler Markörler

Alışılmış ıslah çalışmaları çok fazla emek ve zaman gerektirmektedir. Son senelerde bilhassa moleküler yöntemlerdeki gelişmeler kısa zamanda güvenilir sonuç veren, az materyalle hızlı bir şekilde sonuç vermesine imkan sağlayan ıslah çalışmalarını ve araştırmalarının gündeme gelmesini sağlamıştır (Jones et al., 1997; Hakkı, 2000; Kırçalıoğlu, 1997; Köksel vd., 1993).

Moleküler markörlerden kantitatif ve kalitatif karakterlere göre seleksiyon yapımında, tür tanımlanması ve korunmasında, genetik ve linkage haritalamalarında, F<sub>1</sub> hibrit tohumlarının kontrolünde, genetik çeşitliliğinin muhafazasında ve genotipler arası genetik uzaklığın belirlemede faydalanılmaktadır (Tanksley et al., 1989; Demir ve ark., 1999; Smith and Helenjaris, 1996).

3 temel moleküler markör vardır. Bunlardan ilki morfolojik markörlerdir ve bunlar fenotipik özellikleri içerir. İkincisi biyokimyasal markörlerdir ve bunlar enzimlerin allellik değişkenleridir, izoenzim olarak isimlendirilirler. Sonuncu markör sistemi ise moleküler veya DNA markörleridir. Bunlar DNA üzerindeki varyasyonları gösterir (Jones et al., 1997).

Genetik markörler hedef olan geni göstermezler ancak işaret ya da etiket görevi yapmaktadırlar. Genlere çok yakın bulunan genetik markörler gen etiketleri olarak bilinmektedirler. Bu markörler ilgili özelliğin fenotipini etkilemez çünkü sadece, özelliği kontrol eden yakın mesafede yer alırlar ya da ilgili genlerle linkage durumundadırlar. Genetik markörler, kromozomda 'lokus' olarak isimlendirilen spesifik genomik alanlarda bulunurlar (Collard et al., 2005).

Agronomik açıdan öneme sahip olan hedef bir gene, linkage halde bulunan markörü belirlemek amacıyla 4 temel strateji yöntemi vardır. Birincisi yakın izogenik hatları (Near Isogenic Lines, NILs)'dır. Bu hatlar sadece ilgili olunan gendeki ve komşu kromozal bölgedeki allel grupları açısından farklıdır. İkincisi ise tek bir gene bağlı olan markörleri belirlemek amacıyla Bulk Segregant Analizi (BSA) kullanmaktır. Üçüncü stratejide kantitatif özellikteki lokusları ve bunlara ait markörleri belirlemek amacıyla kompleks özellikleri detaylı bir şekilde incelemek gerekmektedir ve son olarak dördüncü stratejide ise bilgisayar veri tabanları (sekanslama ve haritalama verileri)'dir (Masojc, 2002).

DNA markörleri sayılarının çok fazla olmasından dolayı en fazla kullanılan markör sistemidir. Bu sistemde, DNA'da meydana gelen nokta mutasyonları, insersiyonlar, delesyonlar ve tekrarlanan DNA'nın replikasyonunda meydana gelen hatalardan oluşur. Diğer markör sistemlerinin aksine, DNA markörleri sınırlı sayıda değildir ve çevresel veya bitki gelişim safhalarından etkilenmezler (Collard et al., 2005).

Monomorfik markörler, genotipler arası farklılık göstermemektedir. Polimorfik markörler farklılıkları belirlediği için daha yararlıdır. Bu markörler polimeraz zincir reaksiyonuna bağlı olmayanlar (RFLP) ve bağlı olanlar (RAPD, AFLP, SSR) olarak isimlendirilir (Staub et al., 1996; Ridout and Donini 1999). Tahıllarda ise bu markör sistemlerinden başlıca kullanılanlar; RFLP, AFLP, RAPD, STS, SSR ve SNP teknikleri kullanılmaktadır (Korzun, 2002a).

RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphisms); moleküler markör sistemleri içerisinde ilk keşfedilen sistemdir. Bitkinin DNA'sı farklı restriksiyon enzimleriyle kesilir ve agarozda bir güç kaynağı yardımıyla yürütülür. Dezavantajı; çok fazla DNA'ya gereksinim duyması, pahalı olması ve çok fazla zaman almasıdır. Avantajı ise güvenilir sonuç vermesi ve kodominant markör sistemine sahip olmasıdır (Tansley et al., 1992; Ahn and Tanksley, 1993; Staub et al., 1996).

RAPD (Random Amplified Polymorphic); RFLP metodunun dezavantajları göz önüne alınması ve PCR tekniğinin avantajından faydalanmak amacıyla geliştirilmiştir (Williams et al., 1990). RAPD tekniğinde dizilim analizine gereksinim duyulmamaktadır. Bu sistemin avantajı; kolay ve hızlı olmasıdır. Dezavantajı ise sadece dominant markörler oluşturması, PCR sırasında yanlış eşleştirme yapması ve laboratuvarlar arası tekrarlanma problemine neden olmaktadır (Williams et al., 1990; Thormann et al., 1994 ).

AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphisms) sistemi (Vos et al., 1995) sadece bir reaksiyonda 30-150 bölge tanımlayabilir ve sonuçlarının tekrarlanabilir olması avantajıdır. Dezavantajı ise pahalı olması, laboratuvarında fazla ekipmana gerek duyması ve dominant markör oluşudur (Vos et al., 1995; Ridout and Donini, 1999).

Canlı genomunda sürekli tekrar eden DNA dizileri bulunmaktadır. Bu dizilerin genomda nerede bulunduğunu ve ne kadar tekrarlandığı türlere göre değişiklik göstermektedir. Aynı tür içindeki bireylerin arasında da bu dizilerden olup olmamasına dayalı olarak SSR (Simple Sequence Repeats) tekniği geliştirilmiştir. Basit dizi tekrarlarının, tekrarlanabilir olması ve kodominant yapı göstermesi en önemli avantajlarını yansıtmaktadır (Rangwen et al., 1995; Ridout and Donini, 1999).

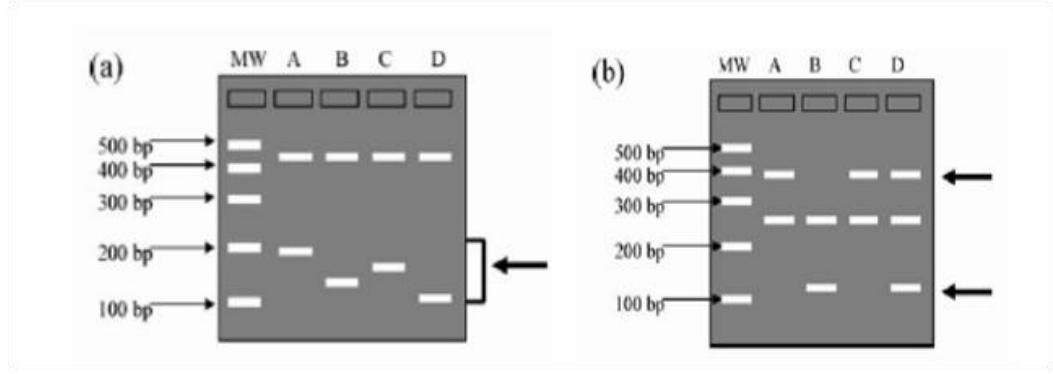
Bazı özellikler açısından markörlerin karşılaştırılması Çizelge 2.2’de verilmiştir.

**Çizelge 2.2.** DNA markörlerinin karşılaştırılması (Korzun, 2002a)

Özellikler	RFLP	RAPD	AFLP	SSR	SNP
DNA miktarı (ng/μl)	10	0.02	0.5-1.0	0.05	0.05
DNA kalitesi	yüksek	yüksek	orta	orta	yüksek
PCR’a dayalı	hayır	evet	evet	evet	evet
Analiz edilen polimorfiklokus sayısı	1.0-3.0	1.5-50	20-100	1.0-3.0	1
Kullanım kolaylığı	zor	kolay	kolay	kolay	kolay
Otomasyona uyumluluğu	düşük	orta	orta	yüksek	yüksek
Tekrarlanabilirliği	yüksek	güvenilmez	yüksek	yüksek	yüksek
Geliştirme maliyeti	düşük	düşük	orta	yüksek	yüksek
Analiz maliyeti	yüksek	düşük	orta	düşük	düşük

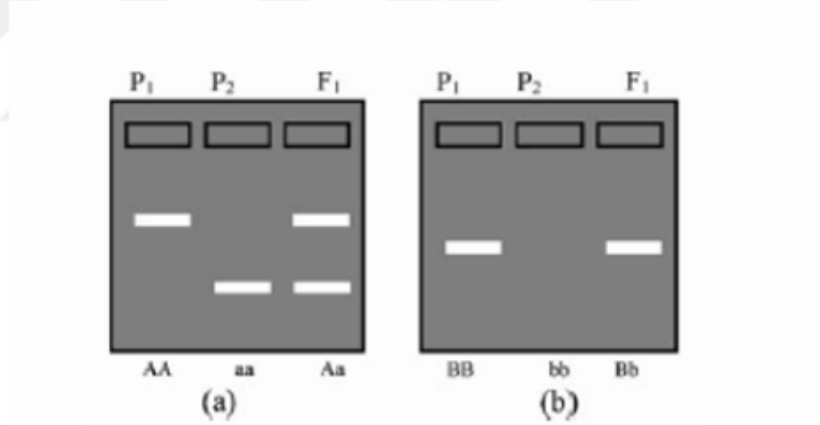
Çizelge 2.2 incelendiğinde; polimorfizmi belirlemek amacıyla en etkili yöntemlerin RFLP, SSR ve AFLP markörlerinin olduğu görülmektedir. Ancak RFLP markörü için fazla miktarda DNA gerektiğinden otomasyona fazla uygun değildir. Tahıl bitkilerinde, yükselen miktarda sekans bilgisi ve gen fonksiyonunun belirlenmesinde artık SNP markör sistemi de kullanılmaktadır.

Polimorfik markörler, heterozigot ve homozigot ile ayrılabilmelerine göre de kodominant (eşbaskın) ve dominant özellik göstermektedirler. Kodominant markörler boyut olarak farklılık göstermekte iken, dominant markörler var ya da yok olarak belirlenir. DNA markörünün değişik formları (jel üzerindeki farklı boyuttaki bantlar) markör allelleri olarak isimlendirilir. Sonuç olarak kodominant markörler birden fazla allele sahip iken dominant markör yalnızca 2 allele sahiptir. Şekil 2.7’de kodominant markörlerle homozigot ve heterozigotlar arasındaki farklılık görülmektedir. Yalnız dominant markörler bu farkı ortaya koyamamaktadır (Yorgancılar vd., 2015).



Şekil 2.7. Kodominant ve dominant DNA markörleri (Collard et al., 2005)

Şekil 2.7’de A,B,C ve D bireylerinde polimorfik markörler kalın oklarla gösterilmiştir. Bireyler arasında farklılık göstermeyenler ise monomorfik markörlerdir. a şablonunda SSR markörleriyle, b şablonunda ise RAPD tekniğiyle elde edilen bant desenleri gösterilmiştir. Bu markörler var da yok şeklinde değerlendirilir. Bu markörlerin boyutları moleküler ağırlık (Molecular Weight=MW) ile hesaplanır.



Şekil 2.8. Dominant ve kodominant markörlerin karşılaştırılması (Collard et al., 2005)

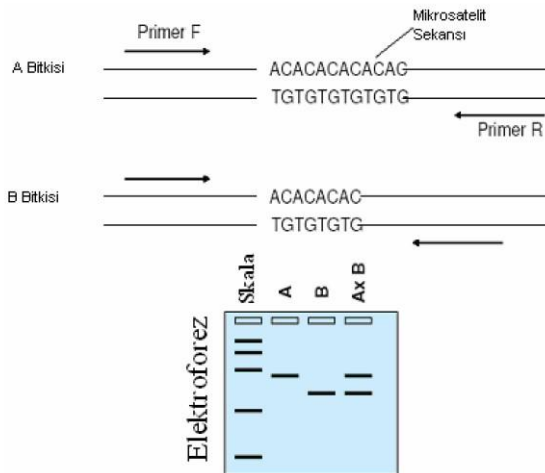
Şekil 2.8’de (a) kodominant markörlerle homozigot ve heterozigot ayrımı yapılırken, (b) dominant markörlerin bu ayrımı yapamadığı görülmektedir (Collard et al., 2005).

Markörlerin belirlenmesinde yakın izogenik hatlar ve F<sub>2</sub> populasyonları daha önceden hazırlanıp, uygun bir hale getirilerek kullanılan ilk materyallerdir. Fakat yakın izogenik hatların oluşturulması zaman almaktadır. Yakın izogenik hatların çoğu genleri aynıdır ancak alakalı olan özelliği kodlayan lokusun allellik

kompozisyonu ve genin etrafındaki DNA bölgeleri açısından farklılık göstermektedirler. Bu yüzden, iki yakın izogenik hattın fenotipik olarak farklı olmasının nedeni yalnız tek bir homozigot allellik farklılıktan oluşmaktadır. Polimorfizmin nedeni ise, farklılığı yaratan gen ya da DNA bölgesinin hedef gen ile linkage vaziyetinde olmasından meydana gelmektedir. Yakın izogenik hatlar, çalışılan genin haritalanmasında çok önemli bir kaynaktır (Masojc, 2002).

### 2.3.1. SSR (Mikrosatellit) Markörleri

Bitki genomu çok fazla sayıda basit sekans tekrarları (Simple Sequence Repeats) içerir. Altı bç'den az olan basit dizi tekrarları ardı ardına dizilmiş tekrarlardır ve kromozomlar boyunca yüzlerce lokusa dağılmış vaziyettedirler. Tipik olarak dinükleotidler (AC)<sub>n</sub>, (AG)<sub>n</sub>, (AT)<sub>n</sub>; trinükleotidler (TCT)<sub>n</sub>, (TTG)<sub>n</sub> ve tetranükleotidler (TATG)<sub>n</sub> şeklinde olabilirler ve n ise lokustaki tekrarların sayısını göstermektedir. Mikrosatellitler poliallellik de gösterebilirler. Belirli bir lokustaki SSR'ı belirlemek amacıyla bu bölgeyi içinde barındıran küçük genomik kütüphane oluşturulmaktadır. Bu kütüphane SSR'ları belirlemek için mikrosatellit problemleriyle incelenmektedir. SSR'ı içeren bu bölge sekanslanır ve lokus için spesifik primerler tasarlanır. DNA bantlarını elde etmek amacıyla bu primerlerle PCR işlemi yapılır ve bir lokusun iki allelindeki tekrarların sayısındaki farklılığa bağlı olarak polimorfizm jel üzerinde gözlenir (Şekil 2.9). Bu şekilde elde edilen markör ise kodominant markördür (Jones et al., 1997).



Şekil 2.9. SSR markörlerinin şematik gösterimi (Salvi, 2006).



Basit dizi tekrarları bitki genomunda çok fazla sayıda bulunmaktadır. Bitkiden bitkiye göre değişen tekrar sayıları arasındaki farklılık da polimorfizm olarak jel üzerinde görülebilmektedir. SSR markörleri; kolay, PCR'a dayalı, yakın akrabaları ayırt etme, polimorfik ve ortaya çıkan allellerin sayısından ve frekansından dolayı detaylı bir sistemdir. Basit dizi tekrarları çeşit teşhisinde, germplazm muhafazasında, haritalamada, melezlerin belirlenmesinde ve ekonomik olmasıyla fazlasıyla kullanılan moleküler sistemdir (Jones et al., 1997).

Genetik haritalama çalışmalarında SSR tekniğinin kullanımı, sağladığı faydalardan dolayı gittikçe artmaktadır. SSR'lar polimorfik olduğundan bitkilerde fazla bilgiye ulaşılması kolaydır ve kodominant sonuç vermesi kullanım oranını artırmaktadır (Röder et al., 1995). Son senelerde dünyada birden fazla moleküler genetik laboratuvarında farklı bitki çeşitlerinde SSR'lar kullanılmaktadır. Buğday (Röder et al., 1995), yabani buğday (Pestsova et al., 2000), soya fasulyesi (Akkaya vd., 1992), mısır (Senior and Heun, 1993) ve patates (Provan et al., 1996) gibi bitkiler SSR'ların kullanıldığı bitkilere örnek gösterilebilir.

Özbekistan'da buğday bitkisinde 3 adet yaprak bitinin zarar yaptığı tespit edilmiştir. Bu zararlılar; *S. graminum*, *S. avenae* ve *D. noxia*'dır. Araştırmacılar 560 adet ekmeclik buğday çeşidini, bu zararlılara karşı dayanıklılık açısından değerlendirmeye almışlardır. Bu çalışma sonunda ise bitki başına düşen yaprak biti sayısına göre dayanıklı, orta derece dayanıklı ve hassas olarak sınıflandırma yapmışlardır (Udachin et al., 1984).

*D. noxia*'ya dayanıklılık genlerinden olan *Dn2* ile alakalı RAPD markörünün geliştirilmesi amaçlanan çalışmada bir dizi yakın izogenik hatile (NIL) 300 RAPD primeri test edilmiştir ve toplamda 2700 RAPD lokusu taranarak, 2'si coupling fazda 2'si de repulsion fazda *Dn2* geni için RAPD markörü belirlenmiştir. Bu markörlerin dayanıklılık ilişkili olan açılımı sonucunda, *Dn2* lokusuyla yakın bağlantıda oldukları doğrulanmıştır. Bu ortaya çıkan RAPD markörlerinden OPB10-880 ve OPN1-400 SCAR markörüne dönüştürülerek Güney Afrika'daki buğday çeşitleri üzerinde test edilmiştir. Sonucunda ise bu markörlerin *Dn2* dayanıklılık geninin hassas çeşitlere aktarımında kullanılabileceği belirlenmiştir (Myburg et al., 1998).

PI 137739 hattında *Dn1*; PI 262660'da *Dn2* ve PI 294994 hattında üç adet dayanıklılık geni (*Dn5+*) belirlenmiştir. *D. noxia*'ya dayanıklılıkla ilgili bu

genlerin kullanılması, moleküler markörlerle tanımlanması çeşit geliştirmek amacıyla çalışmada haritalama populasyonu olarak F<sub>2</sub> populasyonu ve yakın izogenik hatlar kullanılmıştır. Bu hatlardan PI 220127'de GWM111 SSR markörünün 7D kromozomunun kısa kolunda yer aldığı ve *Dn1*, *Dn2* ve *Dn5* dayanıklılık genleri ile bilinmeyen *Dnx* genleri ile yakın ilişkili olduğu belirlenmiştir. Ayrıca bu hattın sadece bir dominant dayanıklılık geninin etkili olduğu saptanmıştır. GWM642 ve GWM635 markörlerinin 1D kromozomunun uzun kolunda yer aldığı tespit edilmiş ve sırasıyla *Dn8* ve *Dn9* genleriyle ilişkili olduğu, ayrıca tespit edilen bu markörlerin *D. noxia*'ya dayanıklı çeşit geliştirmede kullanılabileceği saptanmıştır (Liu et al., 2001).

Mezey and Szalay-Marzso, (2001), yaptıkları bir çalışmada buğday, arpa ve mısırdaki oluşan konukçu seti içerisinde *D. noxia*'nın besin tercihini ve besine elverişliliğini araştırmışlardır. Bu araştırma sonucunda ise kışlık ve yazlık arpa çeşitlerinin öne çıktığı saptanmıştır.

İran'da zararlının yaygın olarak görüldüğü bölgelerde yetiştirilen 5 adet buğday çeşidini, zararlıya dayanıklılık ve hassaslık bakımından değerlendirmeye almışlardır. Bu çalışma sonunda ise Sardari çeşidi diğer çeşitlere oranla hassas olarak bulunmuştur (Kazemi et al., 2001).

Buğday bitkisinde dayanıklılık genleri olan *Dn4* ve *Dn6* genleriyle ilişkili SSR markörlerini belirlemek için gerçekleştirilen çalışmada dayanıklı hat ile hassas çeşidin melezlenmesiyle oluşturulan F<sub>2</sub> popülasyonunu kullanılmıştır. GWM106 ve GWM337 SSR markörlerinin *Dn4* geniyle coupling fazda bağlantılı olduğunu ve 1D kromozomunda lokalize olduğu belirtilmiştir. Çalışmada kullanılan diğer markörlerin (GWM44 ve GWM111) ise *Dn6* geniyle coupling fazda ilişkili olduğu ve 7D kromozomunda lokalize olduklarını ortaya koymuşlardır. Ayrıca markörlerin *Dn4* ve *Dn6* genlerinin gen piramidi için uygun olduğu belirtilmiştir (Liu et al., 2002).

*D. noxia* ile yapılan mücadelede en ekonomik ve etkili metodun genetik dayanıklılık olduğu belirtilmiştir. Bu araştırma çalışmasında ise *D. noxia*'nın Biyotip 2 (Kanada kaynaklı)'sine *Dn7* geninin, buğdayın 1RS/1BL kromozomunda bulunan çavdar geni olduğu ve *Dn7* geninin buğday bitkisinde ekmelek kalitesini olumsuz yönde etkilediği belirlenmiştir. *Dn7* geni 1RS/BL translokasyonu ile buğday genomuna çavdardan aktarılmıştır. Araştırmacılar *Dn7* geninin haritalamada tek bir dominant gen olduğunu saptamış ve bu gene bitişik

BCD1434 ve KSUD14 markörlerinin olduğunu belirlemişlerdir. Ayrıca *Dn7* geninin antiksensosisi sağladığını ve *Dn4* geninden daha fazla dayanıklılık gösterdiğini belirlemişlerdir (Anderson et al., 2003).

Kenya’da oluşan buğday üretim alanındaki zararın %90 civarında verim kaybına sebep olduğu belirlenmiştir. Çalışmada Türkiye kökenli 2 dayanıklı buğday hattı, KRWAPC-8 ile KRWAPC-16’nın genetik modelleri oluşturulmuştur. Bu hatlar duyarlı olan “Kenya Heroe” ile melezlenmiş ve F<sub>1</sub>, F<sub>2</sub>, F<sub>3</sub> ve geri melezler serada *D. noxia* ile test edilmiştir. KRWAPC-8 dominant genlere sahip çıkmış, KRWAPC-16 ise hem dominant hem de çekinik 2 adet bağımsız gene sahip olduğu belirlenmiştir (Pathak et al., 2004).

*D. noxia*’nın Rus buğday afidine (Kuzey Amerika kaynaklı) karşı *Dn4* geninin kullanıldığını, fakat dayanıklılığın RWA2 ile kırıldığı belirtilmiştir. Biotip-2’ye karşı ise *Dn7* geninin kullanıldığını belirtmişlerdir. Zararının orijini olan bölgelerden toplanan buğday hatlarının RWA2 ile test edilmesiyle elde edilen 10 tane dayanıklı hattın ıslah çalışmalarında yer verilmesi gerektiği sonucuna varılmıştır (Collins et al., 2005a).

Collins et al. (2005b), Kanada’da 2003 senesinde yeni bir *D. noxia* biyotipinin *Dn4* genini kıldığı ortaya koymuştur. Eski ve yeni oluşan biyotipler sera koşullarında *Dn4* ile *Dn7* genini kapsayan buğday çeşitleri ile test edilmiştir. Bu araştırma sonucunda, önceki *D. noxia* biyotipine her iki gen içeren buğday hattı dayanıklılık gösterirken, yeni biyotip *Dn4* geni içeren buğday hattında zarar oluşturmuş; fakat *Dn7* geni hattında herhangi zarar tespit edilmemiştir. Bunun sonucunda ise; *Dn7* geninin antiksensosisi sağladığını ve *Dn4* geninden daha fazla dayanıklılık gösterdiği tespit edilmiştir.

Texas, Kansas, Nebraska ve Wyoming eyaletlerinde 2002-2003 yıllarında yapılan bir çalışmada toplamda 7 bölgeden *D. noxia* örnekleri alınmıştır. *Dn* genlerini taşıyan dayanıklı 9 tane buğday hattına ayrı bir şekilde bulaştırılmış ve yaprak kıvrılması ile yaprak klorozu skalaları değerlendirmeye alınmıştır. Afiflerin yaptıkları zararların farklılığına göre gruplandırma yapılmış ve Texas Eyaletinde 2, Wyoming Eyaletinde 1 farklı biyotip olduğunu ortaya koyulmuştur (Burd et al., 2006).

Colorado’da biyotip-1 ve biyotip-2’nin orijinal ve ilk tespit edilen biyotipler olduğu ortaya konulmuştur. 2004 yılında Colorado State Üniversitesi’nde

Montezuma bölgesinden toplanan Rus buğday afidi gruplarından 2 tane farklı biyotipin olduğu belirlenmiştir. Ayrıca Baca'dan toplanan *D. noxia* grupları içerisinde farklı bir biyotipin varlığı tespit edilmiştir. İlk olarak tespit edilen 2, 2003 yılında 3 ve 2004'te ise 3 tane yeni biyotip kayıtlara geçmiştir. Araştırma sonucunda ise Colorado'da toplamda 8 tane farklı *D. noxia* biyotipi olduğu belirlenmiştir (Weiland et al., 2008).

Avustralya'da Rus buğday afidine hassas olduğu belirlenen buğday (Whaylcatchem) çeşidine dayanıklılık geni aktarılmak amaçlanmıştır. Dayanıklılık kaynağı olarak ise 3 hat (PI 627843, PI 625140, PI 624933) kullanılmıştır ve gen haritalaması çıkarılmıştır. Dayanıklı (PI 627843) ve duyarlı (Whaylcatchem) ebeveyn hatlarda polimorfik markörlerin belirlenmesi sonucu; 172 SSR marköründen 47 SSR lokusu polimorfik olarak bulunmuştur. 47 SSR lokusu her iki ebeveynin melezlemesiyle oluşturulmuş ve F<sub>2</sub> populasyonunda haritalamada kullanılarak GWM642 SSR markörünün 1D kromozomunda uzun kolunda yer aldığı ve bunun *Dn9* geniyle yakın ilişkili olduğu belirlenmiştir. GWM635 ve GWM111 markörlerinin 7D kromozomunda yer alıp, buradaki dayanıklılık genleriyle ilişkili olduğu saptanmıştır (Çakır et al., 2009).

Jankielsohn and Oelofse (2010), Güney Afrika'da CIMMYT (International Maize and Wheat Improvement Centre) ile ARC-Small Grain Institute birlikteliğinde yürütülen çalışmada 262 CIMMYT-Türkiye buğday hattı *D. noxia*'nın Güney Afrika SA1 ve SA2 biyotipleriyle test edilmiştir. Bitkiler 1 yapraklı aşamaya geldiğinde bitki başına 5 tane afit gelecek şekilde bulaştırılmıştır ve 21 gün sonra 1-9 yaprak klorozu skalası değerlendirilmiştir. Çalışma sonucunda ise, Türkiye hatlarının %8.5'i Güney Afrika (SA1 ve SA2) *D. noxia* biyotiplerine karşı orta derecede dayanıklılık gösterdiği ortaya konmuştur.

El Bouhssini and Nachit (2011), Rus buğday afidinin dünyadaki çeşitli yerlerde (Kuzey Amerika, Kuzey Afrika, Etiyopya, Güney Afrika) ciddi zarara sebep olduğunu belirtmişlerdir. Son yıllarda yapılan çalışmalarda binlerce makarnalık ve yabancı buğday çeşitlerini Rus buğday afidi ile teste tabi tutmuşlardır. Araştırma sonucunda ise, makarnalık buğday hatlarından 8 hat, yabancı türlerden de 19 tane dayanıklı hat tespit etmişlerdir.

Ülkemizde yapılan ilk dayanıklılık çalışmasını ise Elmalı (1993) yapmıştır. Konya ilinde yapılan çalışmada 2'si makarnalık, 5'i ekmeçlik olan 7 tane buğday çeşidinin (Atay 85, Bezostaja, Bolal 2973, Çakmak 79, Gerek 79, Kıraç 66,

Kunduru 1149) *S. avenae*, *D. noxia* ve *Sipha (Rungsia) elegans*'a karşı dayanıklılıkları test edilmiştir. Çalışmanın sonunda ise 3 afit içinde ekmeklik çeşitlerden Atay 85 en hassas çeşit, Bolal ve Kıracı 66 en dayanıklı çeşitler olarak tespit edilmiştir. Makarnalık çeşit olan Çakmak 79'da ise Kunduru'ya oranla daha az afit popülasyonu belirlenmiştir.

Ülkemizde bu konuda yapılan önemli çalışmalardan birisi olan; Turanlı ve ark., (2014)'nın yaptıkları projede İzmir, Ankara ve Eskişehir'den toplanan Rus buğday afidi popülasyonlarının ulusal gen bankasından temin edilen bazı yerel ekmeklik buğday genotipleri ve yurt dışından temin edilen dayanıklı veya hassas olarak bilinen materyallerle yapılmıştır. Dayanıklılık test çalışmaları sonucu en virulent olarak belirlenen İzmir popülasyonu kullanılmıştır. Bu çalışmada dayanıklı olarak saptanan 15 ve 27 nolu hatlar ile hassas bazı buğday çeşitleri dayanıklılık ıslahı çalışmalarında kullanılmıştır. Dayanıklılık çalışmalarında geri melezleme yöntemi kullanılmış ve "Goliax15", "Basribeyx27", "Sagittariox27" ve "Gerekx27" kombinasyonlarının üçüncü gerimelez (GM3F1) aşamasına gelinmiştir. Bu kombinasyonların fenotiplenmesi sonucu kloroz ve yaprak kıvrılması özelliğinde dayanıklılığın tek bir genle kontrol edildiği anlaşılmıştır. Dayanıklı olarak saptanan 15 nolu hat ile hassas olarak belirlenen Basribey çeşidi arasında 190 birey F<sub>2</sub> popülasyonunda QTL analiziyle 209 adet SSR ve STS markörleri taranmıştır. Aynı F<sub>2</sub> bireylerinin F<sub>3</sub> ailelerinde Rus buğday afidiyle fenotipleme çalışmaları yapılmıştır. Fenotiplemede incelenen kloroz, kıvrılma ve afit yoğunluğu özelliklerine ilişkin SSR markörleri belirlenmiş ve özellikle de kıvrılma özelliğine ait fenotipik varyasyonu %29 oranında açıklayan "GWM44" SSR markörü saptanmıştır.

Bu projeye ek olarak yapılan bir diğer önemli çalışmada ise Tonk et al., (2016) ICARDA kaynaklı IG100695'te bulunan Rus buğday afidi dayanıklılığını mikrosatellit markörleriyle haritalamışlardır. Haritalamada hassas çeşit olan Basribey ve dayanıklı genotip Dn100695 arasında yapılan melezlemenin 190 F<sub>2</sub> bireyinden oluşan popülasyonda SSR markörleri taranmıştır. Elde edilen sonuçlara göre; yaprak kıvrılması ve kloroz özellikleri tek bir gen tarafından kontrol edilmektedir. Dn100695 genotipi üzerindeki dayanıklılık 7D kromozomunun kısa kolunda yer aldığı 4 adet SSR markörüyle (GWM44, CFD14, CFD46 ve BARC126) ilişkilendirmiştir. Araştırmacılar bu markörlerin buğday yetiştiriciliğinde Rus buğday afidi dayanıklılığını arttırmada faydalı olabileceğini belirlemişlerdir.

### 3. MATERYAL VE YÖNTEM

#### 3.1. Bitki Materyali

Çalışmanın materyalini anne ebeveyn olarak kullanılan duyarlı Basribey çeşidi ile baba ebeveyn olarak seçilen ve dayanıklı olarak saptanan ICARDA kökenli 15 nolu hat (FL302//BUC/PVN/3/RSK/CA8055//CHAM6) arasında yapılan melezlemenin 190 bireyden oluşan F<sub>2</sub> generasyonu oluşturmaktadır.

#### 3.2. Böcek Materyali

Böcek materyalini Mayıs 2010'da yapılan sörvey çalışmasında İzmir, Eskişehir ve Ankara'dan toplanmış olan ve E.Ü. Ziraat Fakültesi ile Bitki Koruma Bölümü iklim odalarında üretimi yapılan *D. Noxia* populasyonları oluşturmuştur.

#### 3.3. Yöntem

##### 3.3.1. DNA Analizleri

DNA analizlerinde Basribey çeşidi ile 15 nolu hat ebeveyn olarak ve bunlar arasında yapılan melezlemenin F<sub>2</sub> generasyonu ise haritalama populasyonu olarak kullanılmıştır. Çalışmada, daha önceki tamamlanan projede Rus buğday afidine dayanıklılığı sağlayan gen ekmeklik buğdayın 7DS kromozomu üzerinde haritalanmıştır. Bu nedenle bu çalışmada bu kromozom bölgesinde bulunan ve projede kullanılmayan diğer SSR markörleri DNA analizlerinde yer almıştır.

##### 3.3.2. DNA İzolasyonu

OTL haritalaması için seçilen Basribey x 15 nolu hat melez kombinasyonunun F<sub>2</sub> generasyonunu oluşturan 190 adet bitki 15-20 cm boyuna geldiklerinde DNA ekstraksiyonu için her bir F<sub>2</sub> bitkisinden iki adet olacak şekilde yaprak örneği alınmıştır. Alınan bu örnekler sıvı azot içerisinde öğütüldükten sonra Doyle and Doyle (1987)'nin yöntemine göre CTAB (Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide) mini DNA ekstraksiyon metodu kullanılarak DNA'ları elde edilmiştir. DNA izolasyonunda kullanılan CTAB DNA izolasyon tamponu Çizelge 3.1'de verilmiştir.

**Çizelge 3.1.** DNA izolasyon tamponu (Doyle and Doyle, 1987)

<b>Bileşen</b>	<b>Konsantrasyon</b>
Tris HCL, pH:8,0	100 mM
EDTA, pH:8,0	20 mM
NaCl	1.4 M
CTAB	% 2
Na <sub>2</sub> S <sub>2</sub> O <sub>5</sub>	% 1
β-mercaptoethanol	% 0.2

Metoda göre yapraklardan alınan örnekler sıvı azot konan havanlarda toz haline getirilinceye kadar iyice ezilmiş (Şekil 3.1) ve 65 °C'ye ayarlanmış su banyosunda DNA izolasyon tamponu ile 20-30 dakika inkübe edilmiştir (Şekil 3.2). Örnekler su banyosunda 10 dakikada bir yavaşça karıştırılmıştır.

**Şekil 3.1.** Sıvı azotta ezilmiş yaprak örneği



Şekil 3.2. Inkübasyon



Şekil 3.3. Santrifüjden sonra iki fazlı görünüm

Bu işlem sonunda 24:1 oranında kloroform + isoamil alkol karışımı (CIA) eklenmiş ve 10000 rpm'de 10 dakika (4°C) santrifüj yapılmıştır. Oluşan üst faz alınarak yeni bir tüpe aktarılmış ve yine bir önceki aşama tekrarlanmış ve üst faz alınmıştır. Bunun üzerine 10 M Amonyum asetat ( $\text{NH}_4\text{OAc}$ ) ve 3 M Sodyum asetat ( $\text{NaOAc}$  pH:5,5) eklenmiştir. Tüpler ters yüz edilerek karıştırılmıştır. Bunun üzerine de 500  $\mu\text{l}$  2-propanol eklenmiş, hafifçe tekrar karıştırılmış ve DNA iplikçığı gözle görülür hale getirilmiştir. 4000 rpm'de 4 dakika santrifüj edilerek DNA tüpün dibine çöktürülmüştür.

Üst faz alınarak, elde edilen DNA'nın üzerine yıkama solüsyonundan (%70 EtOH/10 mM amonyum asetat) 200  $\mu\text{l}$  eklenmiştir. DNA'lar yıkandıktan sonra santrifüj yapılmıştır. Yıkama solüsyonu çekildikten sonra 37°C'de Thermomixer Comfort (Eppendorf) cihazında tüp kapakları açık olacak şekilde DNA'lar kurutulmaya bırakılmıştır. Son evrede ise etanol uçtuktan sonra



kuruyan DNA üzerine 200 µl TE tamponu (10 mM Tris, 1 mM EDTA, pH:8,0) eklenmiştir. 37°C 350 rpm'de Thermomixer Comfort (Eppendorf) cihazında 1-2 saat inkübasyona bırakılmıştır. DNA'lar TE tamponunda iyice çözüldükten sonra -20 °C'de saklanmıştır.

### 3.3.3. DNA Miktar Tayini

PCR reaksiyonlarında her örnekten eşit miktarda DNA alınması gereklidir. İzole edilen çift iplikli DNA miktarının tayini UV-spektrofotometrede (CARY 100 Bio UV-Visible Spectrophotometer Varian EL04 123687) 260 nm dalga boyu absorpsiyon değerinden faydalanılarak yapılmış ve OD sonuçlarından hesaplanan DNA miktarlarına göre PCR analizi için µl'de 25 ng olacak şekilde TE (Tris-EDTA) çözeltisi ile seyreltilmiştir.

DNA kalitelerini kontrol etmek amacıyla örnekler elektroforezde %1'lik agaroz jelde yürütülmüştür. Elektroforez işlemi Fisher Biotech, FB-LSU-1 cihazında gerçekleştirilmiş ve UV transilluminasyon (Bio-Vision 1000) cihazında görüntülenmiştir.

### 3.3.4. PCR İşlemi (Polimeraz Zincir Reaksiyonu)

Haritalama populasyonunun oluşturulmasında kullanılan ebeveynler ile bunların F<sub>2</sub> bitkilerinde farklı SSR primerleri kullanılarak öncelikle PCR optimizasyonu yapılmıştır. Optimizasyon çalışmalarında öncelikle Çizelge 3.2 ve Çizelge 3.4'de verilen CIMMYT protokolü (CIMMYT, 2005) kullanılmıştır.

**Çizelge 3.2.** PCR işleminde kullanılan 1. PCR protokolü

Bileşenler	Miktarları (Toplam 10 µl)
DNA (25ng/µl)	2 µl
10X Taq Buffer	1 µl
dNTP Mix (10 mM)	0.5 µl
Primer F (10 µM)	0.5 µl
Primer R (10 µM)	0.5 µl
MgCl <sub>2</sub> (50 mM)	0.8 µl
ddH <sub>2</sub> O	4.6 µl
Taq Enzym (5 U/µl)	0.1 µl

**Çizelge 3.3.** PCR protokolünde kullanılan 1. PCR programı (touchdown PCR).

<b>1 döngü</b>	<b>9 döngü</b>	<b>29 döngü</b>	<b>1 döngü</b>
94°C'de 3dak.	94°C'de 30 sn.	94°C'de 30 sn.	72°C'de 10dak.
	60°C'de 30 sn.	50°C'de 30 sn.	
	(döngüde 1°C azalma)	72°C'de 30 sn.	
	72°C'de 30 sn.		

Yapışma sıcaklığı primere göre değişiklik göstermiştir

**Çizelge3.4.** PCR işleminde kullanılan 2. PCR protokolü

<b>Bileşenler</b>	<b>Miktarları (Toplam 15 µl)</b>
DNA (25ng/µl)	2 µl
10XTaqBuffer	1.5 µl
dNTPMix (10 mM)	0.3 µl
Primer F (10 µM)	0.2 µl
Primer R (10 µM)	0.2 µl
MgCl <sub>2</sub> (50 mM)	1.5 µl
ddH <sub>2</sub> O	9.1 µl
TaqEnzym (5 U/µl)	0.2 µl

**Çizelge 3.5.** PCR protokolünde kullanılan 2. PCR programı (touchdown PCR).

<b>1 döngü</b>	<b>10 döngü</b>	<b>35 döngü</b>	<b>1 döngü</b>
94°C'de 2 dak.	94°C'de 1 dak.	94°C'de 1 dak.	72°C'de 1 dak.
	65°C'de 1 dak.	55°C'de 1 dak.	
	(döngüde 1°C azalma)	72°C'de 1 dak.	
	72°C'de 1 dak.		

Yapışma sıcaklığı primere göre değişiklik göstermiştir

Haritalama populasyonunun oluşturulmasında kullanılan ebeveynler ile bunların F<sub>2</sub> bitkilerinde incelenen SSR primerlerinde iki farklı PCR protokolü ve PCR programı kullanılmıştır (Çizelge 3.3 ve Çizelge 3.5)

PCR işleminin uygulanmasında Eppendorf Mastercycler Gradient (Şekil 3.5) ve Bio-Rad T100 Thermal Cycler (Şekil 3.4) kullanılmıştır.



Şekil 3.4. Bio-Rad T100 Thermal Cycler



Şekil 3.5. Eppendorf Master Cycler Gradient

SSR primerleri ekmeklik buğdayın 7DS kromozomu üzerinde daha önceden haritalanmış olan primerlerden belirlenmiştir. Primerlerin belirlenmesinde ve baz dizilişlerinin ortaya konmasında Röder et al. (1998), Somers et al. (2004) ve Graingenes (2012) web sayfalarından faydalanılmıştır. Haritalama popülasyonu için belirlenen Basribey x 15 nolu hat melez kombinasyonunun F<sub>2</sub> bitkilerinde ve ebeveyn ile F<sub>1</sub> taramalarında kullanılan toplam 20 adet SSR primerinin baz dizilişi ve kromozom lokasyonu Çizelge 3.6'da gösterilmiştir.

**Çizelge 3.6.** Projede kullanılan buğday genomuna ait SSRprimerleri, baz dizilişleri kromozom lokasyonları

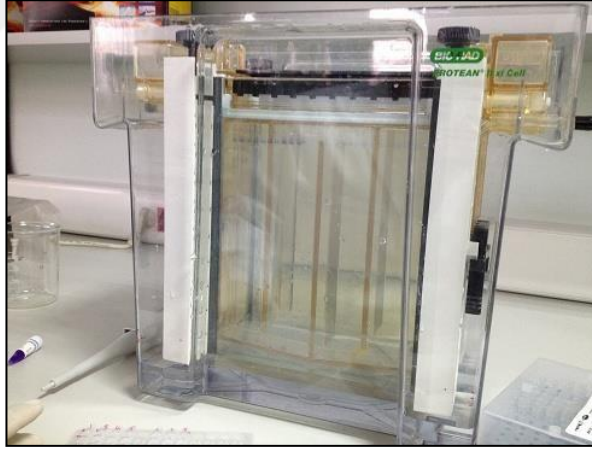
No	Marker	Kromozom	Forward	Reverse
1	CFD21	7D / 1D / 1A	CCTCCATGTAGGCGGAAATA	TGTGTCCCATTCACTAACCG
2	WMC702	7D / 2A	GAATCACATCGAATGGATCTCA	GAGGCCTTTTTCGATATTCTGC
3	GWM473	7D / 7A / 2A	TCATACGGGTATGGTTGGAC	CACCCCCTTGTGGTCAC
4	BARC128	7D / 5B / 1B	GCGGGTAGCATTATGTTGA	CAAACCAGGCAAGAGTCTGA
5	WMC653	7D / 7B / 3B	AGTGTTTTAGGGGTGGAAGGGA	CGGAACCCTAAACCCTAGTCG
6	WMC182	7D / 7B.2 / 7B.1 / 7B/ 7A/6B/6A/4D/3B	GTATCTCACGAGCATAACACAA	GAAAGTGTATGGATCATTAGGC
7	CFD2.1	7D/6A/5D/5B/5A.2/5A.1/5A/4B/4A/3D/3A/2D/2A/1B	GGTTGCAGTTCCACCTTGT	CATCTATTGCCAAAATCGCA
8	WMC489	1D/2B/3A/4D/5A/7D	CGAAGGATTTGTGATGTGAGTA	GGACAACATCATAGAGAAGGAA
9	WMC630	2A/7D/2D/5D/1A/5A	ATAATGCACGGTAGGACTGAGG	CATACTGAGACAATTTGGGGGT
10	WMC473	4A/6B/7D	TCTGTTGCGCGAAACAGAATAG	CCCATTGGACAACACTTTCACC
11	CFD193	2D/3A/3D/4D/7A/7D	GCTGCCGCTACTGTCTGTC	GGCACACTCACACCACAC
12	WMC488	7A/7D	AAAGCACAACCAGTTATGCCAC	GAACCATAGTCACATATCACGAGG
13	BARC172	7B/7D	GCGAAATGTGATGGGGTTTATCTA	GCGATTTGATTTAACTTTAGCAGTGAG
14	GWM121	5D/7D	TCCTCTACAAACAAACACAC	CTCGCAACTAGAGGTGTATG
15	WMC150	3A/5A/5D/6A/7D	CATTGATTGAACAGTTGAAGAA	CTCAAAGCAACAGAAAAGTAAA
16	BARC121	6D / 7A / 7D	ACTGATCAGCAATGTCAACTGAA	CCGGTGTCTTTCCTAACGCTATG
17	WMC797	2D / 7D	CGAAACCCTAGATGAAGC	ACACAACCACAGGTGAGTTGTTCT
18	GWM111	7B / 7D	TCTGTAGGCTCTCTCCGACTG	ACCTGATCAGATCCCCTCG
19	BARC214	7D	CGCTTTCGGGACAGTGAAGGTGTAT	CGGTACGCGGAGGAGGAAGAAGG
20	CFD68	7A-7D	TTTGCAGCATCACACGTTTT	AAAATTGTATCCCCCGTGGT

### 3.3.5. Poliakrilamid Jel Elektrofezi

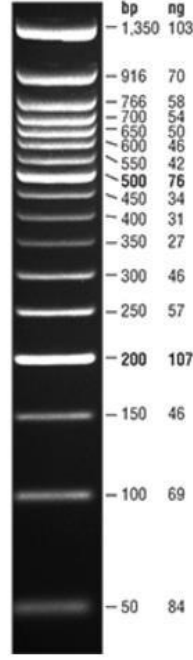
Çalışmada %8'lik poliakrilamid jel kullanılmıştır (Çizelge 3.7). %8'lik akrilamid jelde Protean II xi cell (Bio-rad) dikey elektroforez sisteminde (Şekil 3.5) sabit 90 V'da yaklaşık olarak 16 saat yürütülmüştür. Standart markör olarak 50 bp'lik DNA ladder (NEB) kullanılmıştır (Şekil 3.7).

**Çizelge 3.7.** %8'lik poliakrilamid jel

% 8'lik akrilamid gel	
% 40'lık akrilamid	44 ml
10XTBE	22 ml
Su	154ml
% 10'luk APS	1.5 ml
TEMED	180 µl



**Şekil 3.6.** Jel yükleme görüntüsü



Şekil 3.7. 50 bp'lik DNA ladder (NEB 3236)

### 3.3.6. Poliakrilamid Jelin Boyanması ve Görüntülenmesi

Elektroforez işlemi bittikten sonra DNA'nın değerlendirilebilmesi için jeller ethidium bromide ile boyanmıştır. Jeller 2 µg/ml ethidium bromide içeren saf suda 20 dakika çalkalanarak boyanmış ve daha sonra fazla boyayı uzaklaştırmak amacıyla saf suda yıkanmıştır (Şekil 3.8).

Bantların değerlendirilmesi UV transilluminator (BIO-VISION 1000) ile UV ışık altında incelenip dijital fotoğraf makinası ile fotoğrafları çekilmiştir (Şekil 3.9).



Şekil 3.8. Jellerin Boyanması



Şekil 3.9. BIO-VISION 1000 ile görüntüleme

### 3.3.7. Bantların Değerlendirilmesi

$F_2$  bireylerinde SSR primerlerinin değerlendirilmesi anne ve baba ebeveynlerin bant desenlerine bakılarak yapılmıştır. Anne ve baba ebeveyn her jelin başında yer almıştır. İncelenen bütün primerler kodominant yapı göstermiş ve bu nedenle  $F_2$  bireyi anne bandına sahipse A (anne), baba bandına sahipse B (baba), her iki bandı da barındırıyorsa H (heterozigot) skorunu almıştır.

Bu şekilde tüm  $F_2$  popülasyonunda değerlendirilen primerlerden elde edilen veri matrixi Microsoft Excel dosyasına girilmiş ve JOINMAP version 4.0 programında (Van Ooijen 2006) kullanılacak şekilde text dosyası haline getirilmiştir. Aynı program üzerinde bu primerlerin linkage grupları oluşturulmuş ve buğday kromozomu üzerindeki yeri ve sıraları belirlenmiştir. Haritaların oluşturulması ve tetkik edilen fenotipik özelliklerle markörler arasındaki

bağlantının ortaya konması için linkage haritaları ve QTL analizleri MAP QTL 6.0 (Van Ooijen 2009) programında yapılmıştır. QTL analizlerinde Markör Regresyon Analizi ve Interval mapping metodları kullanılmıştır. Rekombinasyon frekansları Kosambi (Kosambi, 1944) haritalama fonksiyonuna dönüştürülmüş ve önemli QTL'ler LOD skoru 3 ve üstü ( $P = 0.05$ ) olanlar kabul edilmiş ve incelenen özelliğe bağlı olduğu belirtilmiştir.



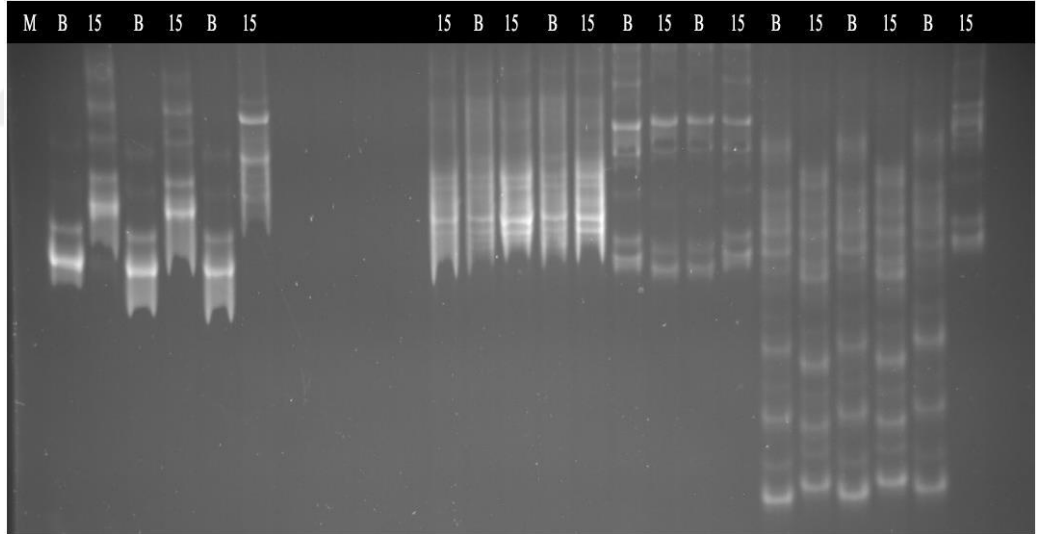


#### 4. ARAŞTIRMA BULGULARI

Basribey ve 15 nolu hat arasında polimorfik sonuç veren primerler (BARC128, WMC473, WMC488, WMC702, GWM121, WMC797, WMC150, GWM111, BARC214, CFD68, CFD193) ile haritalama popülasyonunda kullanılacak F<sub>1</sub> bitkilerinin hibrit olup olmadıkları belirlenmiştir.

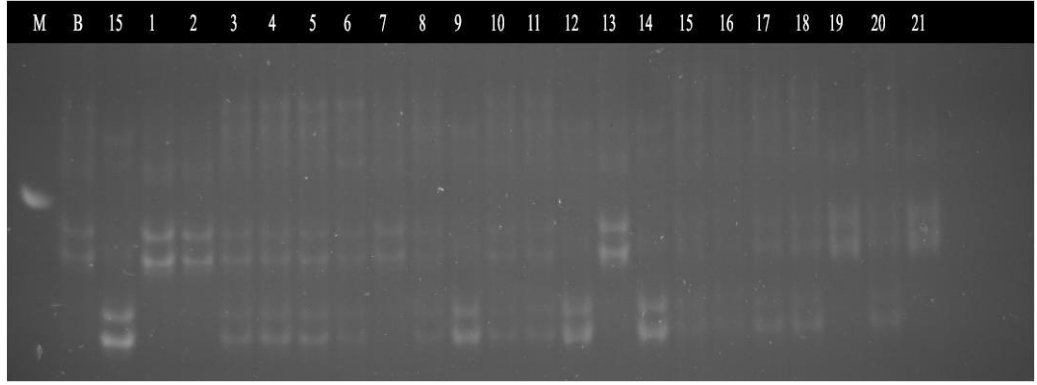
Basribey x 15 nolu hat kombinasyonuna ait F<sub>2</sub> bitkilerindeki SSR analizleri projenin başlangıcında 200 tek birey ile başlamış ancak fenotipleme sırasında çimlenme sorunları nedeniyle bazı bitkiler analiz dışı bırakılmıştır. Bu sebeple SSR analizlerinde 190 F<sub>2</sub> bireyinden oluşan bir popülasyon kullanılmıştır ve haritalama bu popülasyonda yapılmıştır.

Basribey x 15 nolu hat kombinasyonunun ebeveynlerinde toplam 20 SSR primeri incelenmiştir. İçerisinde Rus buğday afidine dayanıklılık sağlayan genlere ait markörlerin de bulunduğu ve ebeveynler arasında polimorfik olan 11 adet SSR primeri (Şekil 4.1) 190 bireyden oluşan F<sub>2</sub> popülasyonunda tek tek taranmıştır.

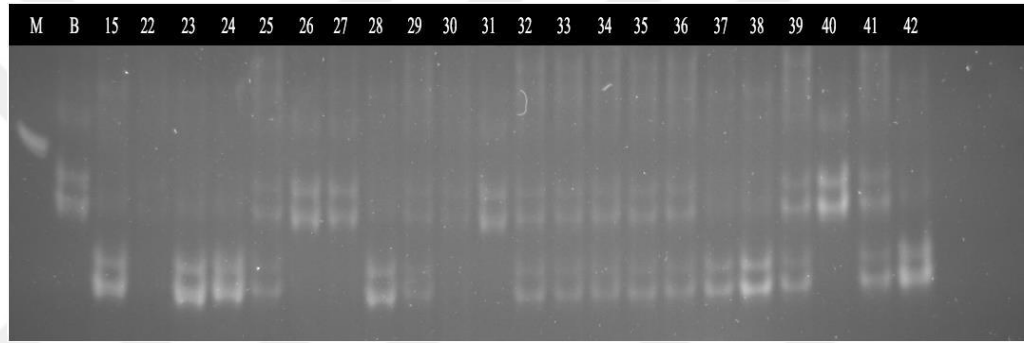


**Şekil 4.1.**Farklı SSR primerlerinin Basribey ve 15 nolu hat ebeveynlerinde sonuçları (B: Basribey, 15: 15 nolu hat, M: Markör).

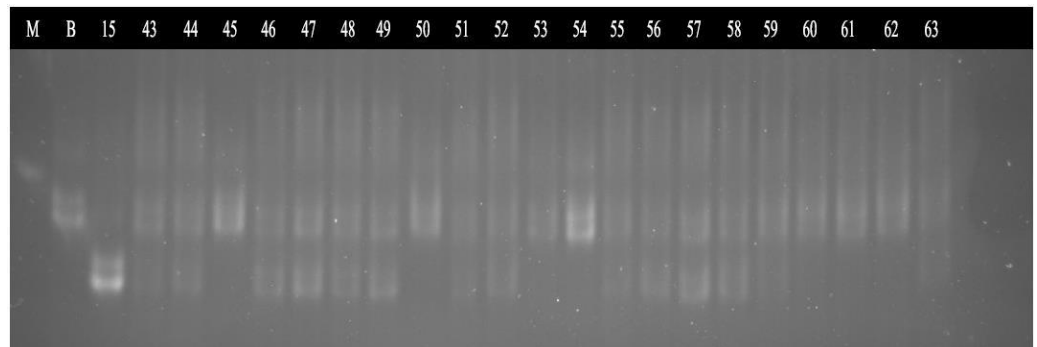
F<sub>2</sub> popülasyonunda taranan 11 adet SSR primerinden bir tanesi olan GWM121 primerinin 190 bireydeki görüntüleri Şekil 4.2, 4.3, 4.4, 4.5, 4.6, 4.7, 4.8, 4.9 ve 4.10'da verilmiştir. Her şeklin başında popülasyonu oluşturmada kullanılan ebeveynler olan Basribey ve 15 nolu hat yer almıştır.



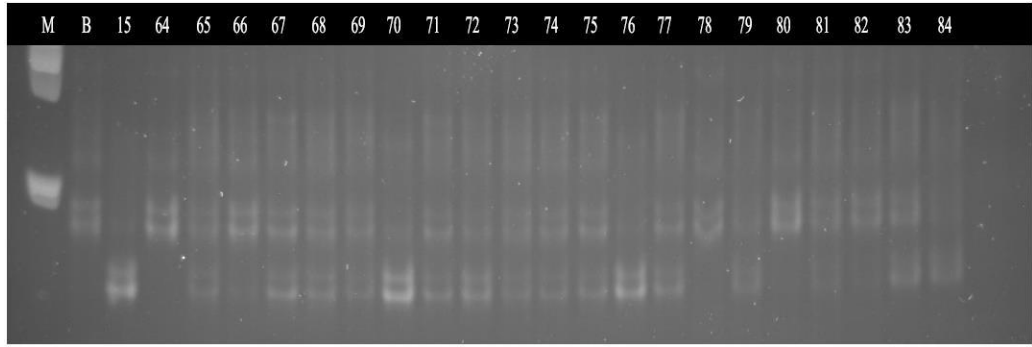
**Şekil 4.2.**GWM121 primerinin  $F_2$  popülasyonunun ilk 21 bireyindeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 1-21  $F_2$  bireyleri, M: Markör).



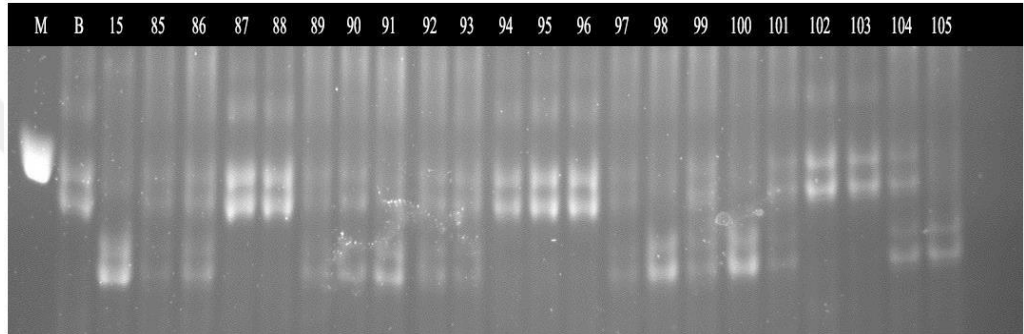
**Şekil 4.3.**GWM121 primerinin  $F_2$  popülasyonunun 22-42 numaralı bireylerdeki sonuçları(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 22-42  $F_2$  bireyleri, M: Markör).



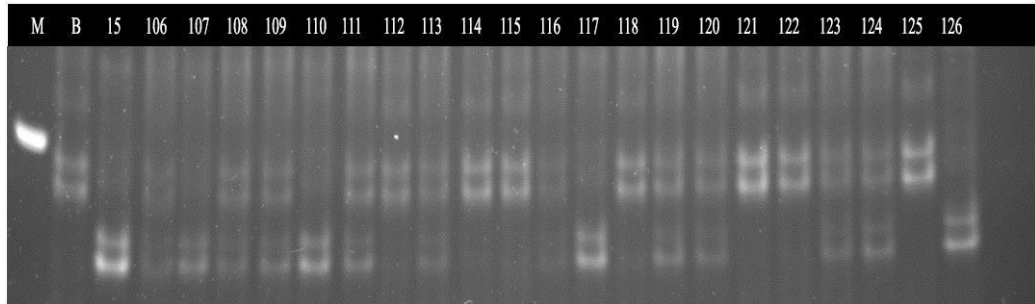
**Şekil 4.4.**GWM121 primerinin  $F_2$  popülasyonunun 43-63 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 43-63  $F_2$  bireyleri, M: Markör).



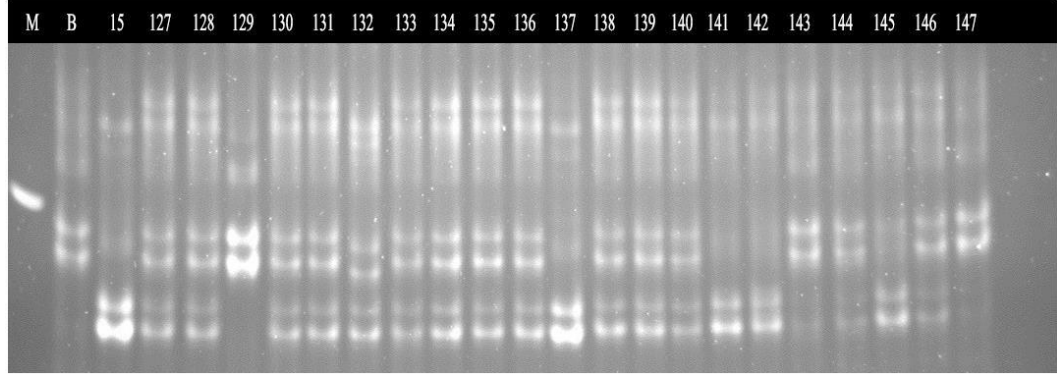
**Şekil 4.5**GW M121 primerinin  $F_2$  populasyonunun 64-84 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 64-84  $F_2$  bireyleri, M: Markör).



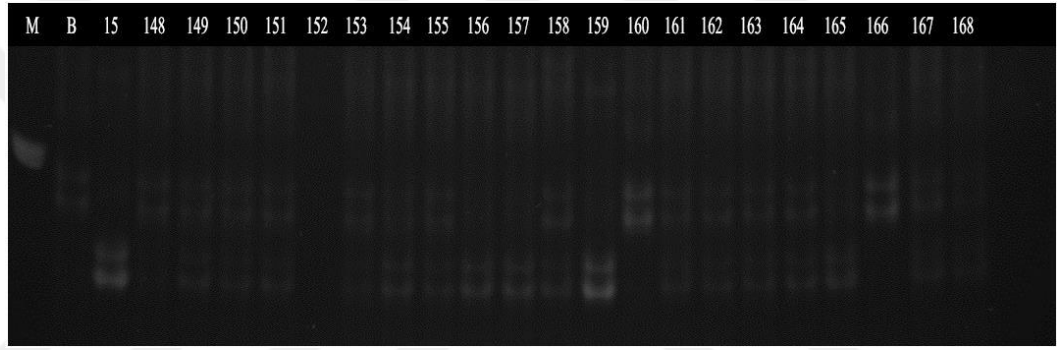
**Şekil 4.6.**GW M121 primerinin  $F_2$  populasyonunun 85-105 numaralı bireylerdeki sonuçları(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 85-105  $F_2$  bireyleri, M: Markör).



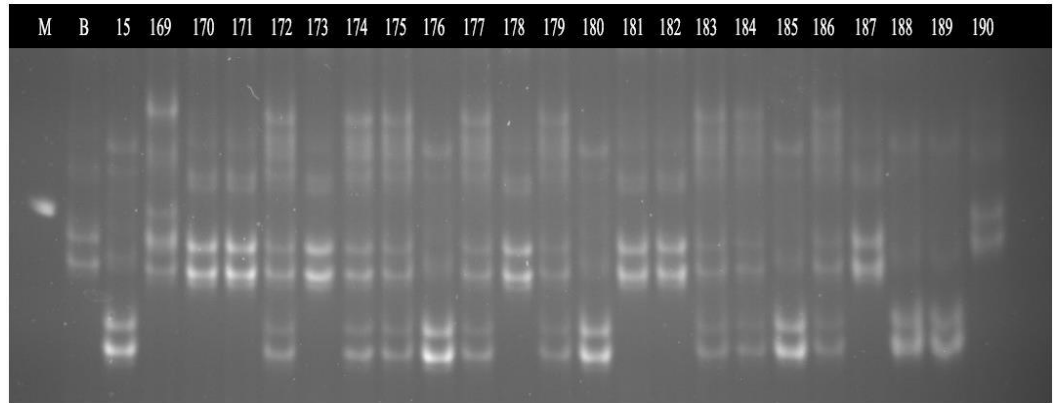
**Şekil 4.7.**GW M121 primerinin  $F_2$  populasyonunun 106-126 numaralı bireylerdeki sonuçları(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 106-126  $F_2$  bireyleri, M: Markör).



**Şekil 4.8.**GW M121 primerinin  $F_2$  popülasyonunun 127-147 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 127-147  $F_2$  bireyleri, M: Markör).



**Şekil 4.9.**GW M121 primerinin  $F_2$  popülasyonunun 148-168 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 148-168  $F_2$  bireyleri, M: Markör).



**Şekil 4.10.**GW M121 primerinin  $F_2$  popülasyonunun 169-190 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 169-190  $F_2$  bireyleri, M: Markör).



Basribey x 15 nolu hat kombinasyonuna ait  $F_2$  bitkilerindeki bireylerin GWM121 markörü ile taranması sonucu 190 bireydeki anne, baba ve heterozigot genotipik bant desenleri Çizelge 4.1’de verilmiştir. Çizelge 4.1’de ‘0’ olarak ifade edilen bireylerde bant deseni gözlenememiştir. Bu bireylerden 49 tanesi anne bant desenini, 32 tanesi baba bant desenini, 107 tanesi ise heterozigot bant desenini göstermektedir. Ayrıca 2 tane bireyde ise bant deseni gözlenememiştir.

Projede kullanılan SSR primerlerinin taranması sonucunda bazı primerler analiz dışında bırakılmıştır. Bu SSR primerleri anne ve babada polimorfik sonuç vermelerine rağmen  $F_2$  bireylerinde stabil olmayan bant deseni sergilememişler veya farklı jellerde farklı boyutlarda bant vermişlerdir. Ebeveynlerde polimorfizm gösteren diğer bazı SSR primerleri ise yine  $F_2$  populasyonunda beklenmedik monomorfik sonuçlar vermiştir. Bu nedenlerle 20 SSR primeri içerisinde 11 tanesi ebeveynlerde polimorfik sonuç verdiği için haritalama çalışmasında kullanılmıştır. 11 primerden GWM121 dışındaki diğer 10 primerin jel görüntüleri ise Ekler kısmında verilmiştir.

Turanlı vd., (2014)’nın yaptığı çalışmada belirlenen ve QTL haritalamasında kullanılan  $F_2$  populasyonuna ait bitkilerin  $F_3$  ailelerinde her ailede 10 bitki olacak şekilde kloroz, kıvrılma, afit yoğunluğu özelliklerine ait fenotipleme sonuçları alınmıştır (Çizelge 4.2). Haritalama çalışmalarında, fenotiplenen 10 bitkinin ortalama skor değerleri kullanılmıştır.

**Çizelge 4.2.** Basribey x 15 nolu hat melezlemesinin F3 ailelerinde QTL fenotipleme sonuçları

F3 Aile No	Kloroz	Kıvrılma	Afit Yoğunluğu	F3 Aile No	Kloroz	Kıvrılma	Afit Yoğunluğu
1	3.11	2.56	2.00	54	4.80	3.00	0.70
2	4.20	2.90	1.50	55	4.00	1.90	1.90
3	3.80	2.90	2.00	56	4.10	2.40	1.60
4	3.50	2.30	1.80	57	4.10	2.70	1.60
5	4.70	2.50	1.10	58	4.44	2.67	1.44
6	4.00	2.50	1.70	59	4.89	3.00	0.89
7	4.20	3.00	1.89	60	5.00	2.80	0.70
8	5.50	3.00	0.50	61	3.50	3.00	2.63
9	5.80	3.00	0.30	62	4.30	3.00	1.60
10	4.63	2.75	1.38	63	4.50	2.40	1.20
11	5.33	2.78	0.56	64	4.70	3.00	1.20
12	3.00	1.70	2.30	65	3.33	1.89	1.89
13	4.80	2.90	1.20	66	3.63	3.00	2.38
14	3.20	1.60	2.60	67	4.00	1.89	1.78
15	4.33	2.33	1.33	68	4.40	2.40	1.20
16	3.60	1.60	2.00	69	4.30	2.60	1.50
17	4.50	2.25	1.25	70	5.11	2.56	0.56
18	4.11	2.11	1.56	71	4.90	2.80	0.80
19	5.00	3.00	1.00	72	4.10	2.10	1.60
20	2.70	2.10	2.00	73	5.11	2.44	0.44
21	4.40	2.80	1.60	74	4.20	2.30	1.10
22	4.70	2.20	1.10	75	3.63	1.50	1.63
23	4.00	1.89	1.67	76	3.80	2.00	1.70
24	3.60	1.30	1.70	77	4.40	2.50	1.20
25	3.22	2.33	2.67	78	5.70	3.00	0.30
26	4.60	3.00	1.40	79	4.00	2.50	1.25
27	2.60	2.40	2.20	80	4.80	2.50	1.10
28	3.89	2.00	1.78	81	4.00	2.30	1.60
29	3.60	2.50	2.20	82	4.67	2.22	1.11
30	4.70	3.00	1.30	83	4.35	2.31	1.22
31	5.40	3.00	0.60	84	4.20	2.30	1.30
32	3.40	1.70	2.00	85	4.50	2.40	1.50
33	5.00	2.70	0.80	86	4.78	3.00	1.11
34	4.22	2.56	1.44	87	4.90	2.70	1.00
35	4.80	2.40	0.70	88	4.80	2.60	0.90
36	4.78	3.00	1.11	89	4.22	2.56	1.44
37	3.70	2.00	1.70	90	4.33	2.33	1.22
38	5.33	2.83	0.67	91	5.00	2.75	0.63
39	4.11	2.33	1.56	92	3.33	2.22	2.33
40	5.00	3.00	1.00	93	2.90	1.90	2.00
41	4.22	2.44	1.67	94	2.80	2.10	2.10
42	4.11	2.33	1.33	95	4.80	2.60	0.80
43	4.20	3.00	1.80	96	4.13	2.38	1.38
44	3.88	2.75	1.88	97	3.50	2.60	2.00
45	5.40	3.00	0.50	98	3.89	3.00	1.89
46	4.60	2.60	1.20	99	2.57	2.00	2.14
47	3.20	2.20	2.00	100	2.60	1.50	1.50
48	4.30	2.60	1.50	101	4.00	2.83	1.83
49	4.22	2.33	1.89	102	4.50	2.00	1.00
50	5.80	3.00	0.20	103	3.30	1.90	2.50
51	4.60	2.60	1.20	104	3.63	1.88	1.75
52	4.89	2.89	1.00	105	2.50	2.10	2.00
53	2.86	2.14	2.43	106	4.75	3.00	1.25

**Çizelge 4.2.** Basribey x 15 nolu hat melezlemesinin F3 ailelerinde QTL fenotipleme sonuçları (Devamı)

F3 Aile No	Kloroz	Kıvrılma	Afit Yoğunluğu	F3 Aile No	Kloroz	Kıvrılma	Afit Yoğunluğu
107	4.50	2.63	1.00	149	3.40	1.20	2.40
108	3.50	2.38	2.00	150	4.30	2.10	1.70
109	3.75	2.25	1.75	151	4.40	2.50	1.40
110	3.13	1.38	2.13	152	3.00	2.13	1.88
111	4.00	2.89	1.78	153	3.50	2.88	2.13
112	4.00	2.60	1.80	154	4.56	3.00	1.33
113	3.56	1.78	2.00	155	3.33	1.56	2.22
114	3.14	2.00	2.00	156	4.50	2.60	1.00
115	3.56	1.56	1.89	157	3.70	2.90	1.90
116	2.70	2.20	2.10	158	5.11	2.78	0.78
117	2.70	1.70	2.50	159	3.10	1.70	2.60
118	3.70	2.20	1.50	160	4.60	3.00	1.80
119	3.60	2.50	1.40	161	3.40	2.00	2.30
120	3.88	1.88	1.75	162	3.22	1.44	2.44
121	3.11	1.89	2.00	163	3.75	2.75	1.75
122	5.20	3.00	0.80	164	4.13	3.00	1.63
123	4.00	2.57	1.71	165	3.33	2.00	1.56
124	4.30	2.60	1.30	166	3.86	3.00	1.86
125	4.50	2.63	1.25	167	4.40	3.00	1.10
126	5.67	3.00	0.33	168	2.89	1.22	2.67
127	5.56	3.00	0.22	169	5.20	3.00	0.50
128	3.40	2.30	1.70	170	4.44	2.33	1.22
129	4.50	3.00	1.30	171	4.00	2.78	1.56
130	5.50	3.00	0.50	172	3.60	1.60	2.10
131	4.90	2.80	1.00	173	3.80	2.70	1.70
132	4.00	2.20	1.60	174	3.60	2.20	1.70
133	4.10	1.80	1.60	175	3.60	2.20	2.00
134	4.30	2.30	1.50	176	3.90	2.30	1.50
135	4.30	1.70	1.40	177	3.44	1.89	2.00
136	4.70	3.00	1.30	178	3.78	2.78	2.11
137	4.50	3.00	1.30	179	3.25	2.63	2.13
138	5.20	3.00	0.80	180	3.63	2.25	1.63
139	3.50	1.30	1.90	181	4.10	3.00	1.60
140	3.78	1.78	2.00	182	2.63	2.50	2.25
141	4.50	2.80	0.70	183	3.60	2.70	1.80
142	4.44	2.00	0.89	184	3.90	2.20	1.90
143	4.75	2.38	0.88	185	3.10	2.00	1.80
144	4.20	1.60	1.70	186	4.00	2.10	1.60
145	4.57	2.43	0.57	187	3.00	2.40	2.30
146	3.70	2.60	1.50	188	4.00	2.56	1.56
147	4.31	2.29	1.22	189	3.50	1.80	1.80
148	4.50	2.10	1.50	190	4.10	2.10	1.10

Klorosiz ve yaprak kıvrılma özelliklerininin F<sub>2</sub> generasyonunda genotipik ve F<sub>3</sub> ailelerindeki fenotipik açılma oranları Çizelge 4.3'de verilmiştir. Afit yoğunluğu özelliği Rus buğday afindinin buğday bitkilerinde vermiş olduğu zararlar tam olarak ilişkilendirilemediği için khi-kare analizine bu özellik tabi tutulmamıştır.



Yaprak klorozu açısından 190 F<sub>2:3</sub> ailesinden 43 aile homozigot dayanıklı, 97 aile heterozigot dayanıklı ve 50 aile homozigot duyarlı olarak belirlenmiştir. Khi-kare analizi sonuçlarına göre; bu ailelerin F<sub>2</sub> bitkileri 1RR: 2Rr: 1rr genotipik açılma oranına sahip olmuştur ( $\chi^2 = 0.61$ , P = 0.74). Aynı F<sub>2</sub> bitkileri 3R:1S oranında fenotipik açılma oranı sergilemişlerdir ( $\chi^2 = 0.59$ , P = 0.46). Her iki dağılım oranı da tek bir dominant gen modeline uymaktadır.

Yaprak kıvrılması özelliği bakımından ise 190 F<sub>2:3</sub> ailesinden 43 aile homozigot dayanıklı, 103 aile heterozigot dayanıklı ve 44 aile ise homozigot duyarlı olarak saptanmıştır. Khi-kare analizi sonuçlarına göre; bu ailelerin F<sub>2</sub> bitkilerinde 1RR: 2Rr: 1rr genotipik açılma oranı elde edilmiştir ( $\chi^2 = 1.38$ , P = 0.50). Aynı F<sub>2</sub> bitkileri ise yaprak kıvrılması özelliği bakımından 3R:1S oranında fenotipik açılma oranı sergilemişlerdir ( $\chi^2 = 0.38$ , P = 0.57). Yaprak klorozunda olduğu gibi buradaki kalıtımın da tek dominant gen modeli olduğu gözlenmiştir.

**Çizelge 4.3.** Rus buğday afidinde yaprak klorozu ve yaprak kıvrılması fenotipik açılma oranları

Açılma	Gözlemlenen oran	Beklenen oran	$\chi^2^*$	P değeri
Yaprak klorozu				
F <sub>2</sub> <sup>!</sup>	140 : 50	143 : 47	0.59	0.46 > 0.05
F <sub>2:3</sub> <sup>#</sup>	43 : 97 : 50	48 : 94 : 48	0.61	0.74 > 0.05
Yaprak kıvrılması				
F <sub>2</sub> <sup>!</sup>	146 : 44	143 : 47	0.38	0.57 > 0.05
F <sub>2:3</sub> <sup>#</sup>	43 : 103 : 44	48 : 94 : 48	1.38	0.50 > 0.05

\* Bulunan  $\chi^2$  değeri (F<sub>2</sub> için P=0.05 df=1, F<sub>2:3</sub> 'de df = 1) = 3.8

! 3 homozigot ve heterozigot dayanıklı: 1 duyarlı) Tek bir dominant genle Mendel fenotipik açılma oranı

# 1 homozigot dayanıklı : 2 heterozigot dayanıklı: 1 homozigot duyarlı. Tek bir dominant genle Mendel genotipik açılma oranı,

2014'te yapılan TÜBİTAK projesinde (Turanlı vd., 2014) ve sonrasında yapılan çalışmada (Tonk et al., 2015) haritalanmış primerlere ilaveten bu çalışmada kullanılan primerlerle (11 adet) birlikte toplamda 85 adet SSR primeri haritalama çalışmasında yer almıştır. Kullanılan SSR primerleri ve kromozom lokasyonları Çizelge 4.4'de verilmiştir. Bu çalışmayla haritalamaya eklenen primerler koyu renk olarak Çizelge 4.4'de gösterilmiştir. Bu 85 adet primerden 46adedi harita üzerinde yer alırken, 39 adedi haritalanamamıştır. 46 adet markör 14 linkage grubu üzerinde haritalanmıştır. Bir linkage grupları üzerinde maksimum 7 markör (LG1) yer alırken, bu sayı minimum 2 olmuştur.

**Çizelge 4.4.** QTL analizinde kullanılan SSR primerleri ve kromozom lokasyonları.

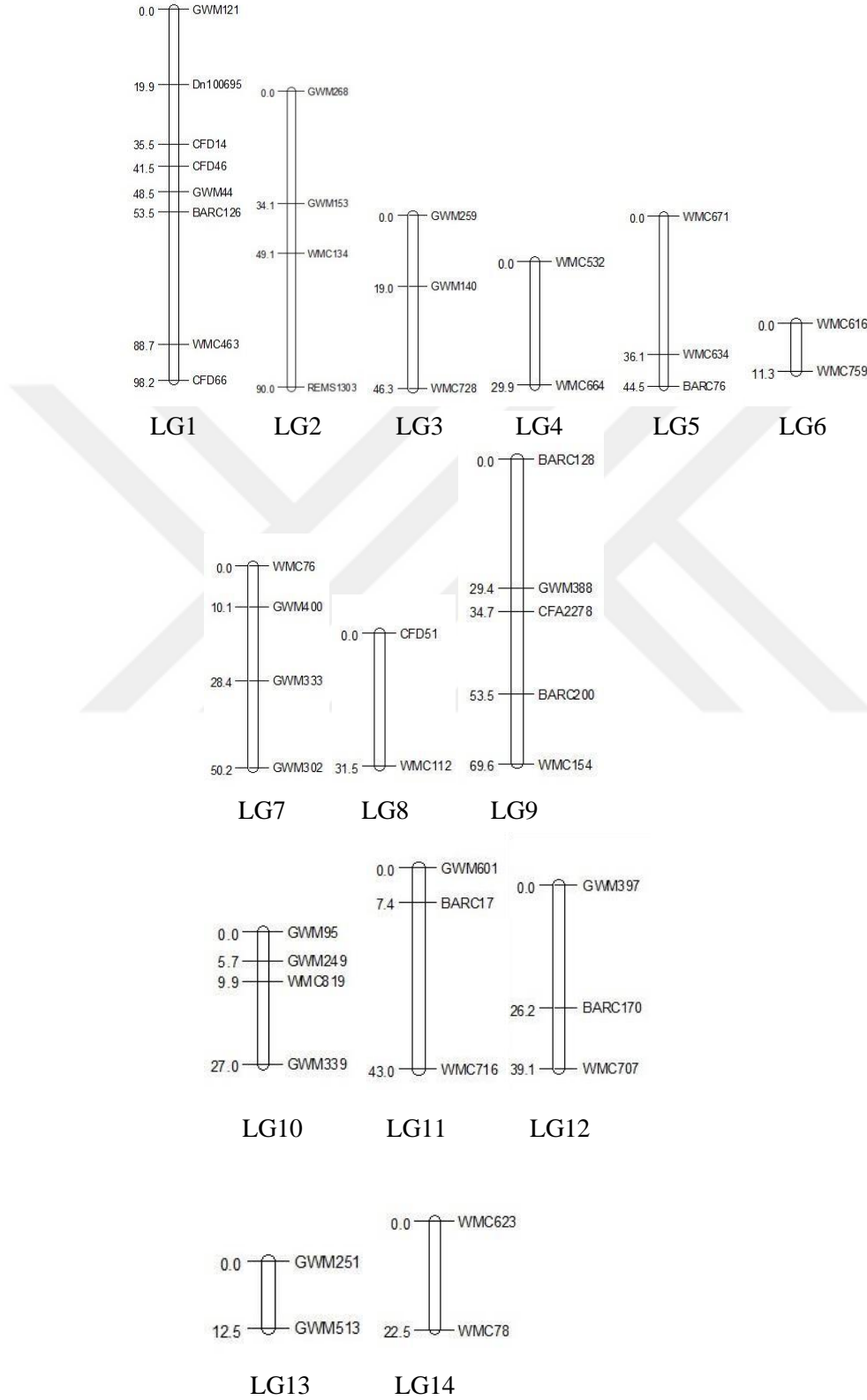
No	Kromozom lokasyonu	Markör	No	Kromozom lokasyonu	Markör
1	1A	GWM136	44	4B	GWM513
2	1A	BARC17	45	4B-4D	GWM251
3	1A	GWM357	46	4D	WMC331
4	1A	WMC716	47	4D	GWM194
5	1A-1B	WMC818	48	4D	GWM609
6	1B	GWM268	49	5A	BARC40
7	1B	rems1303	50	5A	GWM291
8	1B	GWM140	51	5A	BARC56
9	1B-3B	GWM153	52	5B	WMC616
10	1B	WMC128	53	5B	WMC759
11	1B	WMC134	54	5B	WMC75
12	1B	GWM259	55	5D	WMC443
13	1B-2A-5B	WMC728	56	5D	gdm63
14	1D	GWM337	57	6A	GWM169
15	7D	BARC76	58	6A	BARC37
16	1D	CFD63	59	6B	WMC486
17	1D-7A-1B-7B	GWM106	60	6B	GWM219
18	2A	GWM339	61	6D	CFD49
19	2A-2D	GWM249	62	7A	GWM276
20	2A	WMC407	63	7A	WMC596
21	2A	WMC658	64	7B	GWM302
22	2A	WMC819	65	7B	GWM400
23	2A	GWM95	66	7B	GWM333
24	2B	BARC200	67	7B	WMC76
25	2B	cfa2278	68	7D	WMC463
26	2B	GWM388	69	7D	WMC634
27	2B	WMC154	70	1D	GWM 642
28	2D	CFD51	71	<b>7D</b>	<b>BARC214</b>
29	2D	WMC112	72	<b>7D / 5B / 1B</b>	<b>BARC128</b>
30	3A	WMC169	73	<b>7A-7D</b>	<b>CFD68</b>
31	3A	WMC532	74	<b>2D/3A/3D/4D/7A /7D</b>	<b>CFD193</b>
32	3A	WMC664	75	<b>5D/7D</b>	<b>GWM121</b>
33	3B	WMC78	76	<b>3A/5A/5D/6A/7D</b>	<b>WMC150</b>
34	3B	GWM340	77	<b>4A/6B/7D</b>	<b>WMC473</b>
35	3B	WMC623	78	<b>7A/7D</b>	<b>WMC488</b>
36	3D	GWM161	79	<b>7D /2A</b>	<b>WMC702</b>
37	3D	CFD141	80	<b>2D / 7D</b>	<b>WMC797</b>
38	4A	BARC170	81	<b>7B / 7D</b>	<b>GWM111</b>
39	4A-7D	GWM44	82	7D /4A	GWM44
40	4A	GWM601	83	7D	CFD14
41	4A	WMC313	84	7D	CFD46
42	4A	WMC707	85	7D	BARC126
43	4A	GWM397			

Oluşturulan linkage haritası 1226.9 cM olup 14 linkage grubundan meydana gelmiştir (Şekil 4.11.). İki markör arasındaki ortalama uzaklık 26.67 cM olarak belirlenmiştir.

Linkage grubu 1 (LG1) 365.9 cM uzunluğunda olup en büyük linkage grubunu oluşturmaktadır ayrıca 7 adet markörden oluşmaktadır. Haritanın %15.22'sini oluşturmuş ve iki markör arasındaki ortalama uzaklık 52.27 cM olarak belirlenmiştir. Linkage grubu 2 (LG2) 173.2 cM uzunluğunda olup 4 adet markör bu grupta haritalanmıştır. Haritanın %8.7' sini oluşturan bu grupta 2 markör arasındaki ortalama uzaklık 43.3 cM olarak belirlenmiştir. LG3 65.3 cM büyüklükten oluşmuş ve üzerinde 3 adet markör yer almıştır. Toplam haritanın %6.4'ünü oluşturan bu grupta 3 markör arasındaki uzaklık 21.77 cM olarak saptanmıştır. LG4, 29.9 cM büyüklükten oluşmuş ve 2 adet markörden meydana gelmiştir. Haritanın %4.2' sini oluşturmuş ve 2 markör arasındaki uzaklık 14.95 cM olarak belirlenmiştir (Çizelge 4.5).

LG5, 80.6 cM uzunluğunda ve 3 adet markörden meydana gelmiştir. Haritanın %6.4'ünü oluşturmuş ve iki markör arasındaki ortalama mesafe 28.87 cM olarak saptanmıştır. LG6 en küçük linkage grubu olup 11.3 cM büyüklükten oluşmuş ve üzerinde 2 adet markör yer almıştır Toplam haritanın %4.2'sini oluşturan bu grupta 2 markör arasındaki uzaklık 5.65 cM olarak saptanmıştır. LG7 88.7 cM uzunlukta ve 4 adet markörden meydana gelmiştir. Toplamda haritanın %8.7'sini oluşturan grupta 4 markör arasındaki ortalama uzaklık 22.18 cM olarak saptanmıştır. LG8 31.5 cM uzunlukta ve 2 adet markörden meydana gelmiştir. Haritanın %4.2'sini oluşturan grupta 2 markör arasındaki ortalama uzaklık 15.75 cM olarak belirlenmiştir. LG9 187.2 cM uzunlukta ve 5 adet markörden meydana gelmiştir. Haritanın %10.7'sini oluşturan grupta 5 markör arasındaki ortalama uzaklık 37.44 cM belirlenmiştir. LG10 42.6 cM uzunluğunda, 4 adet markörden meydana geldiği, haritanın %8.7'sini oluşturduğu ve bu grupta 4 markör arasındaki uzaklığın 10.65 cM olduğu belirlenmiştir. LG11 50.4 cM uzunlukta ve 3 adet SSR marköründen meydana gelmiştir. Bu grup haritanın %6.4'ünü oluşturmuş ve bu gruptaki 3 markör arasındaki uzaklık 16.8 cM olarak belirlenmiştir. LG12 65.3 cM uzunluğunda ve 3 adet markörden meydana gelmiştir. Haritanın %6.4'ünü oluşturmuş ve 3 markör arasındaki uzaklık 21.77 cM olarak belirlenmiştir. LG13 12.5 cM uzunluğundadır ve bu grupta 2 adet markör haritalanmıştır. Haritanın %4.2'sini oluşturan grupta 2 markör arasındaki uzaklık 6.25 cM olarak hesaplanmıştır. LG14 22.5 cM uzunlukta oluşmuş ve üzerinde 2 adet markör haritalanmıştır. Toplam haritanın %4.2'sini oluşturan

grupta 2 markör arasındaki ortalama uzaklık 11.25 cM olarak saptanmıştır (Çizelge 4.5).



Şekil 4.11. Basribey x 15 nolu hat F<sub>2</sub> populasyonunda elde edilen linkage genom haritası.

**Çizelge 4.5.** F<sub>2</sub> populasyonunda elde edilen linkage haritasının özellikleri.

Linkage Grubu(LG)	Uzunluk (cM)	Markör Sayısı	İki Markör Arası Ortalama Uzaklık (cM)
LG1	365.9	7 (%15.22)	52.27
LG2	173.2	4 (%8.7)	43.3
LG3	65.3	3 (%6.4)	21.77
LG4	29.9	2 (%4.2)	14.95
LG5	80.6	3 (%6.4)	28.87
LG6	11.3	2 (%4.2)	5.65
LG7	88.7	4 (%8.7)	22.18
LG8	31.5	2 (%4.2)	15.75
LG9	187.2	5 (%10.7)	37.44
LG10	42.6	4 (%8.7)	10.65
LG11	50.4	3 (%6.4)	16.8
LG12	65.3	3 (%6.4)	21.77
LG13	12.5	2 (%4.2)	6.25
LG14	22.5	2 (%4.2)	11.25
Toplam	1226.9	46	26.67

#### 4.1. Kloroz özelliği ile ilgili QTL analizi sonuçları

İncelenen özelliklerden kloroz özelliğine ait markör regresyon analizi sonucunda 7 adet QTL belirlenmiştir. Bunlardan ikisi (WMC702 ve WMC150) herhangi bir linkage grubunda yer almamış ve WMC702 markörü fenotipik varyasyonu %4.4 ve WMC150 markörü ise %4.3 olarak açıklamıştır. CFD14, CFD46, WMC463 ve BARC126 markörleri ise 1. linkage grubunda yer almış ve sırasıyla toplam fenotipik varyasyonun %7, %5.3, %4.5 ve %4.4 olarak açıklamışlardır. WMC112 markörü ise 8. linkage grubunda yer almış ve fenotipik varyasyonu %4.4 olarak açıklamıştır (Çizelge 4.6).

**Çizelge 4.6.** Kloroz özelliğine ait markör regresyon analizi sonuçları.

Markör	Linkage Grup (LG)	R <sup>2</sup>	LOD
CFD14	LG1	7	2.99
CFD46	LG1	5.3	2.26
WMC463	LG1	4.5	1.89
WMC702	Bağımsız	4.4	1.88
BARC126	LG1	4.4	1.84
WMC112	LG8	4.4	1.84
WMC150	Bağımsız	4.3	1.81

#### 4.2. Kıvrılma özelliği ile ilgili QTL analizi sonuçları

QTL analizlerinde incelenen yaprak kıvrılmasına ilişkin sonuçlar Çizelge 4.7'de verilmiştir. Bu özellik ile ilgili 9 adet QTL bölgesi saptanmıştır. Çizelge incelendiğinde; WMC702 ve BARC214 markörleri herhangi bir linkage grubunda yer almamasına rağmen toplam fenotipik varyasyonun sırasıyla %16.7 ve

%4.6'sını açıklamışlardır. LG9 grubunda bulunan GWM388 markörü ise toplam varyasyonun %5.9'luk bir bölümünü açıklamıştır. Kıvrılma özelliğinde gözlenen toplam fenotipik varyasyonun %38.1 gibi büyük bir kısmı birinci linkage grubunda bulunan CFD14 primeri tarafından açıklanmıştır.

**Çizelge 4.7.** Kıvrılma özelliğine ait markör regresyon analizi sonuçları.

Markör	Linkage Grup (LG)	R <sup>2</sup>	LOD
CFD14	LG1	38.1	19.81
CFD46	LG1	35.9	18.36
GWM44	LG1	29.3	14.31
BARC126	LG1	21	9.74
WMC702	Bağımsız	16.7	7.54
GWM121	LG1	7.1	3.06
GWM388	LG9	5.9	2.53
WMC463	LG1	5.3	2.26
BARC214	Bağımsız	4.6	1.93

### 4.3. Afid yoğunluğu özelliği ile ilgili QTL analizi sonuçları

Afid yoğunluğu QTL analizlerinde incelenen bir diğer özellik olup bu özellikle ilgili markör regresyon analizi sonucunda 3 adet QTL belirlenmiştir. Bunlardan iki tanesi (WMC407 ve CFD49) herhangi bir linkage grubunda yer almamış ve toplam varyasyonun sırasıyla %6.4'ünü ve %5.4'ünü açıklamıştır. Diğer QTL LG1 grubunda bulunan WMC463 markörü toplam fenotipik varyasyonun %4.6'sını açıklamıştır (Çizelge 4.8).

**Çizelge 4.8.** Afid yoğunluğu özelliğine ait markör regresyon analizi sonuçları.

Markör	Linkage Grup (LG)	R <sup>2</sup>	LOD
WMC407	Bağımsız	6.4	2.72
CFD49	Bağımsız	5.4	2.28
WMC463	LG1	4.6	1.96

Basribey x 15 nolu hat haritalama populasyonunda, genom haritası 1226.9 cM uzunluğunda ve 14 linkage grubundan oluşmuştur. İki markör arasındaki ortalama uzaklık 26.67 cM olarak belirlenmiştir. İncelenen özelliklere ait markör regresyon analizi sonuçlarına göre; kloroz özelliğine ait 7, kıvrılma özelliğine ait 9 ve afid yoğunluğu özelliğine ait 3 adet QTL belirlenmiştir. Bu QTL'lerden özellikle CFD14, CFD46 ve GWM44 markörleri kıvrılma özelliğinde görülen fenotipik varyasyonun büyük bir bölümünü açıklamıştır. Bu markörlerin kıvrılma özelliğini açıklama yüzdeleri sırasıyla %38.1, %35.9, %29.3'tür.

## 5. SONUÇ VE TARTIŞMA

Ülkemizde önemli buğday üretim alanlarında yaygın olarak görülen Rus buğday afidinin (*Diuraphis noxia*) geçmişte yapmış olduğu epidemilerle büyük çapta zarar verdiği görülmüştür. Bu zararlı ile mücadelede ise kimyasal ve biyolojik yöntemlerle savaşıldığında bu yöntemlerin yetersiz olduğu görülmüştür ve böylece dayanıklılık ıslah çalışmalarına hız verilmiştir. Genetik haritalama çalışmalarında kullanılan SSR yönteminin kullanımı, sağladığı faydalardan dolayı gittikçe artmaktadır. SSR'lar polimorfik olduğundan bitkilerde kısa sürede yoğun bilgiye ulaşılması kolaydır. Rus buğday afidine dayanıklı olarak geliştirilen çeşitlerle, zararlının sorun olduğu bölgelerde başarılı sonuçlar elde edilmiştir. Fakat geliştirilen bu dayanıklı çeşitlerdeki dayanıklılık genleri, Rus buğday afidinin yeni biyotiplerince kırılıp zararlının yeniden etkin olduğu gözlenmiştir. Devamlı olarak yapılan ıslah çalışmalarıyla meydana gelen biyotiplere karşı çözüm olması maksadıyla yeni dayanıklılık genleri belirlenip, hassas olan çeşitlere aktarılmıştır.

Ülkemizde Rus buğday afidine karşı en kapsamlı çalışma 2010 yılında Turanlı vd. (2014)'nin "Rus Buğday Afidi'ne Dayanıklı Buğday Çeşitlerimizin ve Dayanıklılık Mekanizmalarının Saptanması" isimli bir TÜBİTAK projesiyle yapılmıştır. Yapılan bu çalışmayla; Rus buğday afidine karşı dayanıklılık durumlarının incelenmesi, ülkemizde bulunan buğday çeşitlerinin hangi dayanıklılık genlerine sahip olduğunun belirlenmesi, dayanıklılık genlerinin hassas çeşitlerimize geri melezlemeyle aktarılması, dayanıklı olduğu ortaya çıkan çeşitlerle hassas olarak belirlenen çeşitler arasında F<sub>2</sub> ve F<sub>3</sub> populasyonları oluşturularak QTL analizinin yapılması ve uygun moleküler markörlerin ortaya konması ve yapılan testlere göre *D. Noxia*'ya en dayanıklı ve hassas iki çeşidin bazı biyokimyasal ve fizyolojik özelliklerinin karşılaştırılması amaçlanmıştır. Yapılan proje sonucunda; ülkemizde ve bölgemizde farklı kaynaklardan dayanıklı genotipler belirlenmiş ve bu belirlenen dayanıklılık genleri yerel çeşitlerimize geri melezleme yöntemiyle aktarılmaya başlamıştır (Turanlı vd., 2014). Ayrıca dayanıklılık sağlayan genin 7DS kromozomu üzerinde yer aldığı saptanmıştır.

Turanlı ve ark., (2014)'nin yaptığı projede afide duyarlı Basribey yerli çeşidi ile ICARDA'dan temin edilen 15 nolu hat arasında melezlemeler yapılmış ve bunların F<sub>2</sub> generasyonu elde edilmiştir. 190 F<sub>2</sub> tek bitkisinden oluşan bu populasyon haritalama populasyonu olarak kullanılmıştır. Populasyon, SSR

markörlerinin taranması ile afide dayanıklılığı sağlayan gen ya da gen bölgesine en yakın markörü belirlemek amacıyla kullanılmıştır. F<sub>2</sub> populasyonu SSR markörleriyle genotipleme amacıyla taranırken aynı F<sub>2</sub> bitkilerinin F<sub>3</sub> aileleri afide dayanıklılıkta kloroz, kıvrılma ve afit yoğunluğu özelliklerinin fenotiplenmesi için değerlendirilmiştir. Daha önceki çalışmalarda Rus buğday afidinin farklı biyotiplerine karşı dayanıklılıkta markör veya aday markör olarak belirlenen primerler haritalama çalışmalarında kullanılmıştır. Elde edilen sonuçlara göre bu populasyondaki dayanıklılık geni *Dn6* geni olarak belirlenmiştir. GWM44 markörü bu gene en yakın markör olarak saptanmış ve buğdayın Rus afidine karşı göstermiş olduğu yaprak kıvrılma özelliğinde gözlenen fenotipik varyasyonu açıklamıştır.

Bu projeden sonra Tonk et al., (2016) aynı haritalama populasyonunu kullanarak SSR markörü olan GWM44 markörünün bulunduğu buğdayın 7D kromozomunun kısa kolunda yer alan 10 tane ilave SSR markörünü 190 F<sub>2</sub> tek bitkisinde yeniden değerlendirmiştir. Aynı linkage grubunda bulunan ve yaprak kıvrılmasındaki fenotipik varyasyonu büyük oranlarda açıklayan, GWM44 markörü de dâhil toplam 4 SSR markörünün dayanıklılıkla ilişkili olduğunu tespit etmişlerdir.

Bu tez çalışması ise yukarıda açıklanan proje ve ek çalışma sonucunda Rus buğday afidine dayanıklılık sağlayan genin bulunduğu 7DS kromozomu üzerinde söz konusu dayanıklılık genine daha yakın ve/veya yeni SSR markörlerini belirlemek amacıyla yapılmıştır. Bu amaçla projede kullanılan haritalama populasyonundan yararlanılarak buğdayın 7D kromozomunun kısa kolunda lokalize olmuş SSR markörleri ile rus buğday afidi dayanıklılığı arasındaki ilişkiler incelenmiştir.

Tez çalışmasında Basribey x 15 nolu hat melezinin 190 F<sub>2</sub> tek bitkisinden oluşan haritalama populasyonu kullanılmıştır. Rus buğday afidinin buğday bitkisinde verdiği zarar kloroz, yaprak kıvrılması ve afit yoğunluğu skorlamaları ile değerlendirilmiş ve bu veriler projeden alınmıştır. Haritalama populasyonunda TÜBİTAK projesi ve ek çalışmada belirlenen SSR markörlerinin lokalize olduğu veya QTL bölgesinin belirlendiği 7D kromozomunun kısa kolunda daha önceden haritalanmış toplam 20 adet SSR markörünün taranması hedeflenmiştir. Bunlardan 11 adedi ebeveynler arasında polimorfik sonuçlar vermiş ve haritalama popülasyonunda sadece bu primerler incelenmiştir. Rus buğday afidine dayanıklılıkta kullanılan kloroz, kıvrılma ve afit yoğunluğu özelliklerini kontrol eden genler SSR markörleriyle saptanmaya



çalışılmıştır. Sonuç olarak Basribey x 15 nolu hat melezinin F<sub>2</sub> haritalama populasyonunda, genom haritası 1226.9 cM uzunluğunda ve 14 linkage grubundan oluşmuştur. İki markör arasındaki ortalama uzaklık 26.67 cM olarak belirlenmiştir. İncelenen özelliklere ait markör regresyon analizi sonuçlarına göre; kloroz özelliğine ait 7, kıvrılma özelliğine ait 9 ve afit yoğunluğu özelliğine ait 3 adet QTL belirlenmiştir. Bu QTL'lerden özellikle CFD14, CFD46, GWM44, BARC126 ve WMC702 markörleri, kıvrılma özelliğinde görülen fenotipik varyasyonun büyük bir bölümünü açıklamıştır. Bu markörlerin fenotipik varyasyonu açıklama yüzdeleri sırasıyla %38.1, %35.9, %29.3, %21 ve %16.7'dir. Bu markörlerin lod skorları ise sırasıyla 19.81, 18.36, 14.31, 9.74 ve 7.54'dür. GWM121 markörü dayanıklılık geninin hemen üst kısmında genden 19.9 cM uzaklıkta haritalanmış ve afidin bitkide oluşturduğu kıvrılma özelliğindeki fenotipik varyasyonu %7.1 oranında açıklamıştır.

Tonk et al., (2016)'un yaptığı çalışmada yaprak kıvrılmasıyla ilişkili QTL bölgesinde, GWM44 markörü de dahil 4 markör tespit edilmiştir. CFD14 markörünün yaprak kıvrılmasındaki fenotipik varyasyonun %38.1'ini açıklarken, maksimum lod skoru 19.81 olarak bulunmuştur. Aynı mikrosatellit grubunda yer alan CFD46 ise fenotipik varyasyonun %35.9'unu açıklamıştır ve lod skoru ise 18.36'dır. GWM44 ve BARC126 markörlerinin fenotipik varyasyonları sırasıyla; %29.3 ve %21 açıklamışlar, lod skorları ise sırasıyla 14.31 ve 9.74 olarak belirlenmiştir. Bu çalışmada elde edilen sonuçlara göre ise yaprak klorozu için, CFD14 markörü fenotipik varyasyonu %7, lod skoru ise 2.99 olarak açıklamıştır. Kıvrılma özelliğiyle ilgili lod skoru 3 ve üzeri olan 6 adet SSR markörü belirlenmiştir. Gene yakın olarak ve bu çalışmada tespit edilen GWM121 markörü ise kıvrılma özelliğindeki fenotipik varyasyonu %7.1 oranında açıklamış, lod skoru ise 3.06 olarak belirlenmiştir.

Liu et al., (2005), yaptıkları bir başka araştırmada, *Dn1*, *Dn2*, *Dn5* *Dn6* ve *Dnx* genleri ile karakterize edilmemiş diğer *Dn* genlerinin buğdayın 7DS kromozomunda allelik varyasyonlarını gözlemlemişlerdir. Ayrıca, bu allelik genlerin birbirlerine sıkıca bağlı olduklarını, *Dn* gen kümesi olarak lokalize olduklarını, bu bölgeye de GWM111 markörünün sıkıca bağlı bulunduğunu saptamışlardır. Bu çalışmada da buğdayın 7DS kromozomu üzerindeki dayanıklılık sağlayan gen bölgesi belirlenmiş olup aynı popülasyonda (Turanlı vd., 2014; Tonk et al., 2016) veya başka dayanıklılık kaynakları kullanılarak yapılan çalışmalarla (Liu et al., 2002; Liu et al., 2005) paralel olarak söz konusu gen veya gen ailesi bölgesi saptanmıştır.

Diğer taraftan buğday hattı olan CI 2401'deki Rus buğday afidine dayanıklılığın tek bir dayanıklılık genine bağlı olduğu belirlenmiştir (Valdez et al., 2012). Araştırmacıların yapmış olduğu çalışmada dayanıklılık genine en yakın markör olan GWM437 markörüne ek olarak, GWM111 ve GWM44 markörlerinin 7D kromozomu üzerinde bulunan *Dn6* geni (Liu et al., 2002) ve *Dn2*'yle (Miller et al., 2001) ilişkili olduğu saptanmıştır. Bu araştırma sonucunda ise; GWM121 markörü dayanıklılık geninin 19.9 cM uzaklığında haritalanmıştır.

Liu et al., (2002), Rus buğday afidi dayanıklılık genlerini belirlemek ve haritalamak amacıyla Thunderbird×PI 372129 (*Dn4*), Wichita×PI372129 (*Dn4*), Wichita×PI243781(*Dn6*) ve AL359×PI243781(*Dn6*) melezlerinin F<sub>2</sub> haritalama populasyonlarında *Dn4* ve *Dn6* genleriyle çalışmışlardır. Buğdayın 1D kromozomunun kısa kolunda *Dn4* geni etrafında iki markör (GWM106 ve GWM337) belirlemişlerdir ve *Dn6* genine ait 7D kromozomunun kısa kolunda GWM44 ve GWM111 markörlerini saptamışlardır. Liu et al., (2002), GWM44 ve GWM111 markörlerinin *Dn6* geninden sırasıyla 3.0 cM ve 14.6 cM uzaklıkta olduklarını belirlemişlerdir. El Bouhssini et al., (2011), bazı yerel çeşitlerde SSR markörlerinden GWM44 ve GWM111'in sırasıyla 180 ve 200 baz çifti uzunluğunda band verdiklerini ve bu markörlerin 7DS üzerinde bulunan *Dn1*, *Dn2*, *Dn5*, *Dn6* ve *Dn9* genleri ile bağlı olduğunu bildirmişlerdir. Araştırmacı bulgularımızla benzer olarak söz konusu 7DS kromozom bölgesinin dayanıklılığı sağlayan bölge olarak belirtmişlerdir.

Avustralya'da bir ıslah programında duyarlı çeşitlere dayanıklılık genlerinin aktarılması amacıyla başlatılan bir ıslah programında üç adet farklı dayanıklılık kaynağı kullanılarak yapılan çalışmada GWM642 SSR markörünün *Dn9* geniyle yakın ilişkide olduğu belirlenmiştir (Cakır et al., 2009). Ayrıca, GWM635 ve GWM111 markörlerinin 7D kromozomunda lokalize olduğunu ve buradaki dayanıklılık genleriyle ilişkili olduğunu da saptamışlardır.

Burd et al., (2006), Rus buğday afidinin tür içi populasyon dağılımının bağımsız olduğunu belirtmişlerdir. Diğer taraftan farklı dayanıklılık geni içeren buğday bitkileri yaprak bitinin beslenmesine farklı fenotipik tepkiler sergilemişlerdir (Haley et al., 2004).

Turanlı vd., (2014)'nin yaptığı projenin birinci geri melez basamağında kloroz ve yaprak kıvrılma özellikleri için dayanıklılık testlemeleri yapılmış ve dayanıklılığın dominant tek bir genle idare edildiği Khi-Kare analizleri sonucuyla

belirlenmiştir. F<sub>2</sub> generasyonunda fenotipleme yapan Turanlı et al., (2012a) aracılığıyla ortaya konulan “dayanıklılığın bir dominant gen ile küçük etkili minor genlerle sağlandığı” sonuçlarıyla bizim elde ettiğimiz sonuçlar paralellik göstermiştir. Peng et al., (2007) ve Valdez et al., (2012)’nin yaptıkları çalışmalarda Rus buğday afidine dayanıklılığın dominant bir genle kalıtıldığı saptamıştır. Bu durum, önceki çalışmalarla elde ettiğimiz sonuçların paralellik gösterdiği ve sonucunda da Rus buğday afidine dayanıklılığın dominant tek bir gen ile sağlandığını ortaya koymaktadır.

Rus buğday afidinin biyotip 2’sine dayanıklılık sağlayan ve önemli dayanıklılık genlerinden olan *Dn7* geninin buğdayın 1RS/1BL kromozomunda bulunan bir çavdar geni olduğu ve ayrıca bu genin buğdayda ekmeklik kalitesini olumsuz etkilediği bildirilmiştir. Bu genin markörleri ise BCD1434 ve KSUD14 olarak belirtilmiştir. Turanlı vd., (2014)’nin yaptığı proje kapsamında Basribey x 15 nolu hat arasında yapılan melezlemenin F<sub>2</sub> generasyonu haritalama populasyonu olarak kullanılmış ve elde edilen sonuçlara göre bu populasyondaki dayanıklılık geninin *Dn6* geni olabileceği belirtilmiştir. GWM44 markörü bu gene en yakın markör olarak saptanmış ve buğdayda Rus afidine karşı göstermiş olduğu yaprak kıvrılma özelliğinde gözlenen fenotipik varyasyonu açıklamıştır. Bu çalışmada ise aynı haritalama populasyonu olan Basribey x 15 nolu hat arasında yapılan F<sub>2</sub> generasyonu haritalama populasyonu olarak kullanılmıştır. Elde edilen sonuçlara bakıldığında dayanıklılık bölgesi olarak yine aynı bölge olan buğdayın 7DS bölgesi belirlenmiştir. Ayrıca, söz konusu aynı haritalama populasyonunun kullanan Tonk et al., (2016)’nin belirlediği markörlere (GWM44, CFD14, CFD46 ve BARC126) ilaveten GWM121 markörü bu QTL bölgesi üzerinde haritalanmış ve gene yakın bir markör olarak tespit edilmiştir. Aynı haritalama popülasyonunda GWM44 markörünün yanında başka markörlerin de QTL bölgesinde yer aldığı düşünüldüğünde söz konusu dayanıklılık geninin *Dn6* olduğu söylenemez.

Tez çalışmasından elde edilen bu sonuçlara göre;

- Tez çalışmasında dayanıklılık kaynağı olarak kullanılan 15 nolu hatta bulunan dayanıklılık geninin buğdayın 7D kromozomunun kısa kolunda bulunduğu,
- Söz konusu dayanıklılık geninin bu bölgede daha önceden belirlenmiş bir dayanıklılık geni olabileceği gibi yeni bir dayanıklılık geni de olabileceği,

- Dayanıklılık geninin tam olarak yeni bir gen olarak söylenebilmesi için gelecek ıslah alıřmalarında aynı dayanıklılık kaynađı kullanılarak allelizm testinin yapılması gerektiđi,

- Ayrıca bundan sonraki yapılacak Rus buđday afidine dayanıklılık alıřmalarında daha önceden belirlenen SSR markörlerine ilaveten GWM121 markörünün de yer almasının yararlı olacađı söylenebilir.



## KAYNAKLAR DİZİNİ

- Aalbersberg YK, Westhuizen MC van der, Hewitt PH**, 1988a, Natural enemies and their impact on *Diuraphis noxia* (Mordvilko) (Hemiptera: Aphididae) populations. *Bulletin of Entomological Research*, 78(1):111-120.
- Aalbersberg, Y. K., Van Der Westhuizen, M. C., Hewitt, P. H.** 1987, “A Simple Key for The Diagnosis of The Instars of The Russian Wheat Aphid, *Diuraphis Noxia* (Mordvilko) (Homoptera: Aphididae)”, *Bulletin of Entomological Research* 77, 637-640.
- Ahn, S. and Tanksley, S.D.**, 1993, Comparative linkage maps of the rice and maize genomes. *Proc. Nath.Acad. Sci.* 90:7980-7984.
- Akkaya, M.S., Bhagwat, A.A. and Cregan, P.B.**, 1992, Length polymorphisms of simple sequence repeat DNA in soybean, *Genetics*, 134:1131-1139.
- Anderson, G. R., Papa, D., Tahir, M., Lapitan, N. L. V.**, 2003, “Genetic Mapping of Dn7, A Rye Gene Confering Resistance to The Russian Wheat Aphid in Wheat”, *Theoret Appl Genetics*, 107,1297-1303.
- Anonymous**, 2010, “Hububat Sektör Raporu”. <http://www.hububatbirlik.org/content/docs/hububat-sektor-raporu.pdf> (Erişim tarihi: 02.06.2012).
- Anonymous**, 2012a, “Türkiye İstatistik Kurumu (TÜİK), Bitkisel Üretim İstatistikleri”, <http://www.tuik.gov.tr/bitkiselapp/bitkisel.zul..>
- Anonymous**, 2012b, “Türkiye Un Sanayicileri Federasyonu Verileri”, <http://www.usf.org.tr/TR/dosya/1-1479/h/bugdat-ithalati--un-ihracati.xlsx>.
- Anonymuos**, 2011a, “Buğday Entegre Mücadele Teknik Talimatı”,T.C. Gıda Tarım ve Hayvancılık Bakanlığı, Tarımsal Araştırmalar ve Politikalar Genel Müdürlüğü, Bitki Sağlığı Araştırmaları Daire Başkanlığı. [http://www.tarim.gov.tr/TAGEM/Belgeler/yayin/016\\_bugday.pdf](http://www.tarim.gov.tr/TAGEM/Belgeler/yayin/016_bugday.pdf)(Erişim tarihi: 05.05.2014).
- Anonymuos**, 2011b, “Dünya Buğday Durumu”. [http://www.ilgintb.org.tr/Dosyalar/DUNYA\\_BUGDAY\\_DURUMU.pdf](http://www.ilgintb.org.tr/Dosyalar/DUNYA_BUGDAY_DURUMU.pdf) (Erişim tarihi: 02.06.2012).
- Armstrong, J.S., Porter, M.R., Peairs, F.B.**, 1991, Alternate hosts of the Russian wheat aphid (Homoptera: Aphididae) in northeastern Colorado. *Journal of Economic Entomology*, 84(6):1691-1694.

### KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Behle, R.W., Michels, G.J.Jr,** 1990, Russian wheat aphid development, reproduction and survival on wheat and rye grown in four host-plant media. *Southwestern Entomologist*, 15(2):109-121.
- Bryne, P.,** 2005, “QTL Analysis”, Workshop on Genomics and Marker Assisted Selection in Plant Breeding, Izmir-Turkey, 1-23.
- Burd, J. D., Porter, D. R., Juterka, G.J., Haley, S. D. and Peairs, F. B.,** 2006, “Biotypic Variation among North American Russian Wheat Aphid (Homoptera: Aphididae) Populations”, *Journal of Economic Entomology*, 99(5), 1862-1866.
- CIMMYT,** 2005. ‘Laboratory Protocols’, CIMMYT Applied Molecular Genetics Laboratory, <http://repository.cimmyt.org/xmlui/bitstream/handle/10883/1333/91195.pdf?sequence=1>, Erişim tarihi: 4/5/2014.
- Collard, B.C.Y., Jahufer, M.Z.Z., Brouwer, J.B. and Pang, E.C.K.,** 2005, An introduction to markers, Quantitative Trait Loci (QTL) mapping and marker-assisted selection for crop improvement: The basic concepts, *Euphytica* 142:169-196.
- Collins, M. B., Haley, S.D., Peairs, F.B., Rudolph, J.B.,** 2005a, “Biotype 2 Russian Wheat Aphid Resistance among Wheat Germplasm Accessions”, *Crop Science*, 45, 1877-80.
- Collins, M.B., Haley, S.D., Randolph, T.L., Peairs, F.B., Rudolph, J.B.,** 2005b, “Comparison of Dn4- and Dn7-Carrying Spring Wheat Genotypes Artificially Infested with Russian Wheat Aphid (Homoptera: Aphididae) Biotype 1”, *Journal of Economic Entomology*, 98 (5), 1698-703.
- Curtis, B.C.,** 2002, Wheat in the World, 1-19, bread Wheat Improvement and Production, Curtis, B.C., Rajaram, S. And Gomez Machperson, H.(Eds.), FAO, Rome, 554p.
- Curtis, B.C., Rajaram, S., and Macpherson, H.G.,** 2002, Bread wheat, FAO corporate document repository, <http://www.fao.org>.

### KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Çakır, M., Vitou J., Kollehn D., Lawson W., Ilbi H., Haley S., Peairs F., Mornhinweg D., Bohssini M., Ogbonnaya F., Lage J., Tolmay V., Malinga J., Edwards O., Christopher M., Castro A.M., Franckowiak J., Kuchel H., Jacobs B., BARClay I., Sheppard J., 2009, “A Global Effort in Breeding for Resistance to Russian Wheat Aphid in Wheat and Barley”, Proc. of 19th, International Triticeae Mapping Initiative – 3rd COST Tritigen, Clermont-Ferrand- France, Sayfa 38.**
- Demir, İ., Yüce S., Bilgen G., Tanyolaç B., Akçalı Can R., 1999, “Arpa, Buğday ve Mısır Çeşitleri ve Biber Hatlarının RAPD Markörleri ile Tanımlanması Üzerinde Bir Araştırma” Araştırma Proje NO: 98 ZRF 018/1.**
- Doyle, J.J., Doyle J.L., 1987, ‘A Rapid DNA Isolation Procedure for Small Quantities of Fresh Leaf Tissue’, Phytochem Bull, 19, 11-15.**
- Du Toit, F., 1989, “The Use of Who Soil Systemic İnsecticides Against *Diuraphis noxia* on Winter Wheat”, Technical Comunication, Department of Agriculture, South Africa, 191, 67-68.**
- Du Toit, F., Aalbersberg, Y. K., 1980, “Identification of Apterous (Wingless) Aphids Occur on Cereal in South Africa. Farming in South Africa”, Leaflet Series, Wheat G.7.**
- Duke, J.A., 1983, *Triticum aestivum* L., Poaceae, Common wheat, Bread wheat, Handbook of Energy Crops, unpublished.**
- Duran, M., Koyuncu, N., 1974, “Orta Anadolu Bölgesi Hububat Alanlarında Buğday Yaprakbiti (*Diuraphis (=Brachycolus) noxius* Mordv.)’nin Zarar Derecesi ve Mücadelesi Üzerinde Ön Çalışmalar”, Ankara Bölge Zirai Mücadele Araştırma Enstitüsü, Hububat Zararlıları Lab., 104.653 Nolu Proje.**
- El Bouhssini, M., Nachit, M. M., 2011, “New Sources of Resistance in Dry Wheat and Wild Relatives to Russian Wheat Aphid (Homoptera: Aphididae)”, International Center for Agricultural Research in the Dry Areas, ICARDA, 393-395.**
- El Bouhssini, M., Ogbonnaya F.C., Ketata H., Mosaad M.M., Street K., Amri A., Keser M., Rajaram S., Morgounov A., Rihawi F., Dabus A., Smith C. M., 2011, “Progress in Host Plant Resistance in Wheat to Russian Wheat Aphid (Homoptera: Aphididae) in North Africa and West Asia”, AJCS, 5(9), 1108-1113.**

### KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Elmalı, M.**, 1993, “Konya İlinde Yaygın Olarak Ekilen 7 Buğday Çeşidinin Yaprakbitlerine Karşı Dayanıklılıklarının Belirlenmesi Üzerine Araştırmalar (1- Doğal kolonizasyon)”, Makarnalık Buğday ve Mamulleri Sempozyumu, 30 Kasım – 3 Aralık, Ankara, 242-249.
- Elmalı, M.**, 1996a, “Erken Ve Geç Ekilen Buğdaylarda Yaprakbitlerinin Popülasyon Gelişimi Ve Doğal Düşmanların Dağılımı”, Selçuk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi, 10(13).
- Elmalı, M.**, 1996b, “Konya İlinde Buğdaylarda Saptanan Yaprakbiti Türlerinin Popülasyon Gelişimi”, Selçuk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi, 11(14), 38-44.
- Elmalı, M.**, 1999, “Rus Buğday Afidinin Konya İli Hububat Tarımındaki Önemi ve Çözüm Önerileri”, Orta Anadolu’da Hububat Tarımının Sorunları ve Çözüm Yolları Sempozyumu, 8-11 Haziran, Konya, 85-89.
- Elmalı, M.**, 1996c, “Konya İlinde Buğdaylarda Saptanan Yaprakbiti Türlerinin Dikey Dağılışı”, Selçuk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi”, 10(13), 45-54.
- Elmalı, M.**, 1996d, “Konya İlinde Buğdaylarda Saptanan Yaprakbiti Türlerinin Yaş Dağılımı”, Selçuk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi, 10(13), 79-86.
- Elmalı, M.**, 1998, “Russian Wheat Aphid *Diuraphis noxia* (Kurdjumov) (Hom.: Aphididae) in Konya Province”, Euphytica, 100, 69-76.
- EPPO, 2014.** PQR database. Paris, France: European and Mediterranean Plant Protection Organization. <http://www.eppo.int/DATABASES/pqr/pqr.htm>.
- Europae Fauna, 2012,** [http://www.faunaeur.org/full\\_results.php?id=55106](http://www.faunaeur.org/full_results.php?id=55106). (Son Erişim Tarihi:06.06.2012).
- Girma M, Wilde G, Reese JC,** 1990, Influence of temperature and plant growth stage on development, reproduction, life span, and intrinsic rate of increase of the Russian wheat aphid (Homoptera: Aphididae). Environmental Entomology, 19(5):1438-1442.
- GrainGenes, 2012.** GrainGenes: ‘A database for Triticeae and Avena’. <http://wheat.pw.usda.gov/cgibin/graingenes/browse.cgi?class=marker;begin=4851>, (Son erişim tarihi: 10/3/2012).



### KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Gupta, P., Varshney, R., Sharma, P. and Ramesh, B.,** 1999, Molecular markers and their applications in wheat breeding, *Plant Breed.* 118: 369-390.
- Hakki, E.E.,** 2000, “A Novel Method for Developing Microsatellite Markers and Sequence Analysis of Wheat Disease Resistance Gene Analogs”, Ortadoğu Teknik Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü / Biyoteknoloji Anabilim Dalı, Doktora Tezi, 128 s.
- Haley, S.D., Pearis, F.B., Walker, C.B., Rudolph, J.B., Randolph, T.L.,** 2004, “Occurrence of a New Russian Wheat Aphid Biotype in Colorado”, *Crop Science*, 44, 1589-92.
- Hoisington, D., Bohorova, N., Fennell, S., Khairallah, M., Pellegrineschi, A. and Ribaut, J.M.,** 2002. ‘The application of biotechnology in wheat improvement and production’. Curtics, B.C. Rajaram S. and Gomez, H. (eds). FAO, Rome.
- Jankielsohn, A., Oelofse, R.,** 2010, “Adult Plant Resistance of CIMMYT-Turkey Wheat (*Triticum aestivum* L.) Lines Against Russian Wheat Aphid (RWA) Races in South Africa”, ARC-Small Grain Institute, Bethlehem, South Africa, Informal Report, 24p.
- Jones N., Ougham H., Thomas H.,** 1997, “Markers and Mapping: We are All Geneticists Now”, *New Phytol*, 137, 165–177.
- Kazemi, M.H., Talebi-Chaichi, P., Shakiba, M.R., Jafarloo, M.M.,** 2001, “Biological Responses of Russian Wheat Aphid, *Diuraphis noxia* (Mordvilko) (Homoptera: Aphididae) to Different Wheat Varieties”, *Journal Agricultural Sciences Technology*, 3, 249-55.
- Kendal, E., Tekdal, S., Aktaş, H. ve Karaman, M.,** 2012, Bazı makarnalık buğday çeşitlerinin DiyaRus buğday afidikır ve Adıyaman sulu koşullarında verim ve kalite parametreleri yönünden karşılaştırılması, *Uludağ Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 26(2):1-14s.
- Kırcaloğlu, G.,** 1997, “Tescilli Bazı Buğday Ticari Varyeteleri ile Buğday Hatlarının Biyokimyasal Markörlerle Tanımı”, (Doktora Tezi), Ege Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Bornova-İzmir.
- Korzun, V.,** 2002a, Use of molecular markers in cereal breeding, *Cellular & Molecular Biology Letters* 7:811-820.
- Kosambi, D.D.,** 1944. ‘The Estimation of Map Distances from Recombination Values’, *Ann Eugen*, 12, 172-5.

### KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Köksel, H., Atlı A., Özkaya H.**, 1993, “Makarnalık Buğday Islahı Programlarında Kalite Seleksiyonunda Markör Proteinlerinin Kullanımı”, Türk Tarım ve Ormancılık Dergisi (DOĞA), 17(2), 531-536.
- Kriel, C.F., Hewitt, P.H., Westhuizen, M.C. van der**, 1986, The Russian wheat aphid *Diuraphis noxia* (Mordvilko): population dynamics and effect on grain yield in the western Orange Free State. *Journal of the Entomological Society of Southern Africa*, 49(2):317-335.
- Lapitan, N.L.V., Peng J., Sharma V.**, 2007, “A High-Density Map and PCR Markers for Russian Wheat Aphid Resistance Gene *Dn7* on Chromosome 1RS/1BL”, *Crop Sci*, 47, 811-20.
- Lawlor, D.W. and Mitchell, R.A.C.**, 2000, Crop ecosystem responses to climatic change: Wheat, 57-80, *Climate Change and Global Crop Productivity*, Reddy, K.R. and Hodges, H.F. (Eds.), CABI Publishing, New York, 472p.
- Liu, X. M, Smith, C., Gill, B.**, 2002, “Identification of Microsatellite Markers Linked to Russian wheat aphid resistance genes *Dn4* and *Dn6*”, *Theoret Appl Genetics*, 104(6-7), 1042- 48.
- Liu, X.M., Smith, C.M., Friebe, B.R. and Gill, B.S.**, 2005. ‘Molecular mapping and allelic relationships of Russian wheat aphid resistance genes’. *Crop Sci*. 45, 2273-2280.
- Liu, X.M.,Smith C.M., Gill B.S.,Tolmay V.**, 2001, “Microsatellite Markers Linked to Six Russian Wheat Aphid Resistance Genes in Wheat”, *Theor. Appl. Genet.*,102(4), 504-10.
- Lodos, N.**, 1981, “Türkiye Entomolojisi III (Genel Uygulamalı ve Faunistik)”, Ege Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Yayınları No: 456, Ege Üniversitesi Matbaası, Bornova, İzmir, 150s.
- Lodos, N.**, 1986, “Türkiye Entomolojisi II (Genel Uygulamalı ve Faunistik)”, Ege Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Yayınları No: 429, Ege Üniversitesi Matbaası, Bornova, İzmir, 580s.
- Lodos, N.**, 1989, “Türkiye Entomolojisi IV (Genel Uygulamalı ve Faunistik)”, Ege Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Yayınları No: 493, Ege Üniversitesi Matbaası, Bornova, İzmir, 250s.

### KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Malinga, J.N., Kinyua M.G., Kamau A.W., Wanjama J.K., Awalla J.O., Pathak R.S.**, 2007, “Biotypic and Genetic Variation Within Tropical Populations of Russian Wheat Aphid, *Diuraphis noxia* (Kurdjumov) (Homoptera: Aphididae) in Kenya”, J. Entomol., 4(5), 350- 61.
- Masojc, P.**, 2002, The application of molecular markers in the process of selection, Cellular & Molecular Biology Letters 7:499-509.
- Marais, G.F., Horn M., Du Toit F.**, 1994, “Intergeneric Transfer (Rye to Wheat) of Genes for Russian Wheat Aphid Resistance”, Plant Breed., 113, 265-71.
- Mezey, A., Szalay-Marzso, L.**, 2001, “Host Plant Preference of *Diuraphis noxia* (Kurdj.) (Hom.; Aphididae)”, Journal Pest Sciences, 74, 17-21.
- Michels, G.J., Jr, Behle R.W.**, 1989, Influence of temperature on reproduction, development, and intrinsic rate of increase of Russian wheat aphid, greenbug, and bird cherry-oat aphid (Homoptera: Aphididae). Journal of Economic Entomology, 82(2):439-444.
- Miller, C.A., Altinkut, A. and Lapitan, N.L.V.**, 2001. ‘A microsatellite marker for tagging *Dn2*, a wheat gene conferring resistance to the Russian wheat aphid. Crop Sci. 41, 1584-1589.
- Montandon, R., Slosser, J.E., Frank, W.A.**, 1993, Factors reducing the pest status of the Russian wheat aphid (Homoptera: Aphididae) on wheat in the rolling plains of Texas. Journal of Economic Entomology, 86(3):899-905.
- Myburg, A., Cawood, M., Wingfield, B. D., Botha, A. M.**, 1998, “Development of RAPD and SCAR Markers Linked to The Russian Wheat Aphid Resistance Gene *Dn2* in Wheat”, Theory Applied Genetic, 96 (8),1162 - 1169.
- Özcan, S., Gürel, E. ve Babaoğlu, M.**, 2001, Bitki Biyoteknolojisi II. Genetik Mühendisliği ve Uygulamaları, Konya.
- Pathak, R. S., Malinga, J. N., Kinyua, M. G., Wanjama, J. K., Kanau, A. W.**, 2004, “Genes for Resistance to Russian Wheat Aphid in Two New Wheat Lines”, New Directions for a Diverse Planet, Proceedings of the 4th International Crop Science Congress, Brisbane, Australia, 26 September- 10 October.

### KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Peng, J., Wang, H., Haley S.D., Peairs, F.B., Lapitan N.L.V.,** 2007. 'Molecular Mapping of Russian Wheat Aphid Resistance Gene Dn2414 in Wheat'. *Crop Sci.*, 47, 2418-29.
- Pestsova, E., Ganal, M.W., Röder, M.,** 2000, Isolation and mapping of microsatellite markers specific for the D genome of bread wheat. *Genome* 43:689-697.
- Provan, J., Powell, W. and Waugh R.,** 1996, Microsatellite analysis of relationship within cultivated potato (*Solanum tuberosum*). *Theor Appl. Genet.* 92: 1078-1084.
- Rangwen, R., Akkaya, M.S., Bhagwar, A.A., Lavi, U., and Vregan P.B.,** 1995, The use of microsatellite DNA markers for soybean genotype identification. *Theor. Appl. Genet.* 90:43-48.
- Ridout, C.R. and P.Donini.,** 1999, Use of AFLP in cereals research. *Trends in Plant Science.* 4:76-79.
- Röder, M.S., Plaschke, P., König, S.U., Börner, A., Sorrels, M.E., Tanksley, S.D. and Ganal, M.W.,** 1995, Abundance, variability and chromosomal location of microsatellites in wheat. *Mol. Gen. Genetics* 246:327-333.
- Röder, M.S., Korzun V., Wendehake K., Plaschke J., Tixier M.H., Leroy P., Ganal M.W.,** 1998b, "A Microsatellite Map of Wheat", *Genetics*, 149, 2007–2023.
- Salvi, S.,** 2006, Description of molecular marker types, Wuemed Training Course, June 5-10,2006, Bologna-Italy.
- Senior, M.L. and Heun, M.,** 1993, Mapping maize microsatellites and polymerase-chain-reaction confirmation of the targeted repeats using act primer. *Genome* 36:884-889.
- Smith, C.M., Belay T., Stauffer C., Stary P., Kubechova I., Starkey S.,** 2004, "Identification of Russian Wheat Aphid (Homoptera:Aphididae) Populations Virulent to the Dn4 Resistance Gene", *J. Econ. Entomol.* 97, 1112-7.
- Smith, C.M., Schotzko D., Zemetra R.S., Souza G.J., Schroeder-Teeter S.,** 1991, "Identification of Russian Wheat Aphid (Homoptera: Aphididae) Resistance in Wheat", *J. Econ. Entomol.*, 84, 328-32.

### KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Smith, S., Helentjaris T.**, 1996, “DNA Fingerprinting and Plant Variety Protection, Genome Mapping in Plants”, Editör: Paterson, A. H. New York: Academic Press. Sayfa 95-107.
- Somers, D.J., Isaac, P., Edwards, K.**, 2004. ‘A High Density Microsatellite Consensus Map for Bread Wheat (*Triticum aestivum* L.)’ *Theor. Appl. Genet.*, 109, 1105-1114.
- Song, X.L., Wang, K., Guo, W.Z., Zhang, J. And Zhang, T.Z.**, 2005. ‘A comparison of genetic maps constructed from haploid and BC1 mapping populations from the same crossing between *Gossypium hirsutum* L. and *Gossypium barbadense* L.’ *Genome* 48, 3/8-390.
- Staub, J.E., Serquen, F.C. and Gubta, M.**, 1996, Genetic markers, map construction, and their application in plant breeding. *HortScience*. 31: 729-740.
- Stry, P.**, 1996, “The Expansive Russian Wheat Aphid, *Diuraphis noxia* (Mordv.) Detected in the Czech Republic”, Blackwell Wissenschafts, Verlag, Berlin, 19p.
- Stry, P., Basky, Z., Tanigoshi, L.K., Tomanovic, Z.**, 2003. “Distribution and History of Russian Wheat Aphid *Diuraphis noxia* (Kurdj.) in Carpathian Basin (Hom: Aphididae), 1436-5693”, *Journal Pest Science*, 76, 17-21.
- Tanksley, S.D., Ganai, M.V., Prince, J.P., Vicente, M.C. de, BonieRus buğday afidile, M.W., Broun, P., Fulton, T.M., Giovannoni, J.J., Grandillo, S., Martin, G.B., Messequer, R., Miller, J.C., Miller, L., Peterson, A.H., Pineda, O., Roder, M.S., Wing, R.A., Wu, W. and Young, N.D.**, 1992, High density molecular maps of the tomato and potato genomes. *Genetics*. 132:1141-1160.
- Tanksley, S.D., Young N.D., Paterson A.H., BonieRus buğday afidile M.W.**, 1989, “RFLP Mapping in Plant Breeding”, *New Tools for an Old Science Biotechnology*, 7, 257-263.
- Tolmay, V.L.** 2006, “Genetic Variability for Russian Wheat Aphid, *Diuraphis noxia* Resistance in South African Wheat Genotypes”, PhD Thesis, University of Free State, Faculty of Natural and Agricultural Sciences, Department of Plant Sciences, 147 p.

### KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Tonk., F.A., İştıpliler, D., Tosun, M., Turanlı, F., İlbi, H. ve Çakır, M., 2016.** ‘Genetic mapping and inheritance of Russian Wheat aphid Resistance gene in accession IG100695’. *Plant Breeding*, 135, 21-25.doi:10.1111/pbr.12339.
- Turanlı, F., İlker, E., Doğan Ersin, F., Aşkan, L., İştıpliler, D., 2012a,** “Inheritance of Resistance to Russian Wheat Aphid, *Diuraphis noxia* (Kurdjumov) in Bread Wheat (*Triticum aestivum* L.)”. *Turkish Journal of Field Crops*, 17(2),171-176.
- Turanlı, F., Tosun, M., İlker, E., Sekmen, A.Ş. ve Tonk, F.A., 2014.** ‘Rus Buğday Afidi (*Diuraphis noxia* Homoptera ; Aphididae)’ ne Dayanıklı Buğday Çeşitlerimizin ve Dayanıklılık Mekanizmalarının Saptanması’. TÜBİTAK, Proje no: 110 0 636, Ankara.
- Thormann, C.E., Ferreira, M.E., Camargo, L.E., Tivang, J.G. and Osborn T.C., 1994,** Comparison of RFLP and RAPD markers to estimating genetic relationship within and among cruciferous species. *Theor. Appl. Genet.* 88:973-980.
- Tosun, M., Tanyolaç B., Kahraman A., Güldiken N., İlker E., 2007,** “Kantitatif Özellik Lokus Analizleri (QTL) ve Bir Örnek Çalışma”, Türkiye 7. Tarla Bitkileri Kongresi, Erzurum- Türkiye, 404-407.
- Tuatay, N., Remaudiere, G., 1964,** “Premiere Contribution au Catalogue des Aphididae (Hom.) de la Turquie”. *Revue Path. Veg. Ent. Agric. Fr.*, 43 (4), 243-78.
- Turanlı, F., İlker, E., Doğan Ersin, F.,Aşkan, L., İştıpliler, D., 2012a,** “Inheritance of Resistance to Russian Wheat Aphid, *Diuraphis noxia*(Kurdjumov) in Bread Wheat (*Triticum aestivum* L.)”. *Turkish Journal of Field Crops*, 17(2),171-176.
- Turanlı, F., Jankielsohn, A., Morgounov, A., Cakir, M., 2012b,** “The distribution of Russian Wheat Aphid, *Diuraphis noxia* (Kurdjumov) (Hemiptera: Aphididae) in Turkey”. *African Journal of Agricultural Research* 7(39), 5396-5404.
- Udachin, R. A., Eremenko, O. V., Shakhmedov, I. S., Kosykh, T. A., 1984,** “Bread Wheat Forms Suitable for Breeding in Uzbekistan for Resistance to Grain Aphid and Wheat Shield Bug”, *Sbornik Nauchnykh Trudov po Prikladnor Botanike Genetike Seleksii* 88, 61-64 (Review of Applied Entomology 1987, Vol. 75 no, 4.).

**KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)**

- Valdez, A.V., Bryne P.F., Lapitan, N.L.V., Peairs, F.B., Bernardo, A., Bai, G. and Haley, S.D.,** 2012. ‘Inheritance and genetic mapping of russian wheat aphid resistance in Iranian wheat landrace accession PI 626580’. *Crop Sci.* 52, 676-682.
- Qiusenberry, K.S. and Reitz, L.P.,** 1967, *Wheat and Wheat Improvement*, American Society of Agronomy Monograph, Wisconsin, 560p.
- Vos, P., Hogers, R., Bleeker, M., Reijnhabs, M., Van De Lee, T., Hornes, M., Frijters, A., Pot, J., Peleman, J., Kuiper, M. Zabeau, M.,**1995, AFLP: A new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acid Res.* 21:4407-4414 .
- Walters, M. C., Penn, F., Du Toit, F., Botha, T. C., Aalbersberg, Y. K. Hewitt, P. H., Broodryk, S. W.,** 1980, “The Russian Wheat Aphid, Farming in South Africa Leaflet Series”, *Wheat G.3.*
- Weiland, A. A., Pearis, F. B., Randolph, T. L., Rudolph, J. B., Haley, S. D., Puterka, G. J.,** 2008, “Biotypic Diversity in Colorado Russian Wheat Aphid (Hemiptera: Aphididae) Populations”. *Journal Economic Entomology* 101(2), 569-74.
- Williams, J.G.K., Kubelik, A.R., Livak, K.J., Rafalski, J.A. and Tingey, S.V.,** 1990, DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Res.* 18:6531-6535.
- Yorgancılar ve ark., 2015,** Moleküler Markörlerin Bitki Islahında Kullanımı, *Bahri Dağdaş Bitkisel Araştırma Dergisi*, 4 (2):1-12, ISSN: 2148-3205, [www.arastirma.tarim.gov.tr/bahridagdas](http://www.arastirma.tarim.gov.tr/bahridagdas).

## ÖZGEÇMİŞ

Meltem TURĞUT, 28 Ocak 1991'de Nazilli'de doğmuştur. İlk ve orta öğrenimini Ahmet Yesevi İlköğretim Okulu'nda, lise öğrenimini 2005 yılında Atatürk Lisesi'nde tamamlamıştır. Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Anabilim Dalı Lisans eğitiminden 2014 yılında mezun olduktan sonra aynı yıl içerisinde Bitki Islahı ve Genetiği Bilim Dalı'nda yüksek lisans eğitimine başlamıştır.

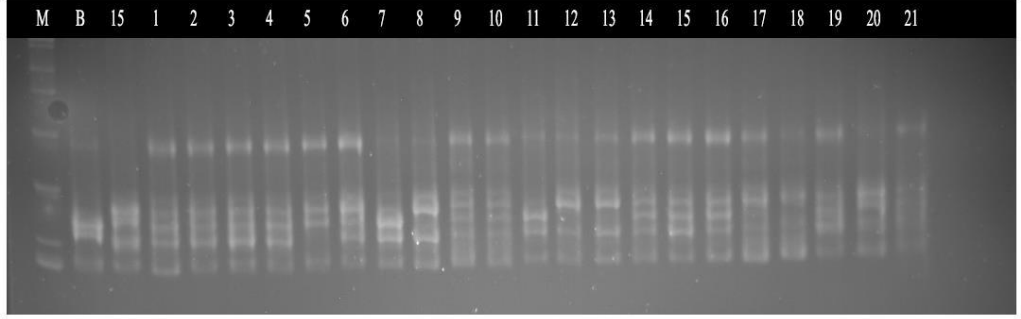




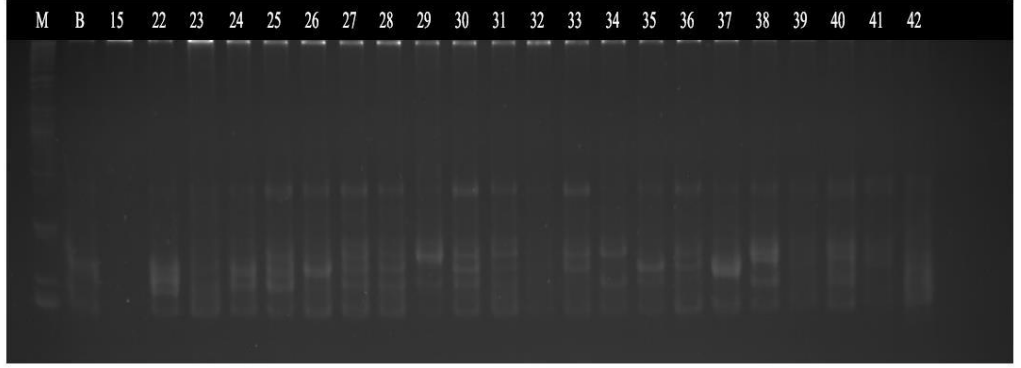
## EKLER

- Ek. 1 F<sub>2</sub> populasyonunda taranan BARC128 primerinin 190 bireydeki görüntüleri
- Ek. 2 F<sub>2</sub> populasyonunda taranan BARC214 primerinin 190 bireydeki görüntüleri
- Ek. 3 F<sub>2</sub> populasyonunda taranan CFD193 primerinin 190 bireydeki görüntüleri
- Ek. 4 F<sub>2</sub> populasyonunda taranan GWM111 primerinin 190 bireydeki görüntüleri
- Ek. 5 F<sub>2</sub> populasyonunda taranan WMC150 primerinin 190 bireydeki görüntüleri
- Ek. 6 F<sub>2</sub> populasyonunda taranan WMC473 primerinin 190 bireydeki görüntüleri
- Ek. 7 F<sub>2</sub> populasyonunda taranan WMC488 primerinin 190 bireydeki görüntüleri
- Ek. 8 F<sub>2</sub> populasyonunda taranan WMC702 primerinin 190 bireydeki görüntüleri
- Ek. 9 F<sub>2</sub> populasyonunda taranan WMC797 primerinin 190 bireydeki görüntüleri
- Ek. 10 Markörlerin Skorlanması

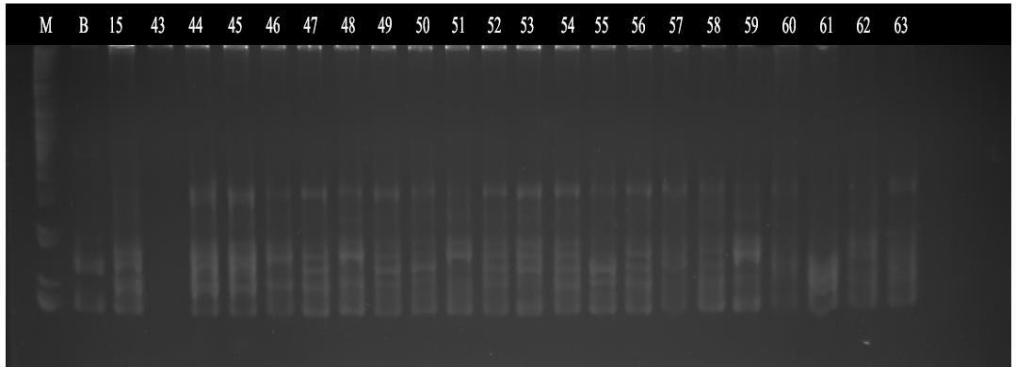
**Ek. 1 F<sub>2</sub> popülasyonunda taranan BARC128 primerinin 190 bireydeki görüntüleri**



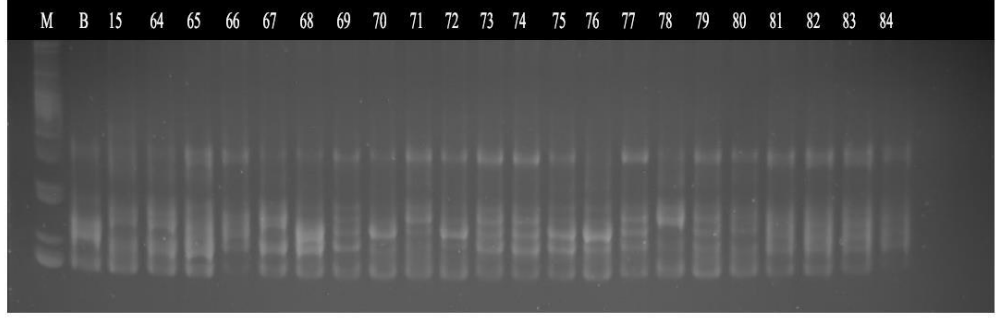
**Şekil A.1.** BARC128 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun ilk 21 bireyindeki sonuçları. (B:Basribey, 15: 15 nolu hat, 1-21 F<sub>2</sub> bireyleri, M:Markör).



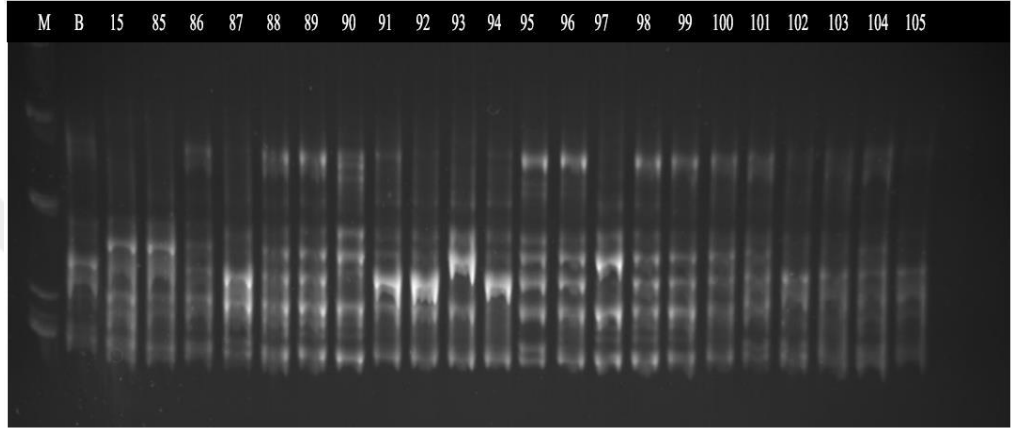
**Şekil A.2.** BARC128 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 22-42 numaralı bireylerde sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 22-42 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



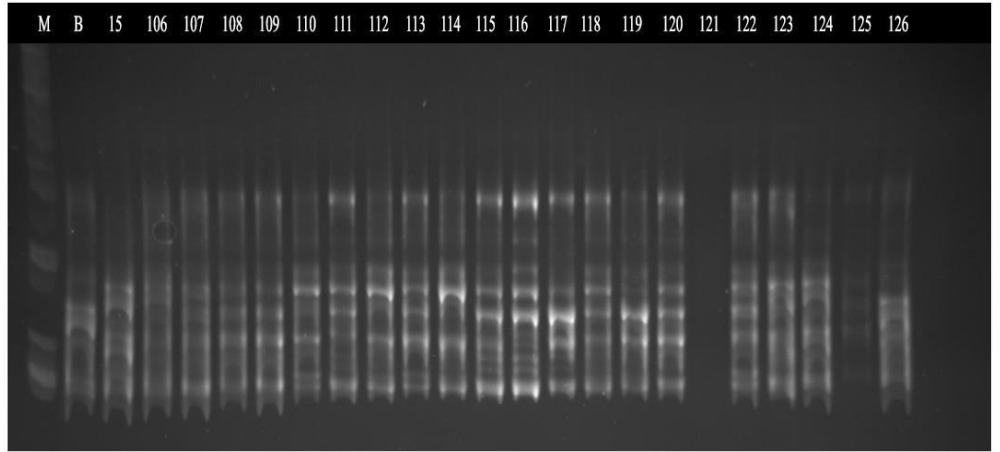
**Şekil A.3.** BARC128 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 43-63 numaralı bireylerde sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 43-63 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



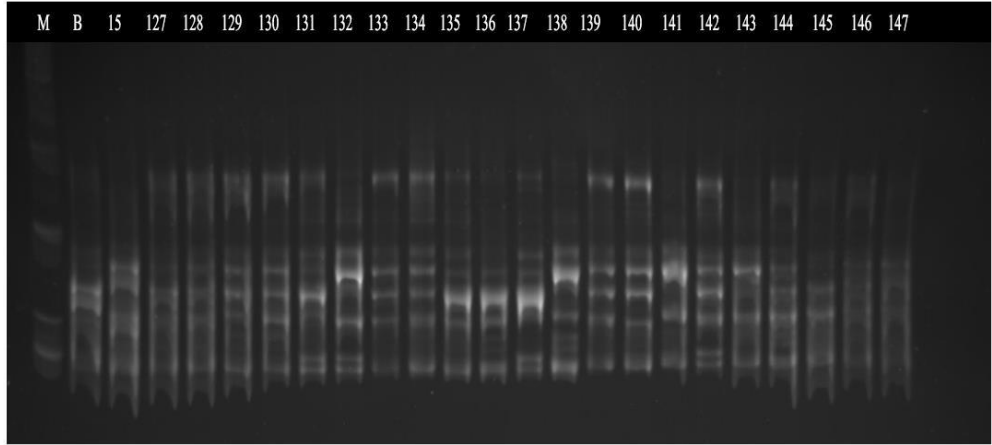
**Şekil A.4.** BARC128 primerinin F<sub>2</sub> populasyonunun 64-84 numaralı bireylerde sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 64-84 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



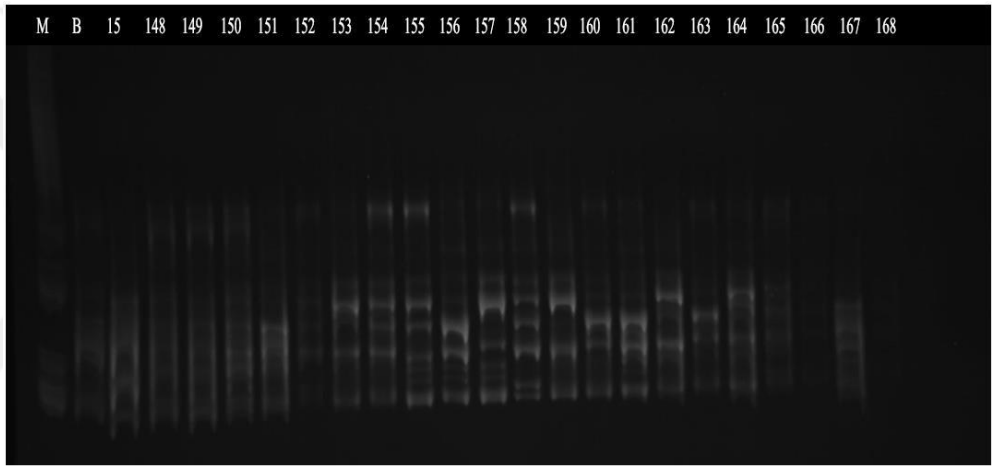
**Şekil A.5.** BARC128 primerinin F<sub>2</sub> populasyonunun 85-105 numaralı bireylerde sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 85-105 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



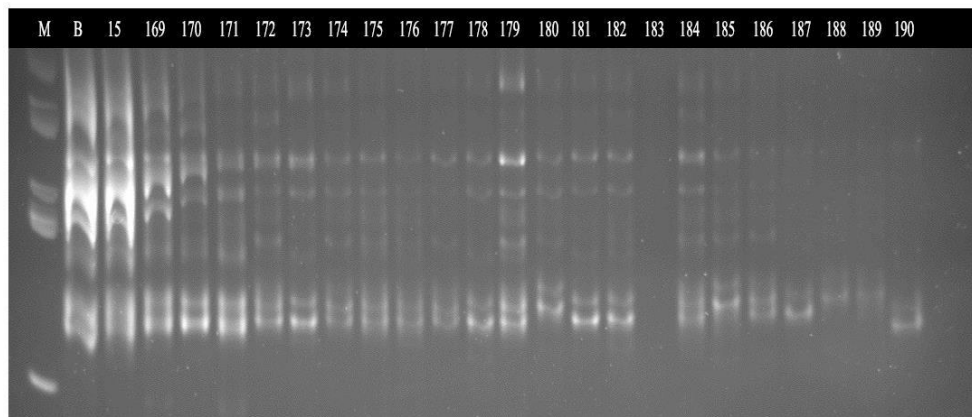
**Şekil A.6.** BARC128 primerinin F<sub>2</sub> populasyonunun 106-126 numaralı bireylerde sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 106-126 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



**Şekil A.7.** BARC128 primerinin F<sub>2</sub> populasyonunun 127-147 numaralı bireylerde sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 127-147 bireyleri, M: Markör).

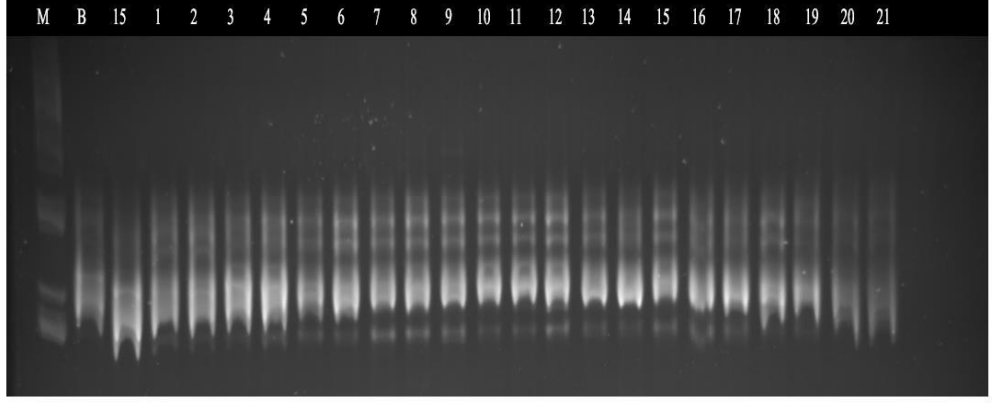


**Şekil A.8.** BARC128 primerinin F<sub>2</sub> populasyonunun 148-168 numaralı bireylerde sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 148-168 bireyleri, M: Markör).

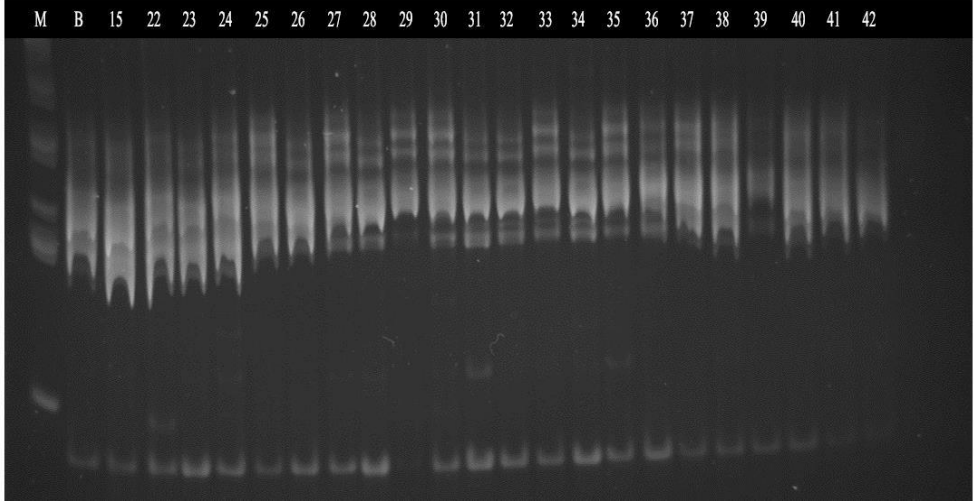


**Şekil A.9.** BARC128 primerinin F<sub>2</sub> populasyonunun 169-190 numaralı bireylerde sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 169-190 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).

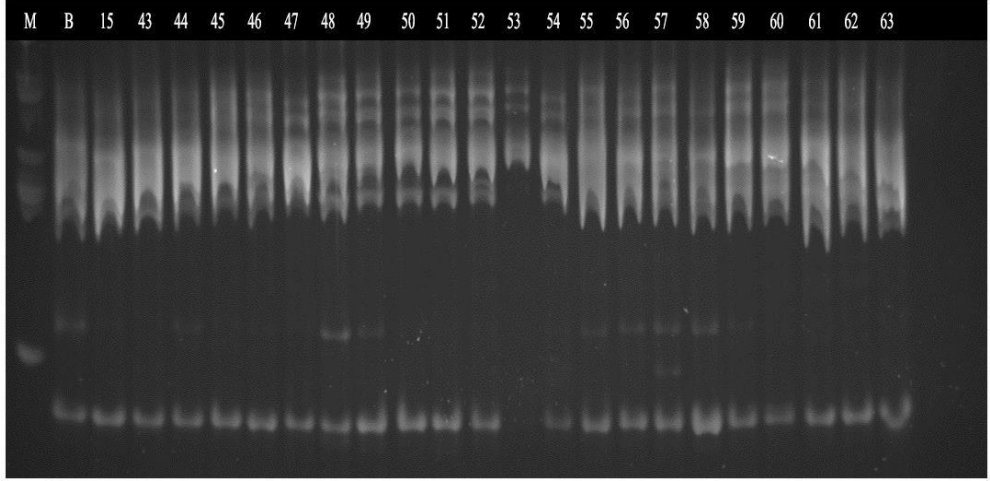
**Ek. 2 F<sub>2</sub> populasyonunda taranan BARC214 primerinin 190 bireydeki görüntüleri**



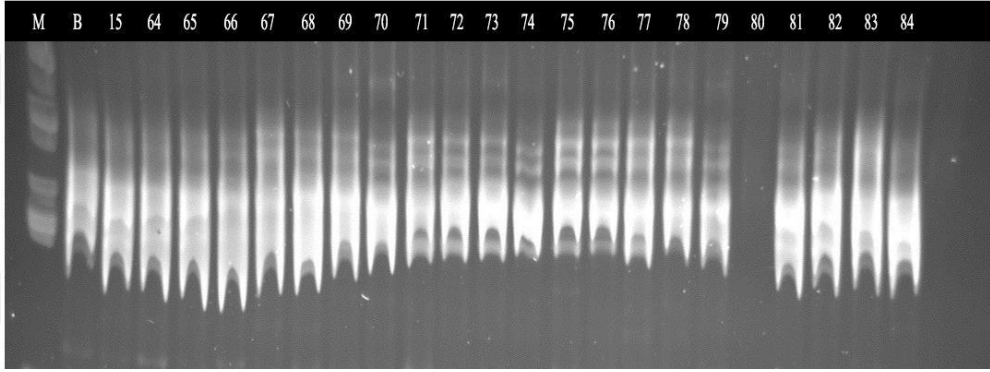
**Şekil A.9.** BARC214 primerinin F<sub>2</sub> populasyonunun ilk 21 bireyindeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 1-21 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



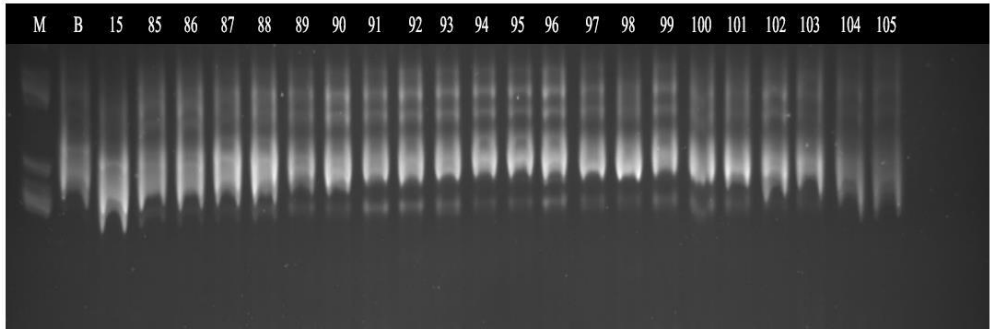
**Şekil A.10.** BARC214 primerinin F<sub>2</sub> populasyonunun 22-42 numaralı bireylerde sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 22-42 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



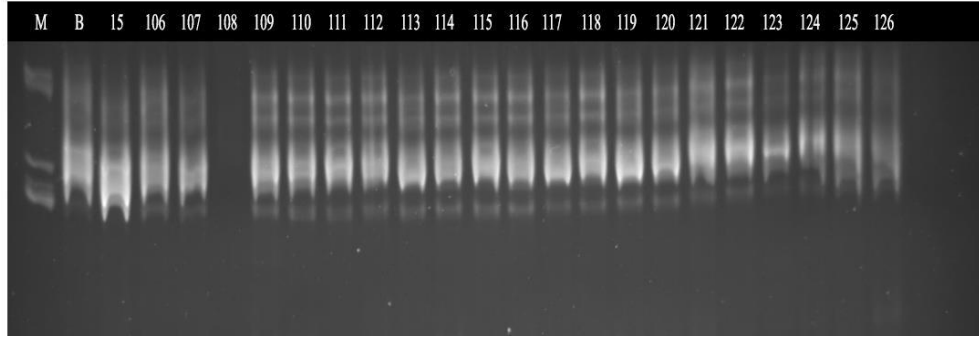
**Şekil A.11.** BARC214 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 43-63 numaralı bireylerde sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 43-63 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör)



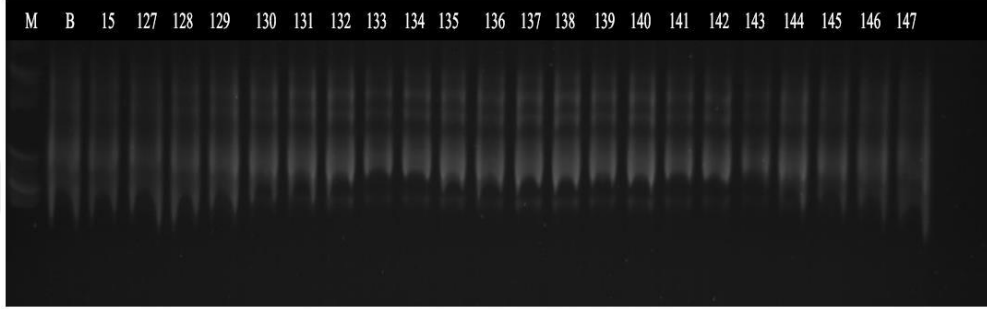
**Şekil A.12.** BARC214 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 64-84 numaralı bireylerde sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 64-84 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör)



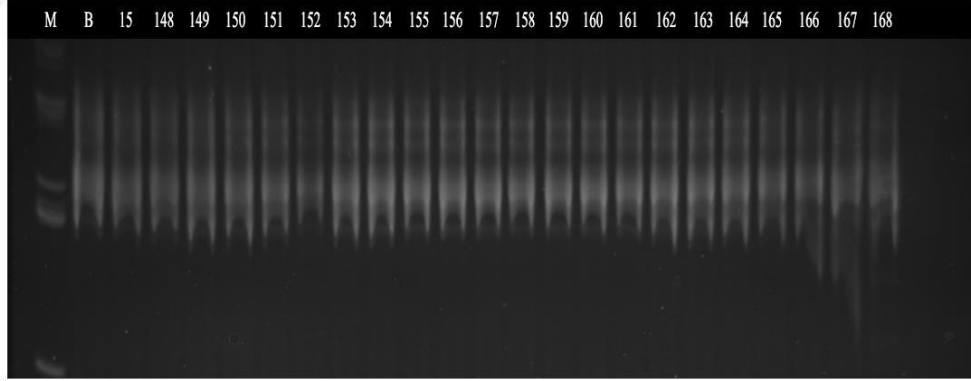
**Şekil A.13.** BARC214 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 85-105 numaralı bireylerde sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 85-105 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör)



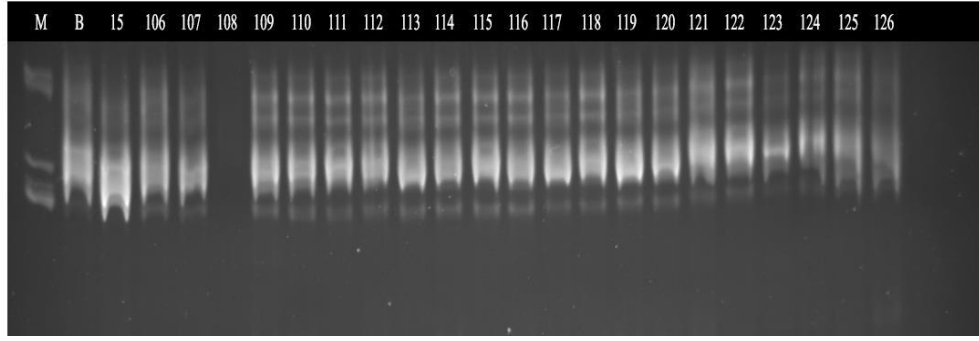
**Şekil A.14.** BARC214 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 106-126 numaralı bireylerde sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 106-126 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör)



**Şekil A.15.** BARC214 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 127-147 numaralı bireylerde sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 127-147 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör)

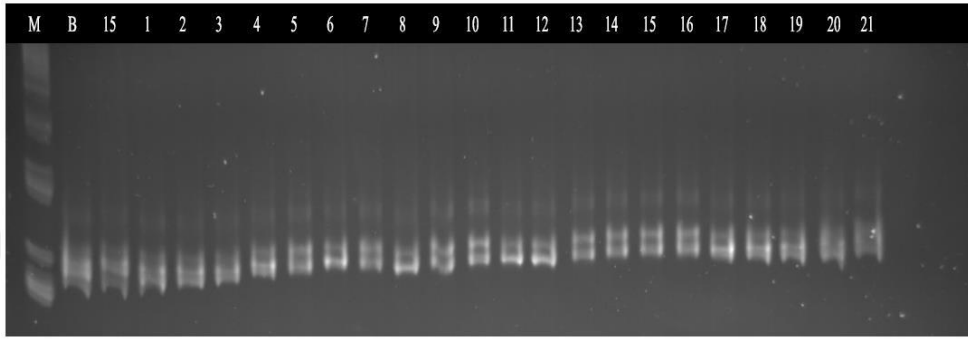


**Şekil A.16.** BARC214 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 128-148 numaralı bireylerde sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 128-148 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör)

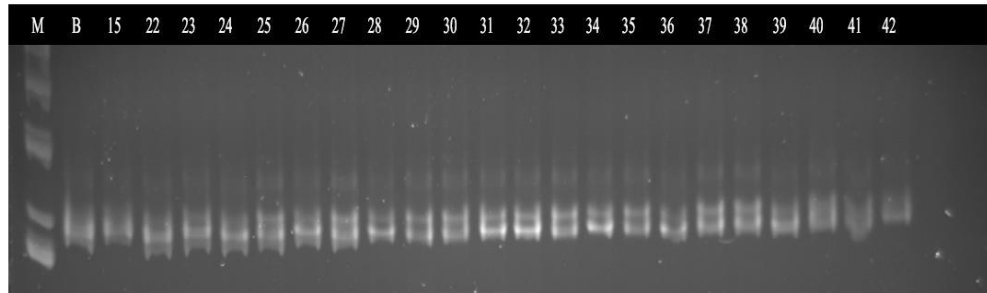


**Şekil A.17.** BARC214 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 149-169 numaralı bireylerde sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 149-169 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör)

### **Ek. 3 F<sub>2</sub> popülasyonunda taranan CFD68 primerinin 190 bireydeki görüntüleri**

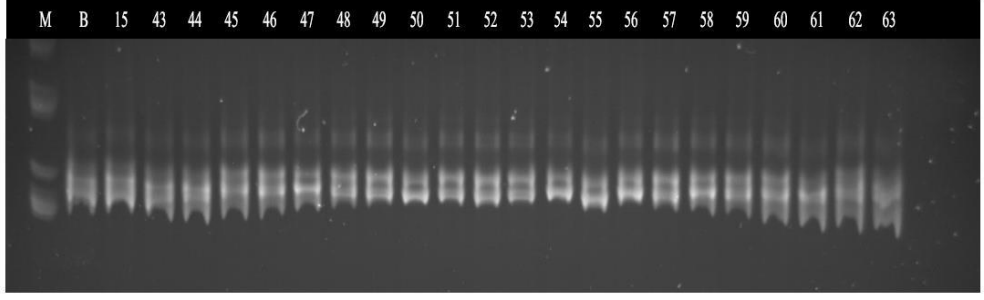


**Şekil A.18.** CFD68 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun ilk 21 bireyindeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 1-21F<sub>2</sub>bireyleri, M: Markör).

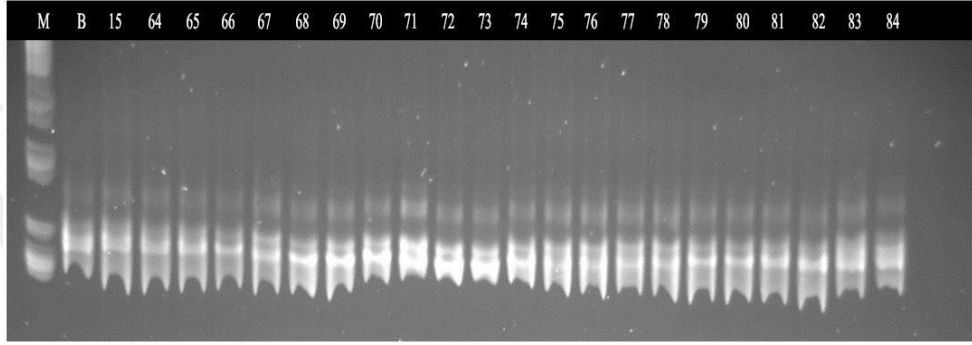


**Şekil A.19.** CFD68 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 22-42 numaralı bireylerde sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 22-42 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör)

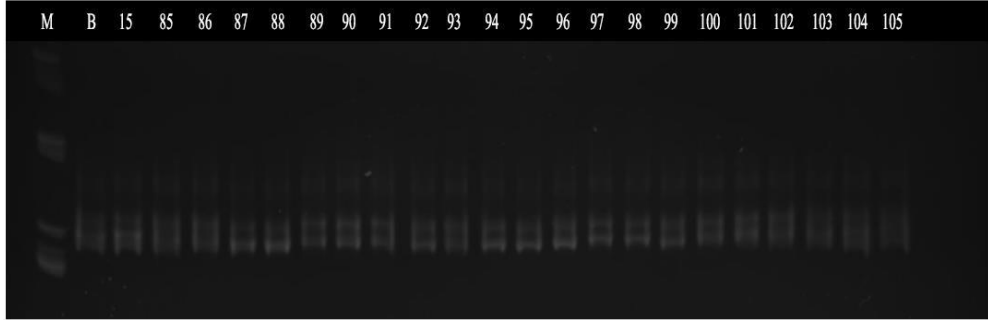




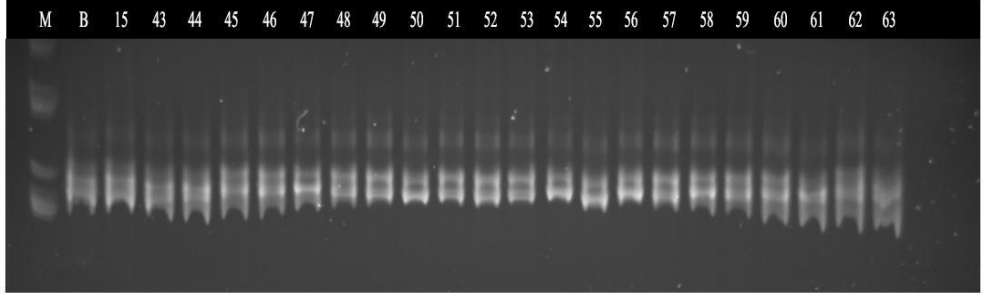
**Şekil A.20.** CFD68 primerinin F<sub>2</sub> populasyonunun 43-63 numaralı bireylerde sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 43-63 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör)



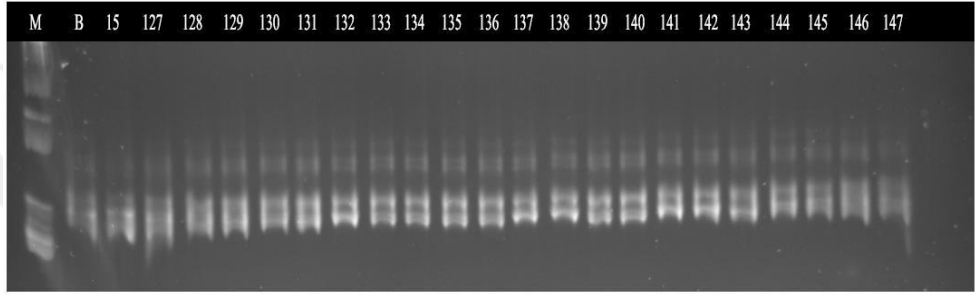
**Şekil A.21.** CFD68 primerinin F<sub>2</sub> populasyonunun 64-84 numaralı bireylerde sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 64-84 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör)



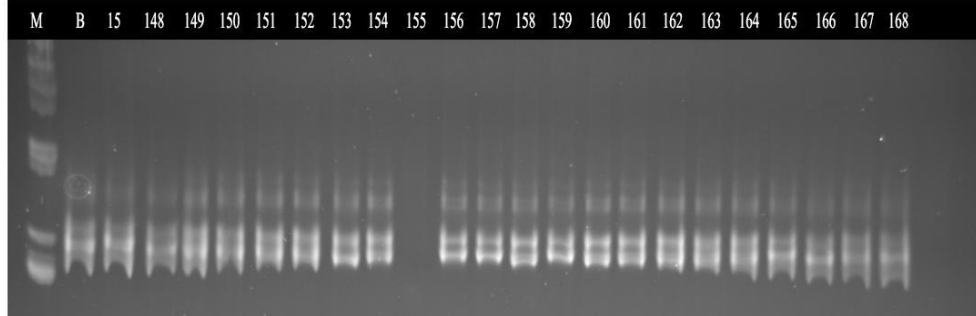
**Şekil A.22.** CFD68 primerinin F<sub>2</sub> populasyonunun 85-105 numaralı bireylerde sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 85-105 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör)



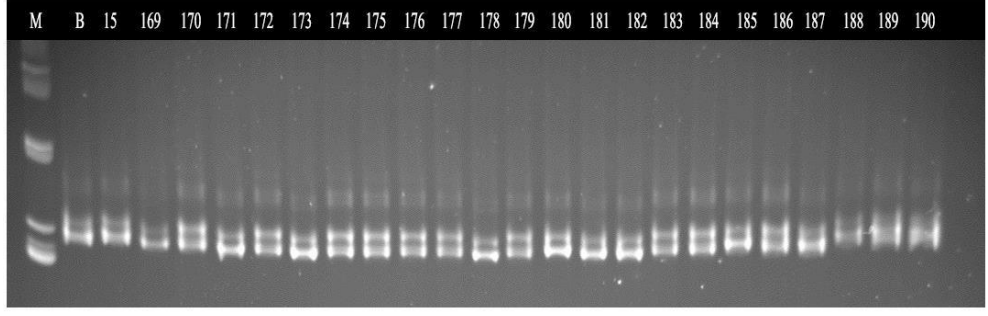
**Şekil A.23.** CFD68 primerinin F<sub>2</sub> populasyonunun 106-126 numaralı bireylerde sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 106-126 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör)



**Şekil A.24.** CFD68 primerinin F<sub>2</sub> populasyonunun 127-147 numaralı bireylerde sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 127-147 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör)

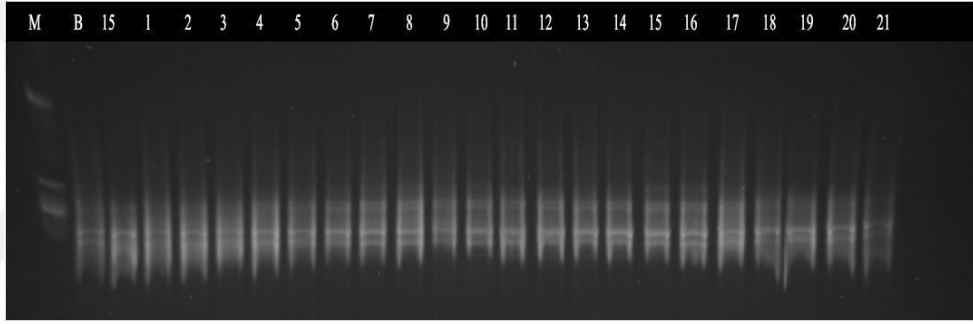


**Şekil A.25.** CFD68 primerinin F<sub>2</sub> populasyonunun 148-168 numaralı bireylerde sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 148-168 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör)

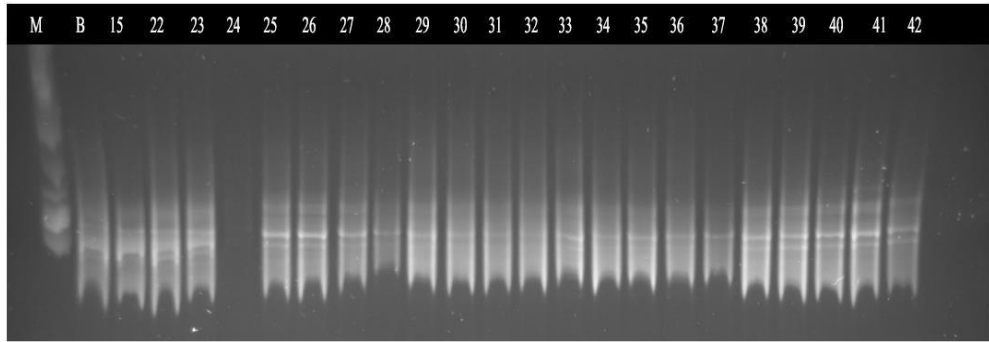


**Şekil A.26.** CFD68 primerinin F<sub>2</sub> populasyonunun 169-190 numaralı bireylerde sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 169-190 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör)

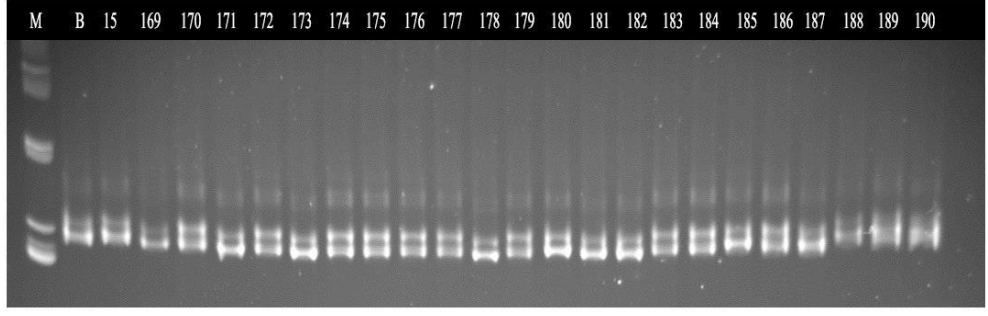
### **Ek. 3 F<sub>2</sub> populasyonunda taranan CFD193 primerinin 190 bireydeki görüntüleri**



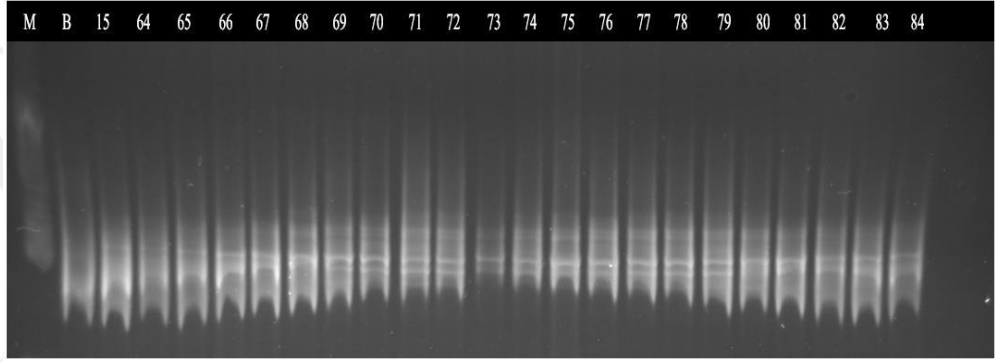
**Şekil A.27.** CFD193 primerinin F<sub>2</sub> populasyonunun ilk 21 bireyindeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 1-21 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



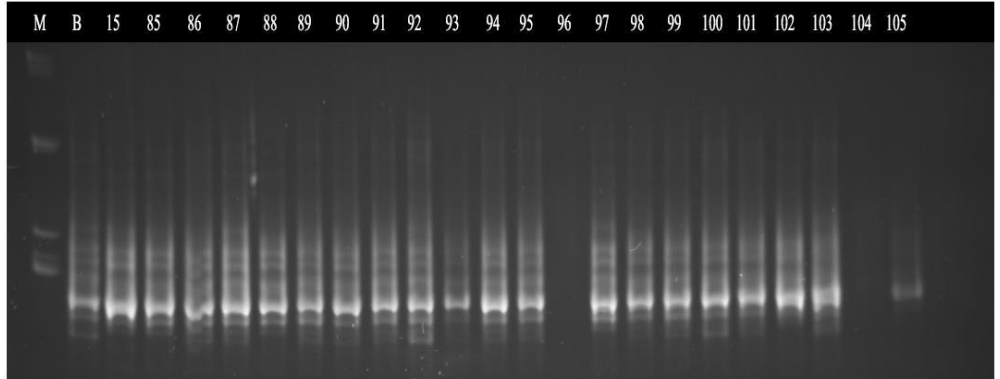
**Şekil A.28.** CFD193 primerinin F<sub>2</sub> populasyonunun 22-42 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 22-42 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



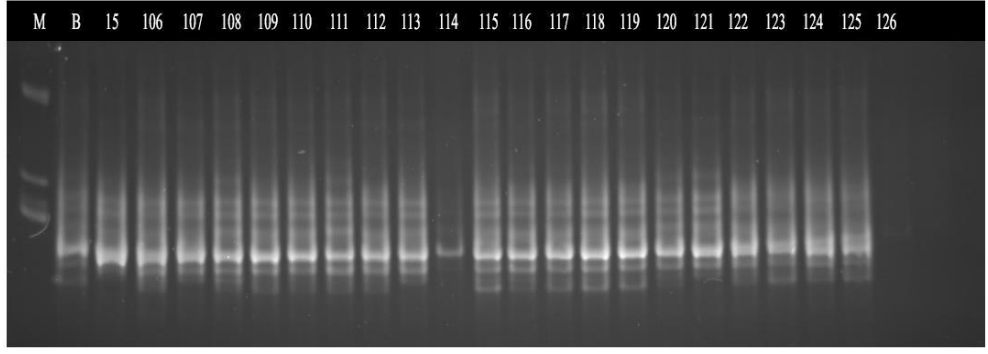
**Şekil A.29.** CFD193 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 43-63 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 43-63 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



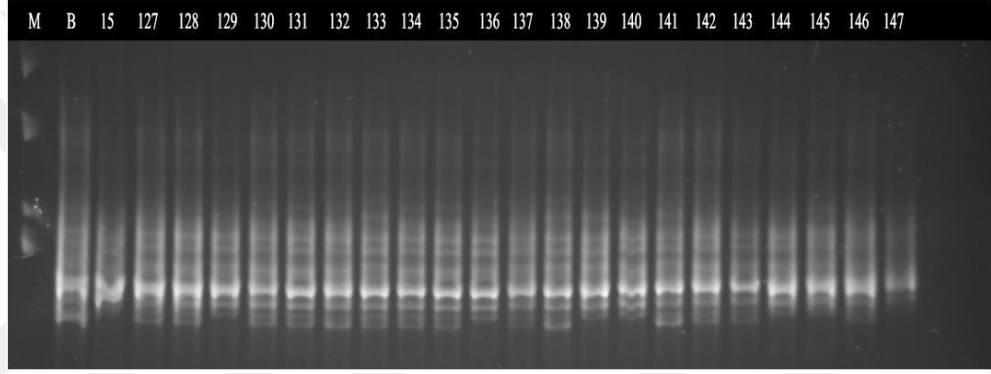
**Şekil A.30.** CFD193 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 64-84 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 64-84 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



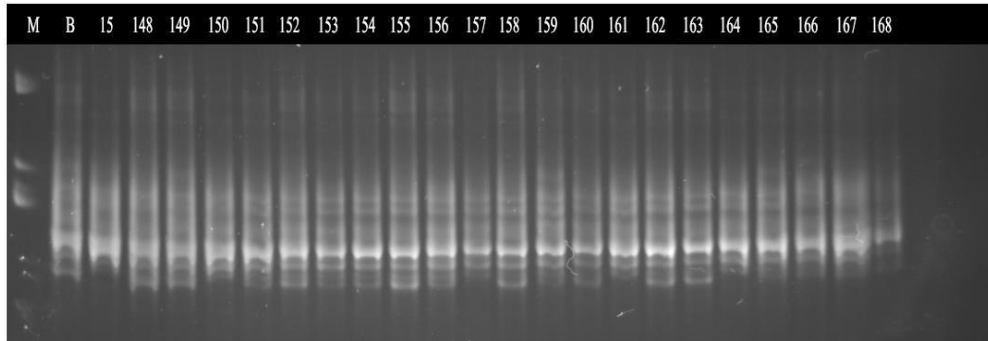
**Şekil A.31.** CFD193 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 85-105 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 85-105 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



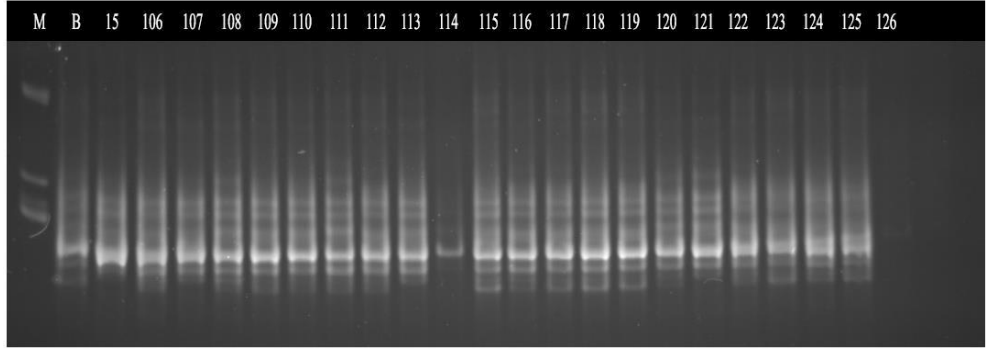
**Şekil A.32.** CFD193 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 106-126 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 106-126 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



**Şekil A.33.** CFD193 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 127-147 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 127-147 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).

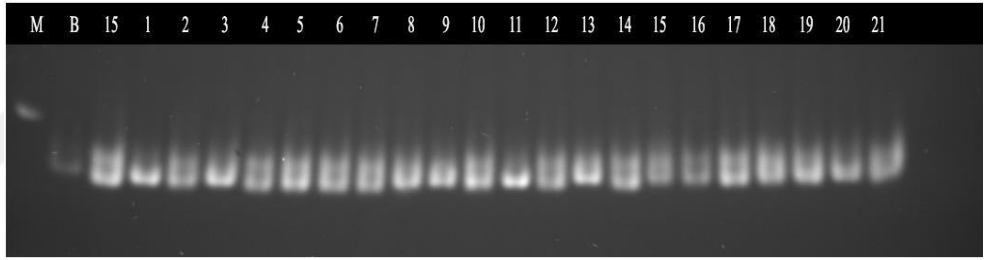


**Şekil A.34.** CFD193 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 148-168 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 148-168 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).

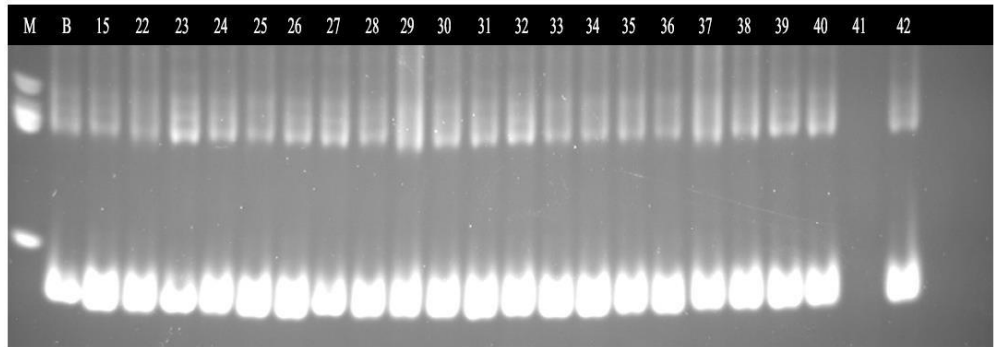


**Şekil A.35.** CFD193 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 169-190 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 169-190 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).

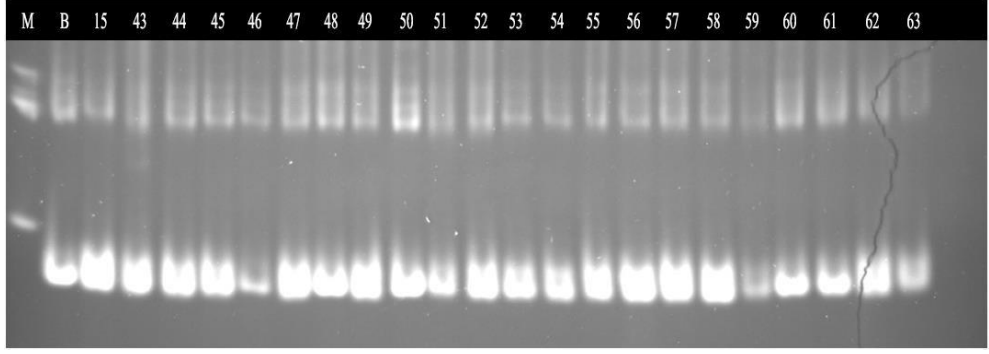
#### **Ek. 4 F<sub>2</sub> popülasyonunda taranan GWM111 primerinin 190 bireydeki görüntüleri**



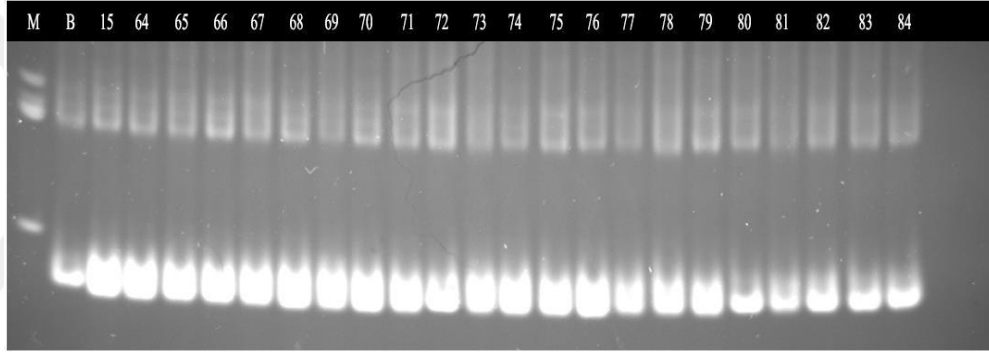
**Şekil A.36.** GWM111 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun ilk 21 bireyindeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 1-21 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



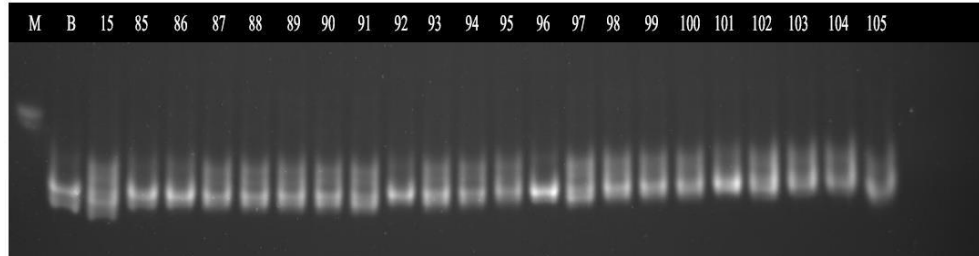
**Şekil A.37.** GWM111 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 22-42 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 22-42 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



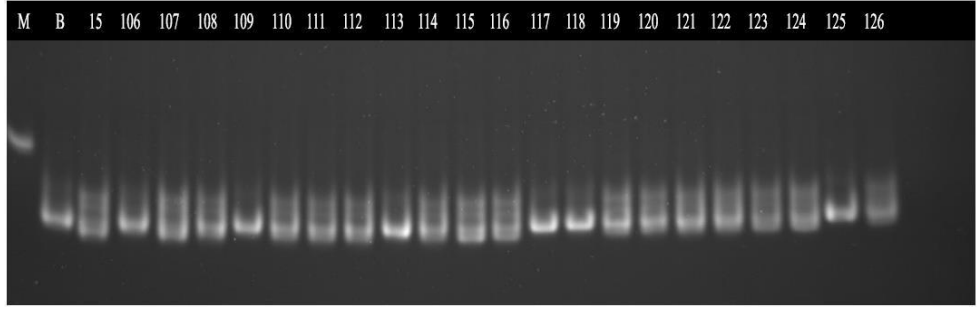
**Şekil A.38.** GWM111 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 43-63 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 43-63 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



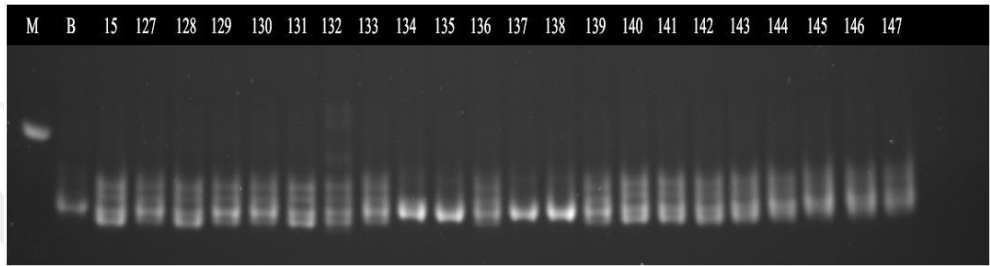
**Şekil A.39.** GWM111 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 64-84 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 64-84F<sub>2</sub>bireyleri, M: Markör).



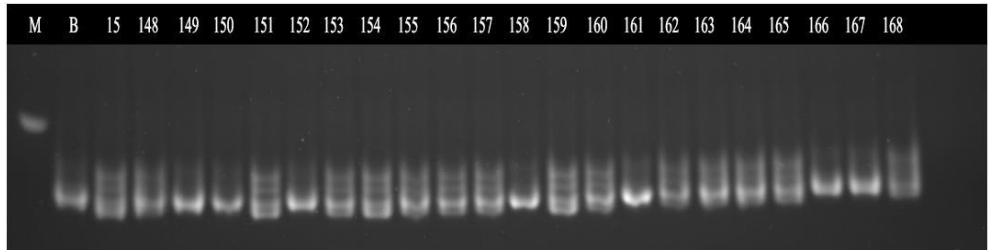
**Şekil A.40.** GWM111 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 85-105 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 85-105 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



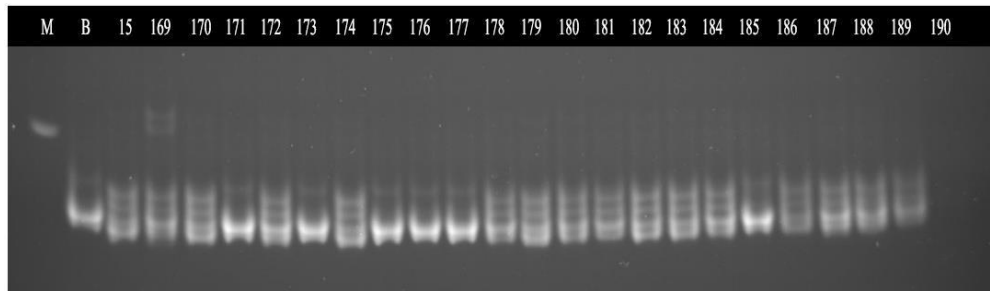
**Şekil A.41.** GWM111 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 106-126 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 106-126 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



**Şekil A.42.** GWM111 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 127-147 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 127-147 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



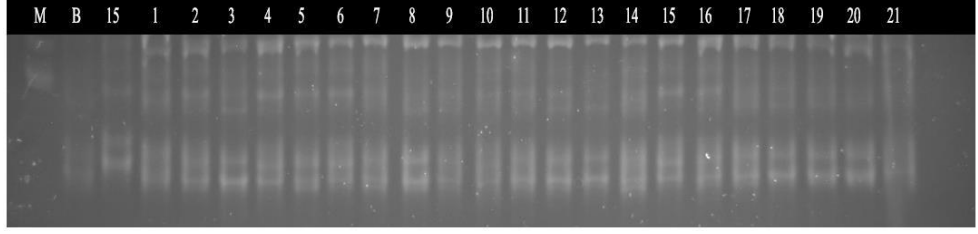
**Şekil A.43.** GWM111 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 148-168 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 148-168 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



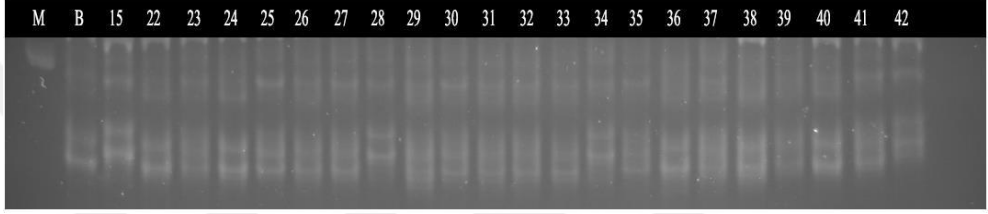
**Şekil A.44.** GWM111 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 169-190 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 169-190 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



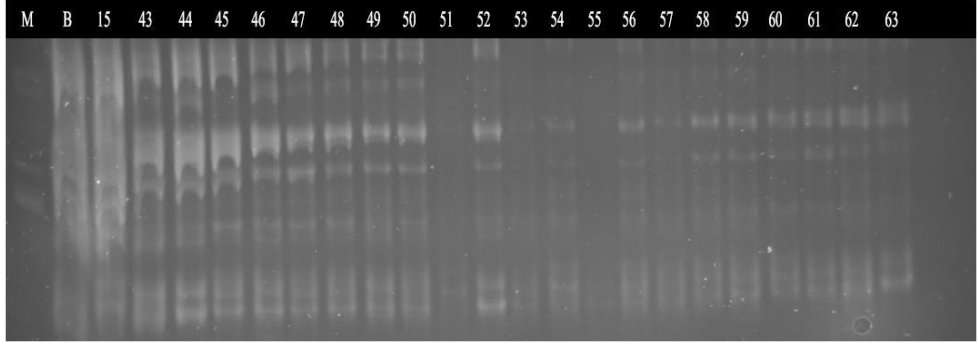
**Ek. 5 F<sub>2</sub> popülasyonunda taranan WMC150 primerinin 190 bireydeki görüntüleri**



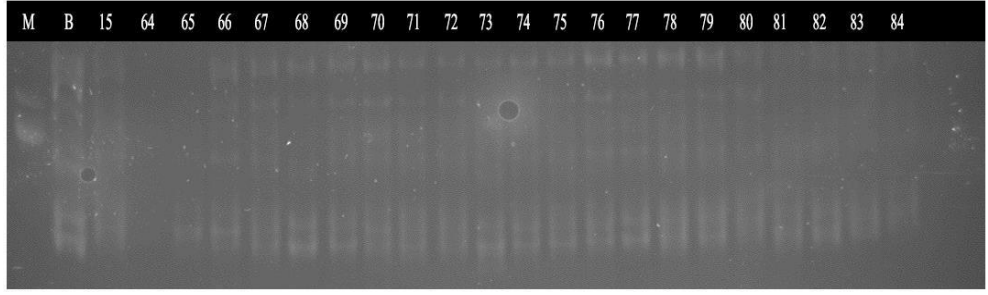
**Şekil A.45.** WMC150 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun ilk 21 bireyindeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 1-21 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



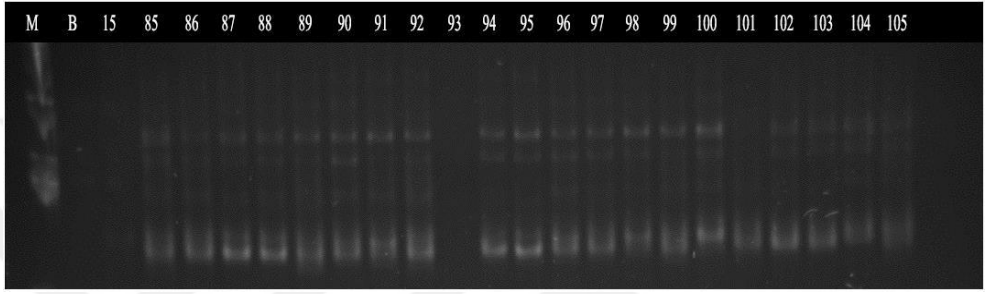
**Şekil A.46.** WMC150 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 22-42 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 22-42 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



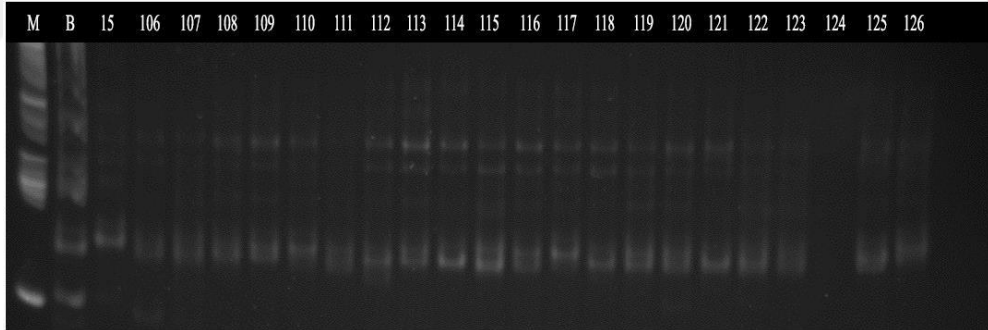
**Şekil A.47.** WMC150 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 43-63 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 43-63 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



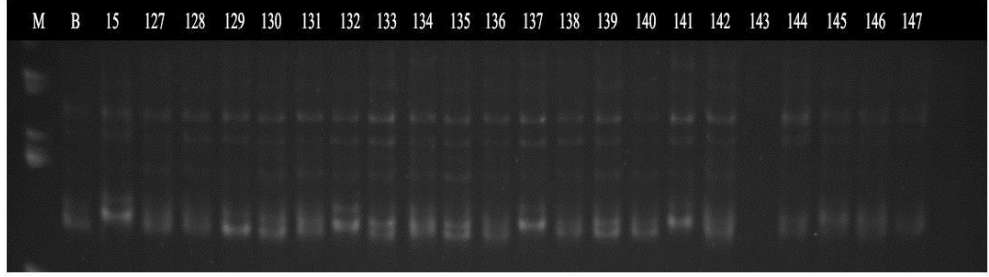
**Şekil A.48.** WMC150 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 64-84 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 64-84 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



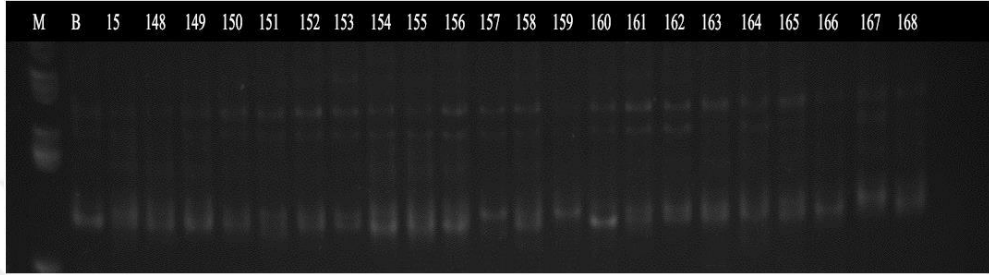
**Şekil A.49.** WMC150 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 85-105 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 85-105 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



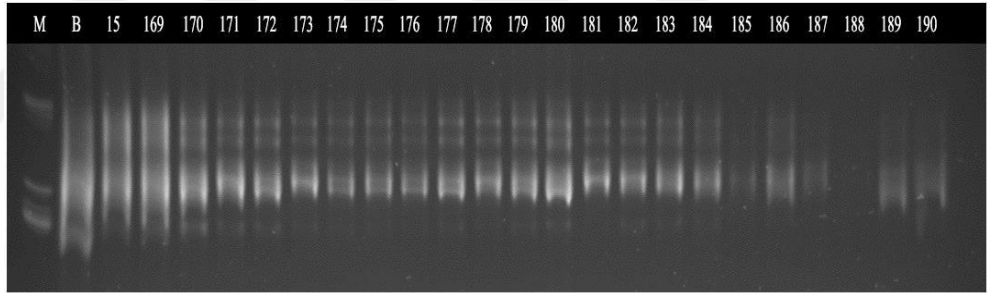
**Şekil A.50.** WMC150 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 106-126 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 106-126 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



**Şekil A.51.** WMC150 primerinin  $F_2$  popülasyonunun 127-147 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 127-147  $F_2$  bireyleri, M: Markör).

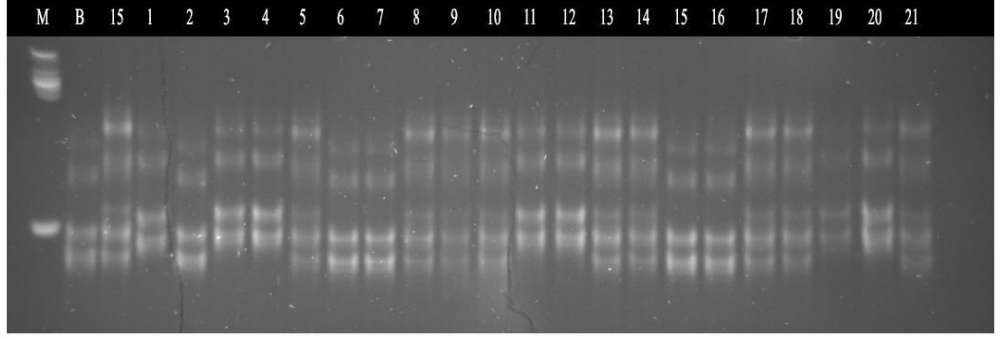


**Şekil A.52.** WMC150 primerinin  $F_2$  popülasyonunun 148-168 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 148-168  $F_2$  bireyleri, M: Markör).

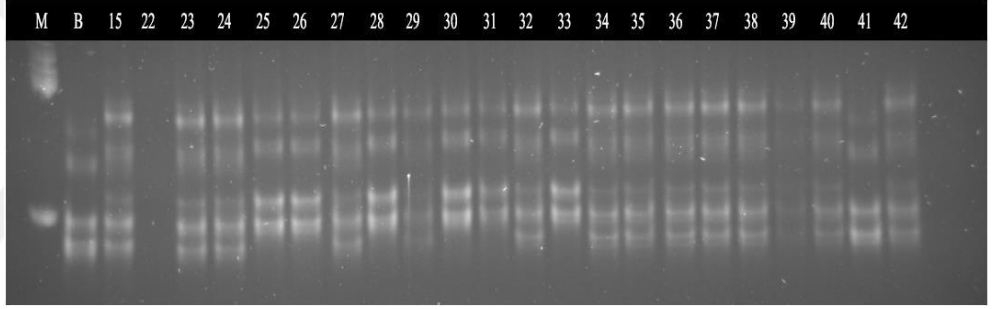


**Şekil A.53.** WMC150 primerinin  $F_2$  popülasyonunun 169-190 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 169-190  $F_2$  bireyleri, M: Markör).

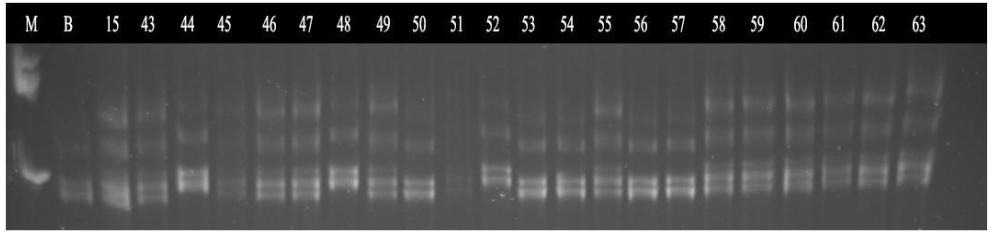
**Ek. 6 F<sub>2</sub> populasyonunda taranan WMC473 primerinin 190 bireydeki görüntüleri**



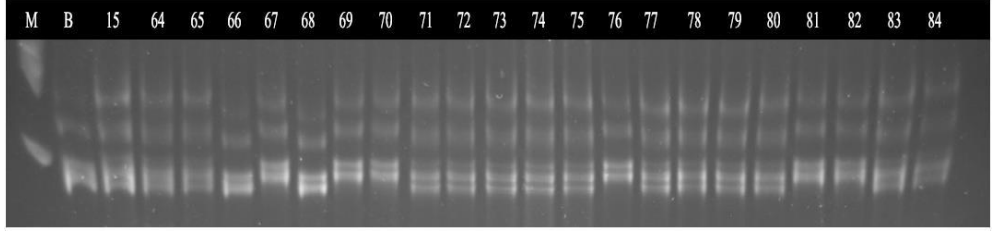
**Şekil A.54.** WMC473 primerinin F<sub>2</sub> populasyonunun ilk 21 bireyindeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 1-21 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



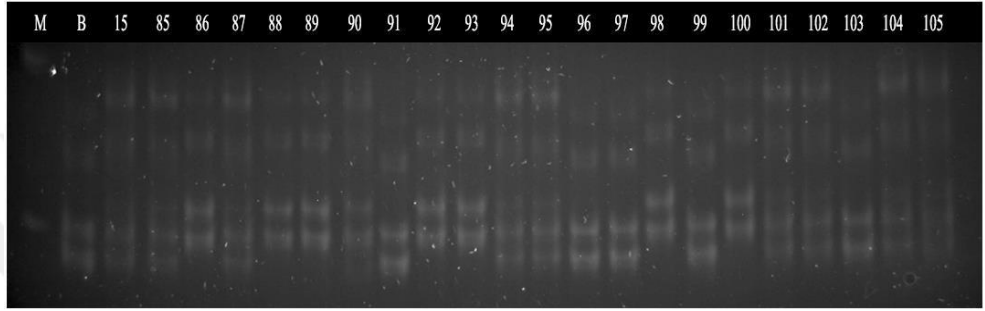
**Şekil A.55.** WMC473 primerinin F<sub>2</sub> populasyonunun 22-42 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 22-42 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



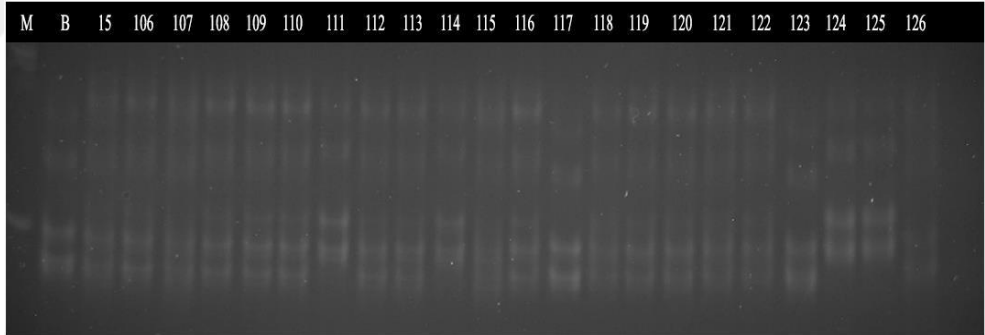
**Şekil A.56.** WMC473 primerinin F<sub>2</sub> populasyonunun 43-63 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 43-63 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



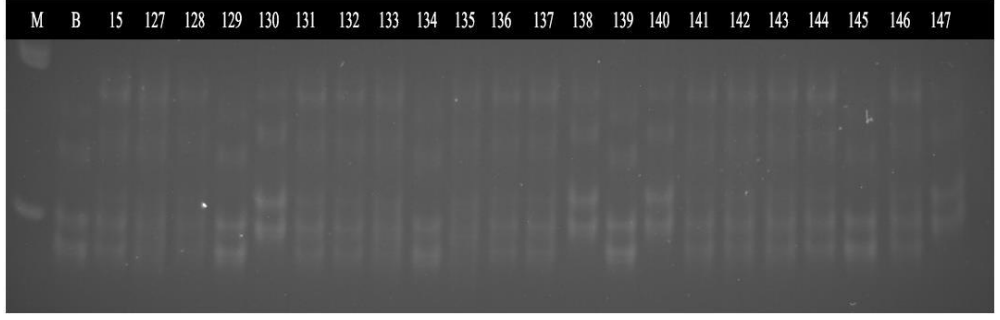
**Şekil A.57.** WMC473 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 64-84 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 64-84 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



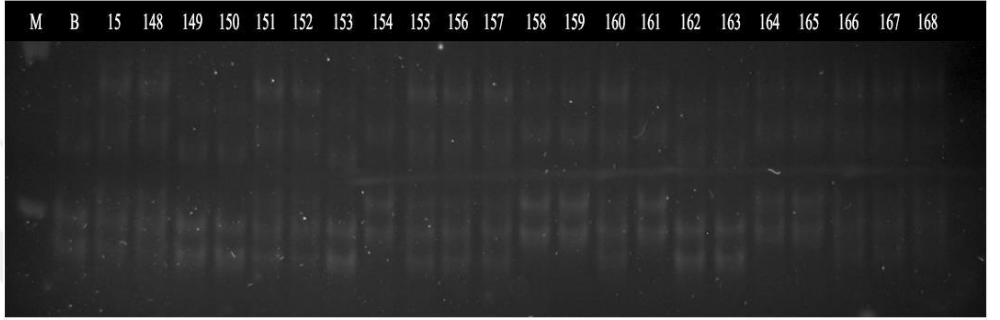
**Şekil A.58.** WMC473 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 85-105 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 85-105 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



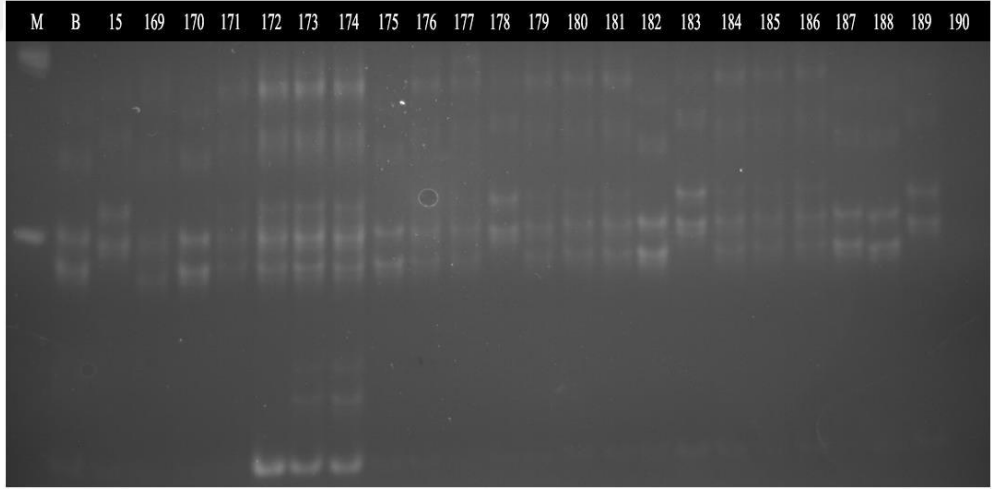
**Şekil A.59.** WMC473 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 106-126 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 106-126 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



**Şekil A.60.** WMC473 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 127-147 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 127-147 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).

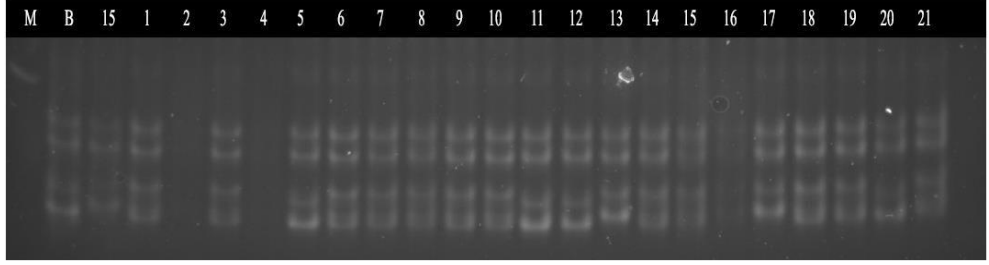


**Şekil A.61.** WMC473 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 148-168 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 148-168 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).

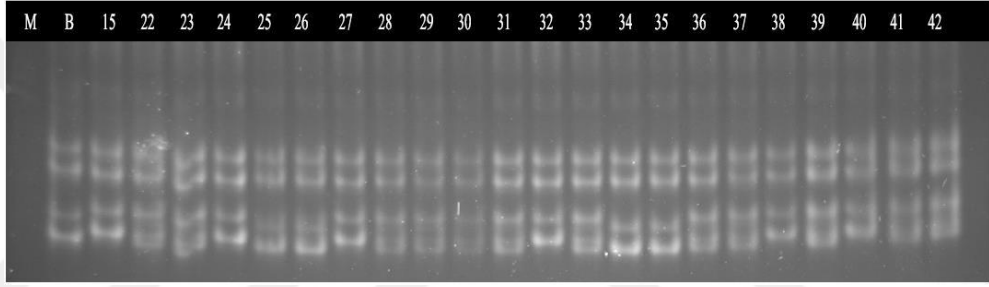


**Şekil A.62.** WMC473 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 169-190 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 169-190 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).

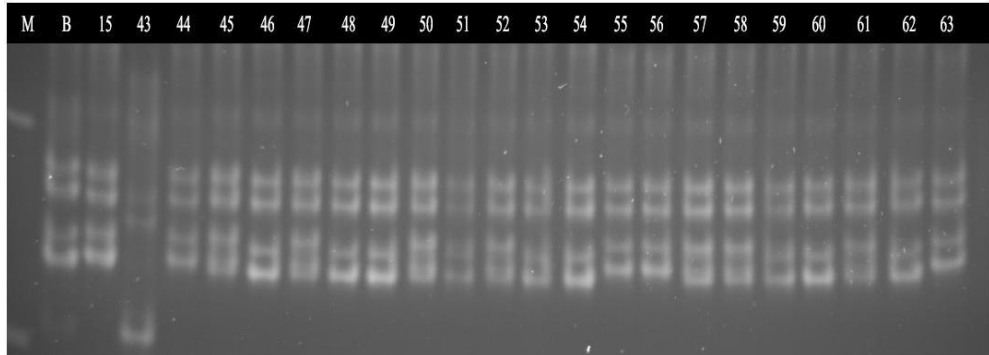
**Ek. 7 F<sub>2</sub> populasyonunda taranan WMC488 primerinin 190 bireydeki görüntüleri**



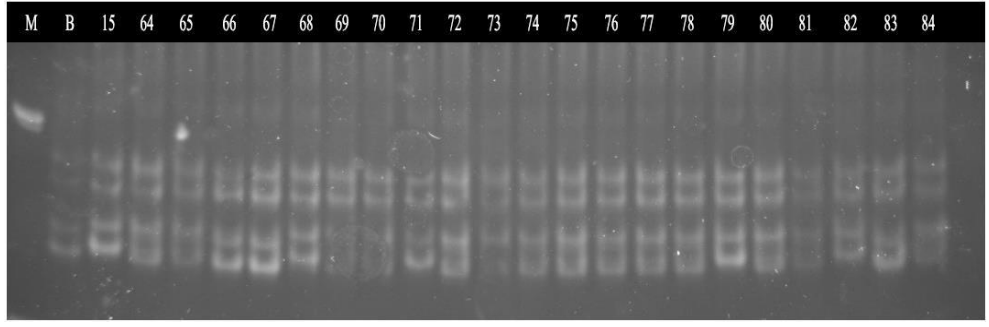
**Şekil A.63.** WMC488 primerinin F<sub>2</sub> populasyonunun ilk 21 bireyindeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 1-21 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



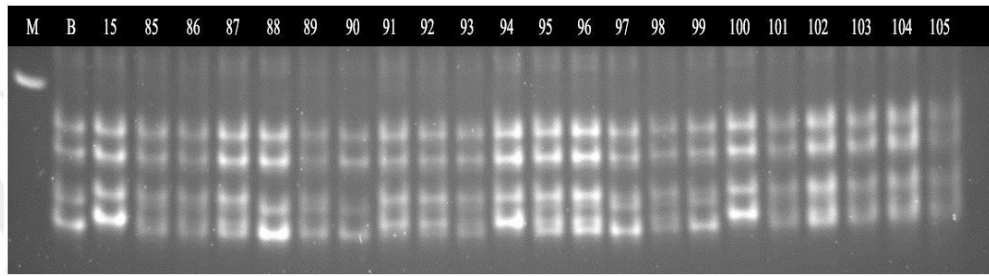
**Şekil A.64.** WMC488 primerinin F<sub>2</sub> populasyonunun 22-42 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 22-42 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



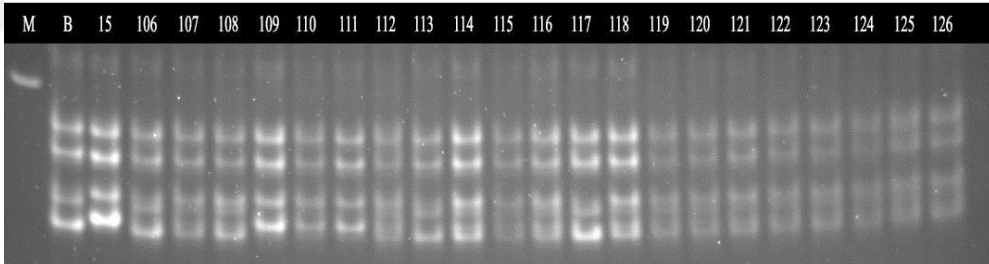
**Şekil A.65.** WMC488 primerinin F<sub>2</sub> populasyonunun 43-63 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 43-63 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



**Şekil A.66.** WMC488 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 64-84 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 64-84 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).

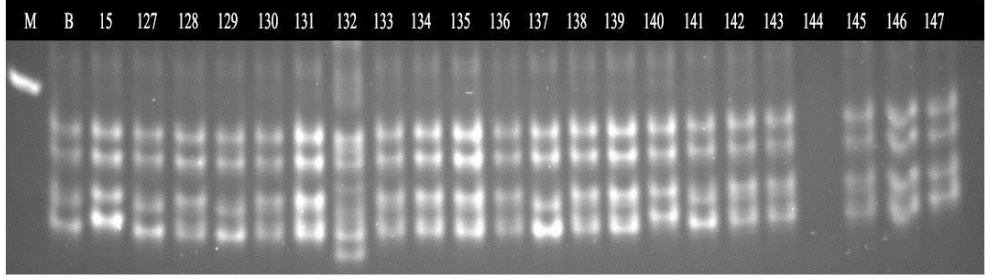


**Şekil A.67.** WMC488 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 85-105 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 85-105 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).

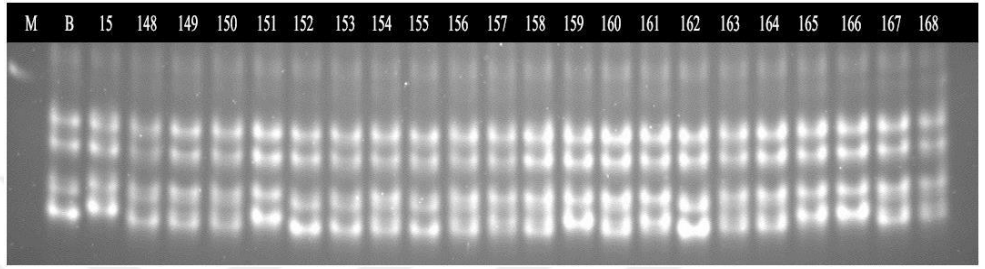


**Şekil A.68.** WMC488 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 106-126 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 106-126 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).

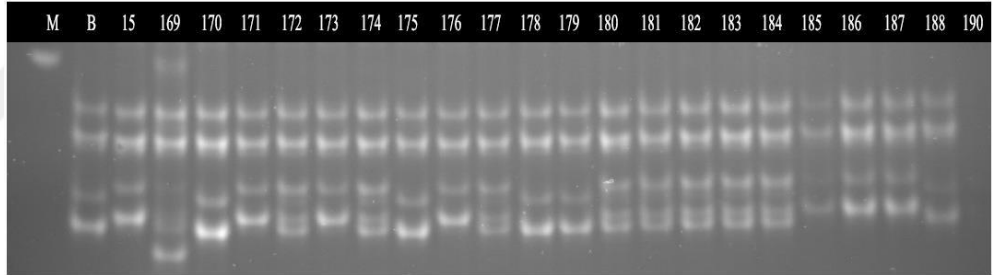




**Şekil A.69.** WMC488 primerinin F<sub>2</sub> populasyonunun 127-147 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 127-147 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).

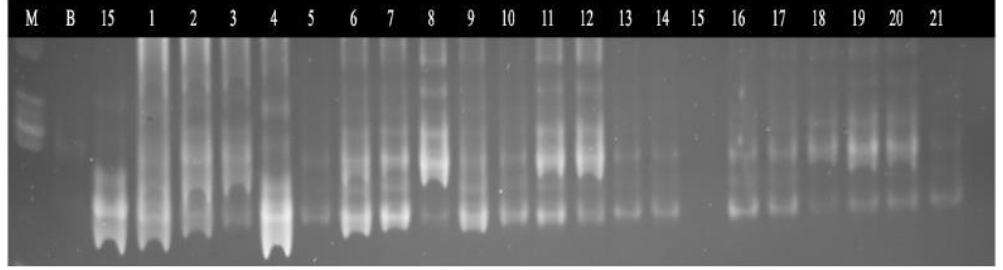


**Şekil A.70.** WMC488 primerinin F<sub>2</sub> populasyonunun 148-168 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 148-168 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).

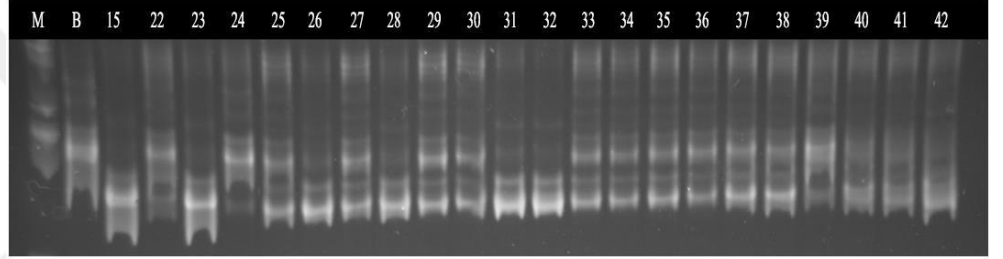


**Şekil A.71.** WMC488 primerinin F<sub>2</sub> populasyonunun 169-190 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 169-190 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).

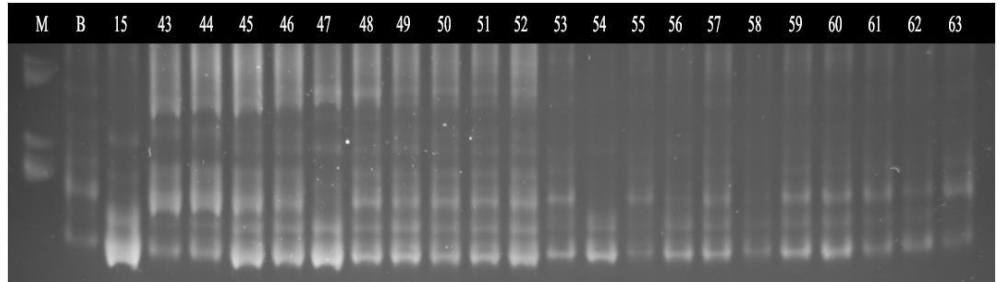
**Ek. 8 F<sub>2</sub> popülasyonunda taranan WMC702 primerinin 190 bireydeki görüntüleri**



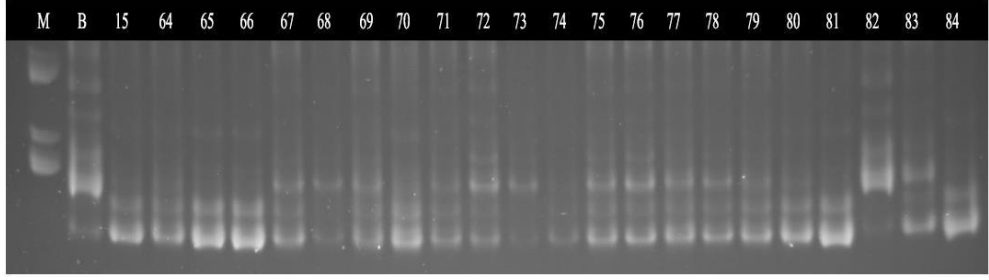
**Şekil A.72.** WMC702 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun ilk 21 bireyindeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 1-21 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



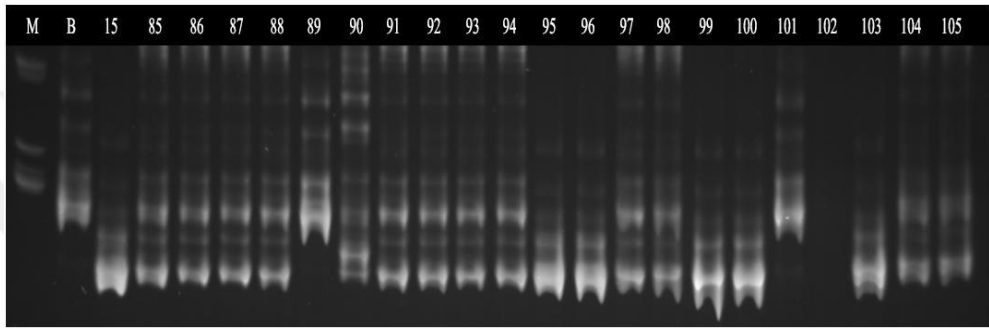
**Şekil A.73.** WMC702 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 22-42 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 22-42 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



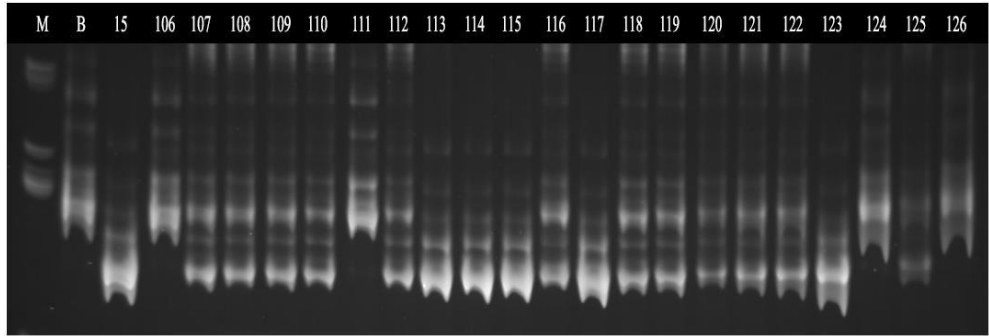
**Şekil A.74.** WMC702 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 43-63 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 43-63 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



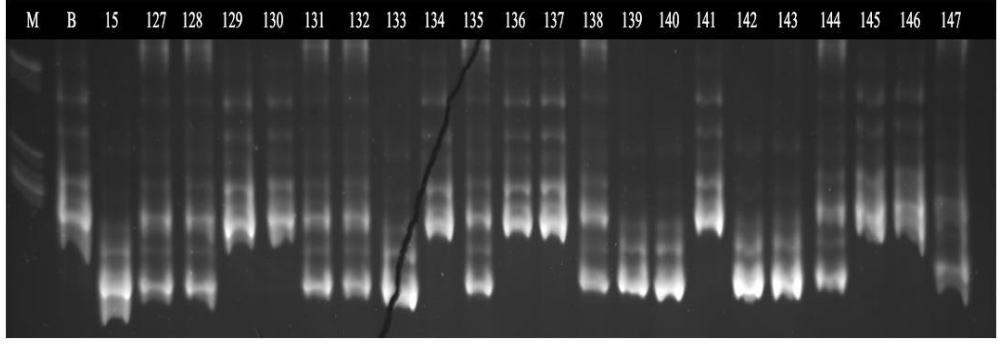
**Şekil A.75.** WMC702 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 64-84 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 64-84 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



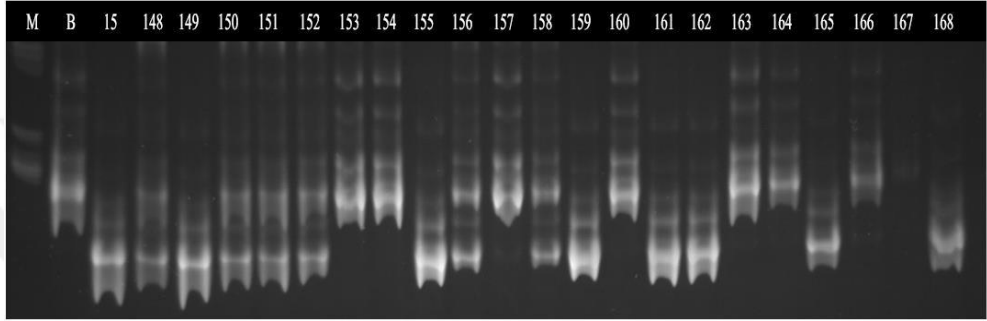
**Şekil A.76.** WMC702 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 85-105 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 85-105 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



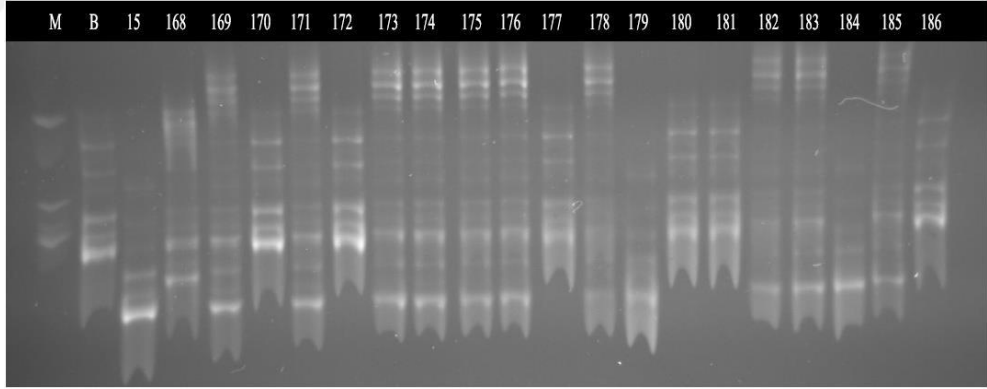
**Şekil A.77.** WMC702 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 106-126 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 106-126 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



**Şekil A.78.** WMC702 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 127-147 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 127-147 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).

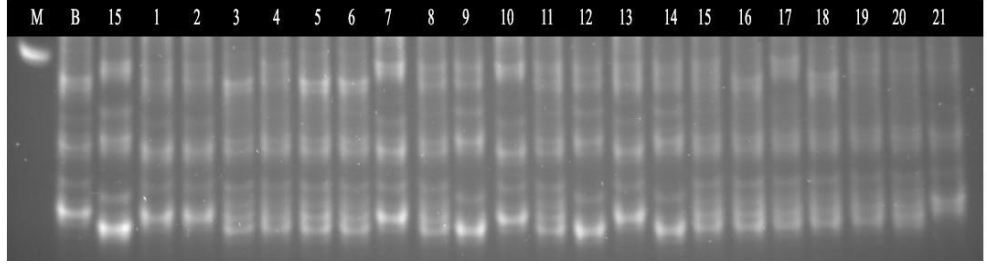


**Şekil A.79.** WMC702 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 148-168 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 148-168 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).

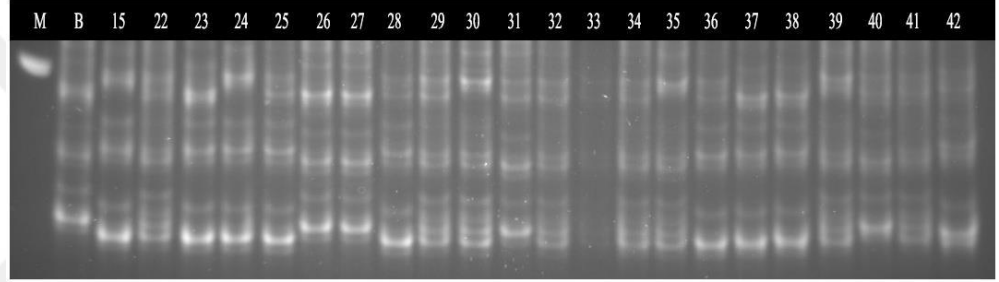


**Şekil A.80.** WMC702 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 169-190 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 169-190 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).

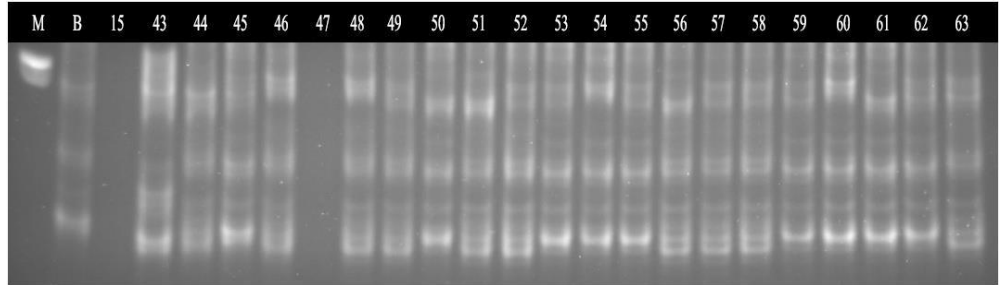
**Ek. 9 F<sub>2</sub> popülasyonunda taranan WMC797 primerinin 190 bireydeki görüntüleri**



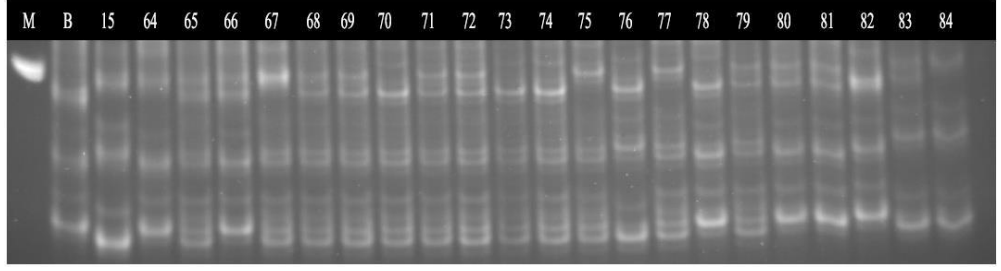
**Şekil A.81.** WMC797 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun ilk 21 bireyindeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 1-21 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



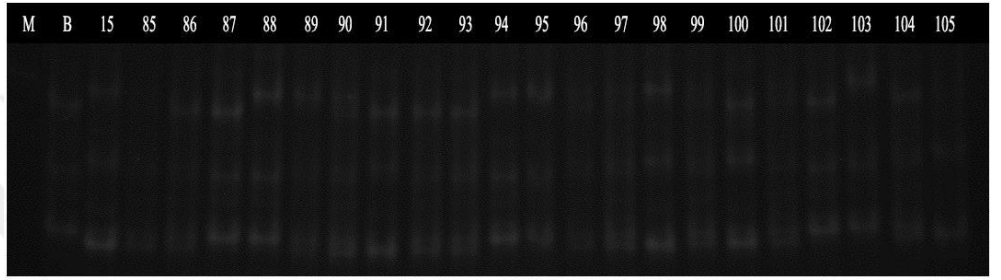
**Şekil A.82.** WMC797 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 22-42 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 22-42 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



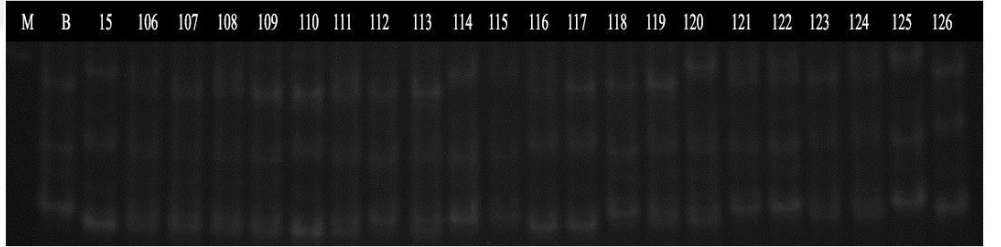
**Şekil A.83.** WMC797 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 43-63 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 43-63 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



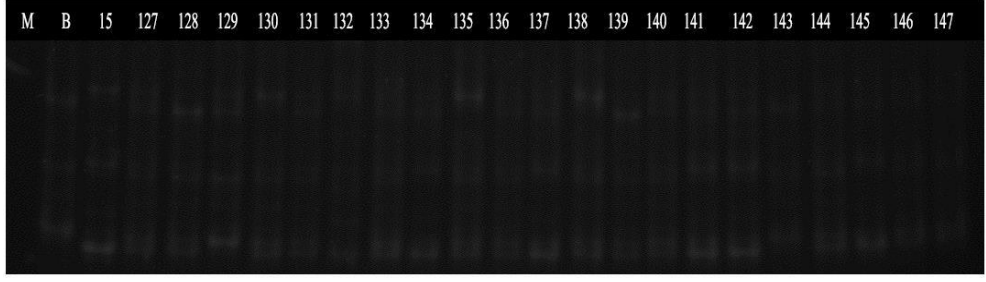
**Şekil A.84.** WMC797 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 64-84 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 64-84 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



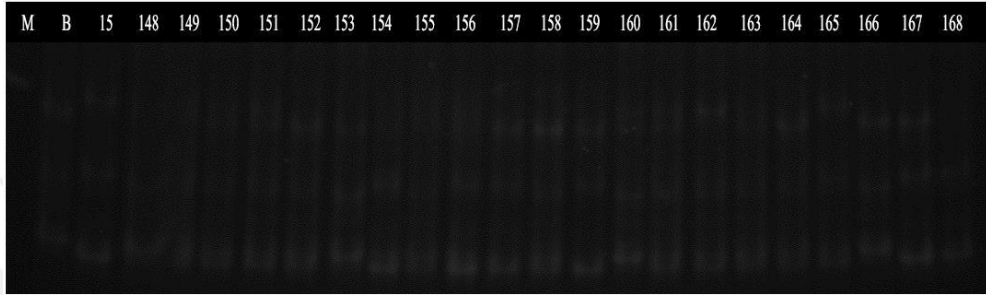
**Şekil A.85.** WMC797 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 85-105 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 85-105 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



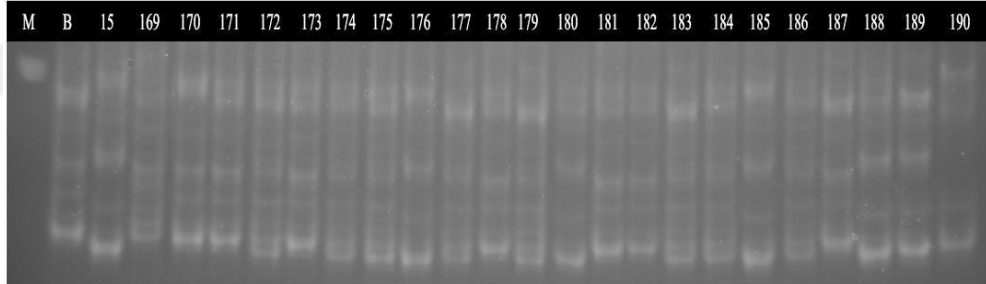
**Şekil A.86.** WMC797 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 106-126 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 106-126 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



**Şekil A.87.** WMC797 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 127-147 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 127-147 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



**Şekil A.88.** WMC797 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 148-168 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 148-168 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).



**Şekil A.89.** WMC797 primerinin F<sub>2</sub> popülasyonunun 169-190 numaralı bireylerdeki sonuçları.(B: Basribey, 15: 15 nolu hat, 169-190 F<sub>2</sub> bireyleri, M: Markör).

## Ek. 10 MARKÖRLERİN SKORLANMASI

Gene yakın olarak açıklanan markörlerden GWM121 primeri detaylı olarak araştırma bulguları kısmında bahsedilmiştir. Taranan diğer primerlerin ise ilk 5 bireyde bant desenleri aşağıdaki tabloda yer almıştır.

Çalışmada kullanılan markörlerdeki primerlerin göstermiş olduğu polimorfizmlerde, anneye ait bantlar için (A), babaya ait banta sahip olan bireyler için de (B) şeklinde skorlanmıştır. Denemelerde okunması yapılamayan ya da çıkmayan bantlar da '0' olarak belirtilmiştir.

**Çizelge A.1.** Markörlerin haritalanmasıyla oluşturulan ilk 5 birey için skorlama

MARKÖR	ÖRNEK NO →				
	1	2	3	4	5
BARC128	H	H	H	H	B
BARC214	B	H	H	H	B
GWM111	H	H	H	A	B
WMC150	H	H	A	B	H
WMC473	H	A	H	H	B
WMC488	A	0	A	0	A
WMC702	A	A	A	B	H
WMC797	A	A	B	H	B
CFD68	A	H	B	A	H
CFD193	A	B	B	A	B