

ANKARA ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

DOKTORA TEZİ

TÜRKİYE’NİN GÖLLER BÖLGESİNDEN TOPLANAN YONCA
(*Medicago sativa* L.) POPULASYONLARININ KARYOTİP
KARAKTERİZASYONU

Eissa ZARİFİ ANAKHATOON

TARLA BİTKİLERİ ANABİLİM DALI

Ankara
2013

Her Hakkı Saklıdır

TEZ ONAYI

Eissa ZARİFİ ANAKHATOON "Türkiye'nin Göller Bölgesinden Toplanan Yonca (*Medicago sativa* L.) Populasyonlarının Karyotip Karakterizasyonu" adlı tez çalışması 29/11/2013 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından oy birliği ile Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Anabilim Dalı'nda **DOKTORA TEZİ** olarak kabul edilmiştir.

Danışman : Prof. Dr. Cafer Sırrı SEVİMAY
Ankara Üniversitesi Tarla Bitkileri Anabilim Dalı

Jüri Üyeleri;

Başkan:

Üye: Prof. Dr. Cafer Sırrı SEVİMAY
Ankara Üniversitesi Tarla Bitkileri Anabilim Dalı

Üye: Prof. Dr. Fatma ÜNAL
Gazi Üniversitesi Biyoloji Anabilim Dalı

Üye: Prof. Dr. Suzan ALTINOK
Ankara Üniversitesi Tarla Bitkileri Anabilim Dalı

Üye: Prof. Dr. Khalid Mahmood KHAWAR
Ankara Üniversitesi Tarla Bitkileri Anabilim Dalı

Üye: Prof. Dr. Sebahattin ALBAYRAK
Süleyman Demirel Üniversitesi Tarla Bitkileri Anabilim Dalı

Yukarıdaki sonucu onaylarım.

Prof. Dr. İbrahim DEMİR
Enstitü Müdürü

ETİK

Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü tez yazım kurallarına uygun olarak hazırladığım bu tez içindeki bütün bilgilerin doğru ve tam olduğunu, bilgilerin üretilmesi aşamasında bilimsel etiğe uygun davrandığımı, yararlandığım bütün kaynakları atıf yaparak belirttiğimi beyan ederim.

Tarih

İmza

Öğrencinin Adı Soyadı

ÖZET

Doktora Tezi

TÜRKİYE’NİN GÖLLER BÖLGESİNDEN TOPLANAN YONCA (*Medicago sativa* L.) POPULASYONLARININ KARYOTİP KARAKTERİZASYONU

Eissa ZARİFİ ANAKHATOON

Ankara Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Tarla Bitkileri Anabilim Dalı

Danışman : Prof. Dr. Cafer Sırrı SEVİMAY

Yonca (*Medicago sativa* L.), dünyada ve Türkiye’de en önemli baklagil yem bitkisidir. Özellikle Türkiye’de çok fazla ekonomik öneme sahiptir. Yonca, dünyada 60 türe sahiptir ve bu türlerin 30 tanesi Türkiye’nin farklı bölgelerinde yayılmıştır. Türkiye’nin Göller Bölgesi’nde benzer iklim koşullarında bulunan yonca populasyonları bir gen kaynağı olarak geliştirilmemiş, bu nedenle o bölgeyi temsil eden 25 populasyon, üzerinde sitogenetik çalışmalar yapılmak üzere 22 farklı bölgeden toplanmıştır. Serada saksılarda yetiştirilen tek bitkilerden klonla çoğaltımla elde edilen bitkilerden alınan kök ucu meristemlerine α -bromonaftalin doymuş çözeltilisinde ve 0.002 M 8-hydroxiquinolin ön işlem yapılmış ve sonra kök uçları aceto-iron-hematoxylin ile boyanmıştır. Ölçülen kromozomal parametreler; Kısa Kol, Uzun Kol, Toplam Kromozom Boyu, Kol Oranı, Sentromer İndeksi (CI), Kromozomların Nispi Uzunluğu (RL%) ve Karyotipin toplam formu yüzdesi (TF%)dir. Karyotip analizi, tüm populasyonların tetraploid ($2n=4x=32$) olduğunu göstermiştir. Kromozomların boyları küçüktür. Kromozom boyları 1.69-6.20 mikron arasında değişmektedir. B- kromozomları ve heteromorfik kromozomlar belirlenmiştir. Bu bölgelerde yoncanın heterojen populasyonları olduğu kanıtlanmıştır. Araştırmadan elde edilen veriler, tamamen faktöriyel tesadüf desene (CRD) dayalı 5 hücre replikasyonlu olarak analiz edilmiştir. ANOVA, değerlendirilen tüm özellikler için, populasyonlar arasındaki göze çarpan farklılıkları göstermiştir. Karyotip formülüne dayalı olarak populasyonlar 8 farklı sınıfta kategorize edilen 2 tip kromozoma (m, sm) sahiptir. Farklı parametreler, örneğin DRL (Nispi kromozom boyunun aralık farkı), DI (Dağılım İndeksi), %TF (Karyotipin toplam formu yüzdesi), %CV (Varyasyon Katsayısı), Stebbins ve Romero-Zarco kategorileri kullanılarak karyotip simetri değerlendirilmesi yapılmıştır. Korelasyon katsayısı sonuçları, uzun kolun en fazla toplam kromozom boyu ile ilişkili olduğunu ve kol oranının ise en düşük kısa kol ile ilişkili olduğunu göstermiştir. Kluster analizi UPGMA metoduna dayalı olarak yapılmış, euclidean kare mesafe metodu ile belirlenmiş olup: dendogram 4 grup göstermiştir. Temel bileşenlere analizi, ilk üç bileşenin, verilerin varyasyonunun %92.67’sini kapsadığını göstermiştir. İlk 2 PC’ye göre de populasyonlar 4 grupta sınıflandırılmıştır. Hüyük-2 populasyonu birey grubu oluşturmuş ve populasyonların geri kalanı 3 grupta kümelenemiştir.

Kasım 2013, 182 sayfa

Anahtar kelimeler: Yonca (*Medicago sativa* L.), Sitogenetik, B kromozom, Heteromorfik, Karyotip

ABSTRACT

Ph.D. Thesis

KARYOTYPE CHARACTERIZATION OF COLLECTED POPULATIONS OF AFALFA (*Medicago sativa* L.) FROM LAKE REGIONS OF TURKEY

Eissa ZARİFİ ANAKHATOON

Ankara University
Graduate School of Natural and Applied Sciences
Department of Field Crops

Supervisor: Prof. Dr. Cafer Sırrı SEVİMAY

Alfalfa (*Medicago sativa* L.) is the one of the important and economic forage legume crops in the world and Turkey. Alfalfa has 60 species which 30 annual and perennial species were distributed in different regions of Turkey. The alfalfa populations of Lake Regions of Turkey as gene resources have not been improved; therefore, 25 representatives alfalfa populations were collected from 22 different locations of this province with similar climatic conditions for cytogenetical studies. Root tips meristems obtained from plants of similar age that originated by vegetative reproduction from a single parent from plants grown under greenhouse conditions, were pretreated with saturated solution of α -bromonaphthalene and 0.002 M 8-Hydroxiquinolin before staining with aceto-iron-hematoxylin. The measured chromosomal parameters were; Short arm, Long arm, Total length of chromosomes, Arm Ratio, Centromere Index (CI), Relative Length (RL%) and Total Form Percentage (TF%). Karyotype analysis showed that all populations were tetraploid ($2n=4x=32$). The chromosomes are small, ranging from 1.69-6.20 microns in length. B chromosome and heteromorphic chromosomes were established. Due to these phenomenons, the existence of heterogeneous in alfalfa populations were demonstrated from these locations. The resultant data were analyzed based on completely randomized design (CRD) factorial with 5 replicates of cells. ANOVA indicated marked differences among Populations for most of the evaluated traits. On the basis of karyotypic formula, the populations had 2 types of chromosomes (m, sm), categorizing them in 8 different classes. Assessment of karyotype symmetry was carried out, using various parameters e.g. DRL, DI, TF%, CV%, Stebbins and Romero-Zarco categories. The result of correlation coefficient showed that the Long arm had the most correlation with Total length of chromosomes and Short arm had the least correlation with arm ratio. In cluster analysis based on UPGMA method, the distances were determined by euclidean square distance method: dendrogram demonstrated 4 groups. The result of the principal components analysis showed that the first three components covered 92.67% of the data variation. According to the first two PCs, the Populations were categorized into 4 groups as well. the Hüyük-2 population formed individual group and the rest of populations were clustered in 3 groups.

November 2013, 182 pages

Key Words: Alfalfa (*Medicago sativa* L.), Cytogenetic, B chromosome, Heteromorphic, karyotype

TEŞEKKÜR

Bana bu araştırma fırsatını sağlayan ve danışman saygıdeğer hocama sayın Prof. Dr. Cafer S. SEVİMAY'a en içten teşekkürlerimi arz ederim. Ayrıca, doğa sevgisi ve bilimsel çalışmayı bana öğreten değerli hocam Prof. Dr. Khalid Mahmood KHAWAR'a (Ankara Üniversitesi Tarla Bitkileri Anabilim Dalı) teşekkürlerimi sunarım.

Her aşamada bilimsel çalışmaların yanında pratik çözümleriyle benim için bir hoca ve iyi bir arkadaş olarak desteklerinden dolayı sayın Prof. Dr. Sebahattin ALBAYRAK (Süleyman Demirel Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümü)'a bilhassa bu araştırmanın bitki materyalini sağladığı için, Isparta şehrinde bu araştırmanın bazı çalışmaları yaparken bir aile gibi bana değerli desteklerinden dolayı en derin teşekkürlerimi sunarım.

Ankara Üniversitesinde doktora eğitim fırsatı sağladığı için, Türkiye Cumhuriyeti'ne en derin teşekkürlerimi sunarım. Bu araştırmanın sürülmesine imkan veren Tarla Bitkileri Bölüm başkanına bana her türlü desteğini esirgemeyen saygıdeğer sayın hocam Prof. Dr. Nilgün BAYRAKTAR'a (Ankara Üniversitesi Tarla Bitkileri Anabilim Dalı) teşekkürlerimi bir borç bilirim.

Floresometri konusunda beni NAMIK KEMAL ÜNİVERSİTESİ'nde misafir olarak kabul eden ve yardımcı olan sayın Prof. Dr. Metin TUNA'ya teşekkür ederim.

Tez çalışmam sırasında benden yardımlarını esirgemeyen, farklı zamanlarda aynı sıkıntıları yaşadığım değerli arkadaşım Öğr. Gör. Dr. Derya GÜLOĞLU'ya (Süleyman Demirel Üniversitesi) katkı ve destekleri için yürekten teşekkür ederim.

Son olarak, çalışma süresince bana manevi desteklerini eksik etmeyen sevgili eşim Mitra'ya sonsuza dek teşekkür ederim. Bu çalışmayı sevgili eşime takdim ederim.

Eissa ZARİFİ ANAKHATOON

ANKARA, Kasım 2013.

İÇİNDEKİLER

ETİK.....	i
ÖZET.....	ii
ABSTRACT	iii
TEŞEKKÜR.....	iv
SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ.....	vii
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	ix
ÇİZELGE DİZİNİ	xiv
1. GİRİŞ.....	1
2. KAYNAK ÖZETLERİ.....	4
2.1 Yoncannın Ana Vatanı ve Yayılışı.....	11
2.2 Yoncannın Sitogenetiği	13
2.2.1 <i>Medicago sativa</i> ssp. <i>coerulea</i> da karyotip çalışmaları	16
2.2.2 Diploid <i>Medicago sativa</i> ssp. <i>falcata</i> da karyotip çalışmaları.....	19
2.2.3 Tetraploid <i>Medicago sativa</i> ssp. <i>falcata</i> da karyotip çalışmaları.....	20
2.2.4 Tetraploid <i>Medicago sativa</i> ssp. <i>sativa</i> da karyotip çalışmaları	21
2.2.5 Tek yıllık <i>Medicago</i> türlerinde karyotip çalışmaları.....	23
2.3 Yoncada Sitogenetik ve Islah	24
2.4 Yoncada Moleküler Sitogenetik	27
2.5 Yoncada Genetik Haritalama	28
2.6 Yoncada Doku Kültürü ve Genetik Mühendisliği	29
3. MATERYAL VE YÖNTEM.....	31
3.1 Bitki Materyali	31
3.2 Sitogenetik Araştırmalar	31
3.2.1 Somatik kromozomların gözlemi için materyalin hazırlanması.....	31
3.2.1.1 Kök ucu örneklerinin alınması ve ön işlem yapılması.....	31
3.2.1.2 Materyalin Fiksasyonu (Tespit)	32
3.2.1.3 Materyalin hidrolizi ve boyanması	32
3.2.1.4 Kromozom preparatlarının hazırlanması ve incelenmesi.....	33
3.2.1.5 Devamlı preparatların hazırlanması	33
3.2.2 Karyotip analizleri.....	37
3.2.2.1 Kromozom ölçümleri ve homolog kromozomların belirlenmesi	37
3.2.2.2 Karyotip parametrelerin ölçümleri	40
3.2.2.3 Karyotipik verilerin analizinde kullanılan istatistiksel yöntemler	42
4. ARAŞTIRMA BULGULARI.....	44
4.1 Yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) Populasyonlarının Karyotip Özellikleri.....	46
4.1.1 Yeşilova-2 populasyonunun karyotipi özellikleri	46
4.1.2 Yeşilova-3 populasyonunun karyotip özellikleri	50
4.1.3 Karamanlı-1 populasyonunun karyotip özellikleri	54
4.1.4 Tefenni-2 populasyonunun karyotip özellikleri	58
4.1.5 Ağlasun-2 populasyonunun karyotip özellikleri.....	62
4.1.6 Bucak-2 populasyonunun karyotip özellikleri.....	66
4.1.7 Eğirdir-2 populasyonunun karyotip özellikleri.....	71
4.1.8 Gelendost-2 populasyonunun karyotip özellikleri.....	75
4.1.9 Gelendost-3 populasyonunun karyotip özellikleri.....	79
4.1.10 Ş. Karaağaç-2 populasyonunun karyotip özellikleri	83
4.1.11 Hüyük-2 populasyonunun karyotip özellikleri.....	87

4.1.12 Yalvaç-3 populasyonunun karyotip özellikleri	92
4.1.13 Akşehir-2 populasyonunun karyotip özellikleri	96
4.1.14 Keçiborlu-3 populasyonunun karyotip özellikleri.....	100
4.1.15 Uluborlu-1 populasyonunun karyotip özellikleri	104
4.1.16 Uluborlu-2 populasyonunun karyotip özellikleri	108
4.1.17 Senirkent-2 populasyonunun karyotip özellikleri	112
4.1.18 Sandıklı-3 populasyonunun karyotip özellikleri	116
4.1.19 Dinar-1 populasyonunun karyotip özellikleri	120
4.1.20 Dinar-2 populasyonunun karyotip özellikleri	124
4.1.21 Şuhut-2 populasyonunun karyotip özellikleri	128
4.1.22 Çay-2 populasyonunun karyotip özellikleri	132
4.1.23 Sultandağı-1 populasyonunun karyotip özellikleri	136
4.1.24 Bolvadin-3 populasyonunun karyotip özellikleri	140
4.1.25 Beyşehir-1 populasyonunun karyotip özellikleri.....	144
5. TARTIŞMA VE SONUÇ	148
5.1 Yonca populasyonlarında karyotip parametrelerin varyans analizi	150
5.2 Karyotipik simetri ve asimetri parametrelerin ölçüm sonuçları.....	154
5.3 Yonca populasyonlarında karyotip parametrelerin çok değişkenli analizi ...	159
KAYNAKLAR.....	165
ÖZGEÇMİŞ	178

SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

µm	Mikrometre
1N	1 Normal
°C	Santigrat Derece
Σ	Toplam

Kısaltmalar

%CV	Varyasyon Katsayısı
%RL	Kromozomların nispi boyları (Relative Length of Chromosome)
%TF	Karyotipin toplam formu yüzdesi
ABD	Amerika Birleşik Devletleri
AFLP	Amplifiye Parça Uzunluk Polimorfizmi
B	Batı
CI	Sentromer İndeksi
cm	Santimetre
CMA3	Kromomisin A3
CRD	Tamamen tesadüf parselleri deneme deseni
D	Doğu
DAPI	4 ' 6-Diamidion-2-Fenilindol
DI	Dağılım İndeksi
dk.	Dakika
DMSO	(Dimetilsülfoksit) Dimethyl- Sulphoxide
DNA	Deoksiribo Nükleit Asit
DRL	Nispi kromozom boyunun aralık farkı
FISH	Floresans in situ hibridizasyon
FITC	Floresin İzotiyosiyanat
g	Gram
G	Güney
GB	Güney Batı
GD	Güney Doğu
GH-1	(Birinci gen havuzu) The primary gene pool
GH-2	(İkinci gen havuzu) The secondary gene pool
GH-3	(Üçüncü gen havuzu) The tertiary gene pool
GISH	Genomik in situ hibridizasyon
ha	Hektar
HCL	Hidroklorik Asit
K	Kuzey
Kg	kilogram
L	Litre
M	Molar
M	Merkezi
m	Metre
Mbp	Mega Baz Çifti
ml	Mili Litre
NaOH	Sodyum Hidroksit

NOR	(Nükleer Organizatör Bölge) Nucleolus Organizer Region
pg	Picogram
QTL	(Kantitatif Karakter Lokus) Quantitative Trait Locus
RAPD	Tesadüf Amplifikasyonun Polimorfik DNA
RFLP	(Restriksiyon Parça Uzunluk Polimorfizmi) Restriction Fragment Length Polymorphism
RNA	Ribo Nükleik Asit
SC	Simetri sınıflaması (Symmetry classification)

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 2.1	Yoncanın C-bantlama standart karyotipinin idiogram (Bauchan ve Hossain 2001b).....	21
Şekil 3.1	Göller yöresi haritası; kromozom araştırmasında kullanılan yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) yerel popülasyonlarının toplandığı bölgeleri	35
Şekil 3.2	a. Yonca klonlarının saksılara aktarılması, b. Köklenmeye bırakılan yonca bitkileri, c. Saksılarda köklendirilmiş bitkilerden kök ucu alınması, d. Alınan kök uçlarının %70'lik etil alkole aktarılması.....	36
Şekil 3.3	MicroMeasure 3.3 bilgisayar programı ile kromozom uzunlukları ve işaret yerleri belirlenmiş; Yoncanın 32 metafaz kromozomları Micromesure3.3 ile işaretlenmiş, kromozom kolları izlenmiştir (Mavi) ve sentromerler (Kırmızı geniş daireler) işaretlenmiştir.	37
Şekil 3.4	Ölçülen kromozom karakterleri kantitatif veriler şeklinde Microsoft Excel tablolarına ihraç edilmiştir.....	38
Şekil 4.1	Yeşilova-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) popülasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik	47
Şekil 4.2	A, B, C: Yeşilova-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) popülasyonun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, D: karyogram, A plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir	48
Şekil 4.3	Yeşilova-3 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) popülasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik	51
Şekil 4.4	A, B: Yeşilova-3 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) popülasyonun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, C: karyogram, A plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir	52
Şekil 4.5	Karamanlı-1 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) popülasyonunun haploid Idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik.....	55
Şekil 4.6	A, B, C: Karamanlı-1 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) popülasyonun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, D: karyogram, A plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir	56
Şekil 4.7	Tefenni-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) popülasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik	59
Şekil 4.8	A, B: Tefenni-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) popülasyonun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, C: karyogram, A plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir	60
Şekil 4.9	Ağlasun-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) popülasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik	63

Şekil 4.10 A, B, C: Ağlasun-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonunun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, D: karyogram, B plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir	64
Şekil 4.11 Bucak-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik	67
Şekil 4.12 A, B: Bucak-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, D: karyogram, A plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir	68
Şekil 4.13 C: Bucak-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun mitotik metafaz plakasında B- kromozomların bulunması($2n=4x=32+2B$)	69
Şekil 4.14 Eğirdir-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonunun haploid Idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik	72
Şekil 4.15 A, B: Eğirdir-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, C: karyogram, A plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir	73
Şekil 4.16 Gelendost-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik	76
Şekil 4.17 A, B: Gelendost-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, C: karyogram, A plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir	77
Şekil 4.18 Gelendost-3 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik	80
Şekil 4.19 A, B: Gelendost-3 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonunun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, C: karyogram, A plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir	81
Şekil 4.20 Ş. Karaağaç-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik	84
Şekil 4.21 A, B: Ş. Karaağaç-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, C: karyogram, A plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir	85
Şekil 4.22 Hüyük-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik	88
Şekil 4.23 A, B: Hüyük-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, C: karyogram, A plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom ve heteromorfik kromozom oklarla gösterilmektedir	89

Şekil 4.24	D: Hüyük-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun kromozomlarının mitotik metafaz yayılışı, karyogramı ve heteromorfik kromozomun ayrıntıları	90
Şekil 4.25	Yalvaç-3 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik	93
Şekil 4.26	A, B: Yalvaç-3 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, C: karyogram, A plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir	94
Şekil 4.27	Akşehir-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik	97
Şekil 4.28	A, B, C: Akşehir-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, D: karyogram, A plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir	98
Şekil 4.29	Keçiborlu-3 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik	101
Şekil 4.30	A, B, C: Keçiborlu-3 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, D: karyogram, B plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir	102
Şekil 4.31	Uluborlu-1 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik	105
Şekil 4.32	A, B: Uluborlu-1 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, C: karyogram, A plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom ve heteromorfik kromozom oklarla gösterilmektedir	106
Şekil 4.33	Uluborlu-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik	109
Şekil 4.34	A, B: Uluborlu-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, C: karyogram, A plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir	110
Şekil 4.35	Senirkent-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) popülasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik	113
Şekil 4.36	A, B: Senirkent-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, C: karyogram, A plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir	114
Şekil 4.37	Sandıklı-3 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) popülasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik	117

Şekil 4.38 A, B: Sandıklı-3 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, C: karyogram, A plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir	118
Şekil 4.39 Dinar-1 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik	121
Şekil 4.40 A, B: Dinar-1 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, C: karyogram, A plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir	122
Şekil 4.41 Dinar-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik	125
Şekil 4.42 A, B: Dinar-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, C: karyogram, A plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir	126
Şekil 4.43 Şuhut-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik	129
Şekil 4.44 A, B: Şuhut-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, C: karyogram, A plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir	130
Şekil 4.45 Çay-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik	133
Şekil 4.46 A, B, C: Çay-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, D: karyogram, A plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir	134
Şekil 4.47 Sultandağı-1 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik	137
Şekil 4.48 A, B: Sultandağı-1 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, C: karyogram, B plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir	138
Şekil 4.49 Bolvadin-3 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik	141
Şekil 4.50 A, B: Bolvadin-3 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, C: karyogram, A plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir	142
Şekil 4.51 Beyşehir-1 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik	145

Şekil 4.52 A, B: Beyşehir-1 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, C: karyogram, B plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir	146
Şekil 5.1 Romero- Zarco (1986) Saçılım diyagramı asimetri endeksleri. A_1 ve A_2 değerleri Çizelge 4.29 'de özetlenmiştir	157
Şekil 5.2 Karyotip özellikleri göz önünde bulundurularak temel bileşenlerin analizinden elde edilen birinci ve ikinci temel bileşen kullanılarak yonca populasyonların sınıflandırılması	163
Şekil 5.3 Araştırma konusu yonca populasyonlarında karyotip özellikler esasında yapılan klaster analizinden elde edilen dendrogram (Cophenetic; $r=0.76$)	164

ÇİZELGE DİZİNİ

Çizelge 2.1 <i>Medicago</i> Cinsinin coğrafi dağılımı, Gen havuzunun adlandırılması ve Kromozom sayısı (Small ve Jomphe 1989).....	8
Çizelge 3.1 Yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonların toplandığı lokasyonlar ve koordinat bilgileri.....	34
Çizelge 3.2 Kromozom morfolojisinin açıklamasında Levan vd. (1964) tarafından önerilmiş isimlendirme	39
Çizelge 3.3 Stebbins (1971) yöntemini kullanarak asimetri derecesine göre karyotip sınıflandırılması	41
Çizelge 4.1 Bu çalışmada araştırılan yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonlarının toplanma lokasyonları, kromozom sayıları ve karyotip formülü	45
Çizelge 4.2 Yeşilova-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonunun karyotip verileri.....	49
Çizelge 4.3 Yeşilova-3 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun karyotip verileri	53
Çizelge 4.4 Karamanlı-1 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun karyotip verileri.....	57
Çizelge 4.5 Tefenni-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun karyotip verileri.....	61
Çizelge 4.6 Ağlasun-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun karyotip verileri	65
Çizelge 4.7 Bucak-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun karyotip verileri	70
Çizelge 4.8 Eğirdir-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun karyotip verileri	74
Çizelge 4.9 Gelendost-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun karyotip verileri.....	78
Çizelge 4.10 Gelendost-3 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun karyotip verileri.....	82
Çizelge 4.11 Ş. Karaağaç-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun karyotip verileri.....	86
Çizelge 4.12 Hüyük-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun karyotip verileri	91
Çizelge 4.13 Yalvaç-3 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun karyotip verileri	95
Çizelge 4.14 Akşehir-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun karyotip verileri.....	99
Çizelge 4.15 Keçiborlu-3 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun karyotip verileri.....	103
Çizelge 4.16 Uluborlu-1 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun karyotip verileri.....	107
Çizelge 4.17 Uluborlu-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun karyotip verileri.....	111

Çizelge 4.18 Senirkent-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun karyotip verileri.....	115
Çizelge 4.19 Sandıklı-3 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun karyotip verileri.....	119
Çizelge 4.20 Dinar-1 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun karyotip verileri	123
Çizelge 4.21 Dinar-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun karyotip verileri	127
Çizelge 4.22 Şuhut-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun karyotip verileri.....	131
Çizelge 4.23 Çay-2 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun karyotip verileri.....	135
Çizelge 4.24 Sultandağı-1 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun karyotip verileri.....	139
Çizelge 4.25 Bolvadin-3 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun karyotip verileri.....	143
Çizelge 4.26 Beyşehir-1 yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonun karyotip verileri.....	147
Çizelge 5.1 Yonca populasyonlarında kromozomal parametrelerin varyans tablosu; Ortalama Kromozom Uzunluğu (TL), Uzun kol boyu (L), Kısa kol boyu (S), Kol oranı (AR =L/S), Sentromerik indeks (CI) ve Satelit Boyu (SAT)	151
Çizelge 5.2 Yonca populasyonlarının Duncan yöntemi kullanılarak kromozom ortalamalarının karşılaştırılması; Ortalama Kromozom Uzunluğu (TL), Uzun kol boyu (L), Kısa kol boyu (S), Kol oranı (AR =L/S), Sentromerik indeks (CI) ve Satelit Boyu (SAT)	152
Çizelge 5.3 Yonca populasyonlarının Duncan yöntemi kullanılarak kromozom ortalamalarının karşılaştırılması; Ortalama Kromozom Uzunluğu (TL), Uzun kol boyu (L), Kısa kol boyu (S), Kol oranı (AR =L/S), Sentromerik indeks (CI) ve Satelit Boyu (SAT) (devam).....	153
Çizelge 5.4 İncelenen yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonlarının karyotip özellikleri; Karyotip Formülü (KF), Ortalama Kromozom Uzunluğu (Ortalama (TL)), Satelit Boyu (SAT), Haploid kompleman toplam kromozom boyu (TC), kromozom uzunluğunun aralığı (Aralığı), A ₁ intrakromozomal asimetri (intrachromosomal asymmetry) indeksi ve A ₂ interkromozomal asimetri (interchromosomal asymmetry) indeksi (Romero- Zarco 1986), Ortalama Sentromerik indeks (CI), Stebbins kategorileri asimetrisi (SC) (Stebbins 1971), Karyotipin toplam formu yüzdesi (TF%) (Huziwara 1962), Varyasyon Katsayısı (CV%), Dağılım İndeksi (DI) (Levania vd. 1992)ve Nispi kromozom boyunun aralık farkı (DRL).....	155
Çizelge 5.5 İncelenen yonca (<i>Medicago sativa</i> L.) populasyonlarının karyotip özellikleri; Karyotip Formülü (KF), Ortalama Kromozom Uzunluğu (Ortalama (TL)), Satelit Boyu (SAT), Haploid kompleman toplam kromozom boyu (TC), kromozom uzunluğunun aralığı (Aralığı), A ₁ intrakromozomal asimetri (intrachromosomal asymmetry) indeksi ve A ₂ interkromozomal asimetri (interchromosomal asymmetry) indeksi	

(Romero- Zarco 1986), Ortalama Sentromerik indeks (CI), Stebbins kategorileri asimetrisi (SC) (Stebbins 1971), Karyotipin toplam formu yüzdesi (TF%) (Huziwara 1962), Varyasyon Katsayısı (CV%), Dağılım İndeksi (DI) (Levania vd. 1992)ve Nispi kromozom boyunun aralık farkı (DRL) (devam)	156
Çizelge 5.6 İncelenen yonca (<i>Medicago Sativa</i> L.) populasyonlarında kromozomal parametrelerin basit korelasyon katsayıları	160
Çizelge 5.7 Temel bileşenler ve birincil değişkenlere analizden elde edilen üç temel bileşen arasındaki ilişki	161

1. GİRİŞ

Dünya nüfusunun 2025 yılında yaklaşık 8 milyar olacağı tahmin edilmektedir ([Anonim 2009](#)). Bu durumda besin sıkıntısıyla karşı karşıya kalmanın kaçınılmaz olduğu düşünülmektedir. Giderek artan nüfusun besin ihtiyacını karşılamak ancak temel besin maddelerinin üretimini artırmakla mümkün olacaktır. Yeni alanların tarıma açılmasının mümkün olmadığı düşünüldüğünde, üretimi artırmanın en etkili yolu ıslah çalışmaları sonucunda verimi artırmaktır. Aynı zamanda birçok bitki türünde genetik çeşitlilik daralması sonucu istenen özellikleri taşıyan çeşitlerin geliştirilmesi zorlaşmıştır. Islah çalışmaları için gerekli varyasyon tescilli çeşitlerden, yerel çeşitlerden ve yabani akrabalardan sağlanmaktadır. Bu nedenle, bu materyallerin taranması ve belirlenen uygun genlerin geliştirilmiş tekniklerle kültür çeşitlerine aktarılması gerekmektedir ([Frankel 1972](#), [Eserkaya vd. 2010](#)).

Biyolojik çeşitlilik bir ülkenin en önemli doğal kaynak zenginliklerinin başında gelir. Bu zenginliğin korunması ve kullanılması şarttır ([Anonim 2001](#)). Yem bitkileri ıslahında da başlangıç noktası doğal kaynakların değerlendirilmesidir ([Akgün vd. 1998](#)). Hayvancılık girdilerinin %70'e yakın kısmını yem harcamaları oluşturmaktadır ([Bakır 1985](#)). Bu nedenle yüksek verim almak amacıyla kaba yem üretimine oldukça önem verilmelidir. Yeterli ve kaliteli yem bitkisi yetiştirilebilmesi için doğal genetik kaynakların bitki ıslahında kullanılması gerekmektedir.

Yonca (*Medicago sativa* L.) dünyada en çok yetiştirilen yem bitkisidir. Tarımı yapılan hemen hemen tüm yem bitkilerinden daha yüksek bir yem değerine sahiptir. Birim alanda protein verimi de yüksek olan yoncanın kuru ve yeşil otu her türlü hayvan için lezzetli ve besleyicidir ([Anonymous 2007](#)). Dünyada olduğu gibi, Türkiye'de entansif hayvancılığın gelişmesiyle birlikte yonca ekim alanları hızla artmıştır. Yoncanın ve diğer yem bitkilerin ekim alanlarının artırılması ve dolayısıyla hayvanların ihtiyacı olan kaliteli yem bitkisinin üretilebilmesi için yeni çeşitlerin ortaya çıkarılması ve geliştirilmesi gerekmektedir.

Islah çalışmalarında kullanılan markörler, kalıtsal karakterlerden seçilmektedir. Kalıtsal karakterleri taşıyan genetik materyal hücrede kromozomlar üzerinde taşınmakta ve bu

karakterleri belirlemek için morfolojik, biyokimyasal ve sitolojik yöntemlerden yararlanılmaktadır. Sitolojik yöntemlerden biri olan karyotip analizi ile bir türün kromozom morfolojisi, kromozom sayısı, heterokromatin ve ökromatin bölgeleri, kromozom bantları (C, G, Q, R bantları) ve etiketlemesi (*in situ* hibridizasyon) yapılabilirken; flow sitometri yöntemi ile de hücre çekirdeğindeki DNA miktarını belirlenebilmektedir. Kromozomların morfolojik özelliklerinden yola çıkarak türler ve populasyonlar arasındaki benzerlikleri anlamak ve bu benzerliklerden, birbirine yakın türlerin genlerini birleştirerek ıslah programlarında yararlanmak mümkündür (Lewis 1980). Karyolojik çalışmalar kromozomların morfolojileri, boyları ve sayılarını belirlemede temel bilgiler sağlar (Tan vd. 2004). Günümüzde kromozom çalışmalarının çok değişik amaçlarla kullanılmalarının yanı sıra taksonomik amaçlarla da kullanıldığı bilinmektedir. Moore (1968), taksonomide sadece A kromozomların sayısının, satelitlerin sayısı ve pozisyonunun, sentromer durumunun ve sekonder yapılarının kullanıldığı bir karakter olduğunu ileri sürmüştür. Ayrıca Heywood (1972), mayoz bölünmede kromozom yapısı ve davranışlarının populasyonlar arasındaki akrabalık ilişkilerini anlamamıza yardımcı olabileceğini ifade etmiştir. Bundan başka Stebbins (1971), kromozom sayısı ve morfolojisinin anlaşılabilmesi için karyotip analizlerinin yapılması gerekmektedir. Bir karyotip beş farklı karakterle karşılaştırılır. Bu karakterler kromozom büyüklüğü, sentromerin pozisyonunda, kromozomların nispi büyüklüğü, temel kromozom sayısı, satelitlerin sayısı ve pozisyonunu gibi farklılıklardır.

Yonca yabancı döllenmiş ve 32 kromozomlu autotetraploid ($2n=4x=32$) bir türdür. Buna göre kültürü yapılan çeşitler heterojen populasyonlardır (McKersie ve Bowley 1993). Yonca bitkisinin çiçekleri çok küçüktür dolayısıyla melezleme zor ve zaman alıcıdır. Diğer yandan kendilenen bitkilerde tohum tutma oranı çok zayıftır (Poehlman 1987). Tüm bu nedenlerden dolayı yoncada sentetik varyete ıslahı uygulanmaktadır. Sentetik çeşit oluşumu için klon seçimine özellikle dikkat etmek gerekir. Her şeyden önce verimi düşürücü kendileme etkilerinden sakınmak için akraba genotiplerin birbirleriyle kombinasyonundan kaçınmak gerekir. Bu nedenle sentetiğe katılacak hatların kromozom özelliklerinin incelenerek yakın akraba olmayan hatlardan sentetik çeşit oluşturulmalıdır (Tuğay 1997).

Bu alıřmada Orta Anadolu kořullarına adapte olmuř yoncannn (*Medicago sativa* L.) Gller yresinde yer alan Isparta, Burdur, Afyon ve Konya illerine ait 22 ilenin doęal vejetasyonlarından populasyonlar toplanmıř ve karyotip karakterizasyonu yapılmıřtır. Elde edilen veriler iřıęında populasyonlar arasındaki benzerlikler ve farklılıklar tespit edilerek, istenilen zelliklere sahip ve ne ıkan populasyonlar ileriki ařamadaki yapılacak olan yoncada eřit geliřtirmeye ynelik ıslah alıřmalarına(melezleme, polikros ve sentetik) kaynak oluřturacaklardır.

2. KAYNAK ÖZETLERİ

Yonca (*Medicago sativa* L.) bir autotetraploid ($2n=4x=32$), yabancı döllenmiş (allogamous), çok yıllık bir serin iklim baklagil bitkisidir. Bazen, Luzern (kabayonca) olarak adlandırılır. Yonca "Yem Bitkilerinin kraliçesi" olarak da adlandırılmıştır. Yonca otu öncelikle süt sığırları için hayvan yemi olarak kullanılır, aynı zamanda at, sığır, koyun, tavuk, hindi, ve diğer çiftlik hayvanları için de kullanılmaktadır. ABD'de dördüncü sırada yer alan en çok yetiştirilen bir üründür, öncesinde mısır, buğday ve soya fasulyesi gelir, yoncanın ekim alanı pamuk ekim alanlarının iki katı kadardır. Ortalama verim 8.4 Mg (ton) / ha'dır ve ot için 8.7 milyon hektar alan vardır ([Anonymous 2007](#)). Yonca küçük evcil hayvanlara; tavşan, hamster, kobay, vb yem olarak kullanılması için küp ve / veya pelet haline sıkıştırılır. Yonca bazen yem bitkileri ve diğer baklagiller ile karışım halinde ekilebilir. Yonca dahil olmak üzere, yılda tüm kuru ot hasadı yapılan dönüm, 25 Mg(ton) / ha'dır ([Anonymous 2007](#)).

Yonca tohumu, ABD' nin kuzeybatı bölgelerinde; öncelikle Kaliforniya, Idaho, Nevada, Oregon, Wyoming ve Washington'da yetiştirilir. Yonca tohumu verimi ABD'inde yaklaşık 5.2 Mg (ton)'dır. Yonca tohumu üretiminde bir yan yarar da, arılar tarafından bal üretiminde kullanmasıdır. Aynı zamanda yoncanın döllenmesinde, arılara gereksinimi duyulmaktadır. Yonca ekiminde kullanılan tohum miktarı, iklim ve toprak koşullarına bağlı olarak, hektara ortalama 11-23 kg kullanılmaktadır ([Tesar ve Marble 1988](#)).

Yoncanın dormant ve non-dormant olarak üzere 2 tipi bulunmaktadır. Dormant çeşitler yılda 3-4 kez, non-dormant çeşitler ise 7-10 kez biçilebilirler. Sulu koşullarda yoncanın verimi dekara 5.4 ton olurken, sulanmadığında verim 1.00-2.2 tona kadar düşebilir ([Hill vd. 1988](#)). Yonca bir geniş adaptasyona, verimli enerjiye ve önemli bir biyolojik azot fiksasyon kaynağına sahiptir. Yonca *Sinorhizobia meliloti* ile simbiyotik bir ilişki oluşturur. Yonca ortalama yılda yaklaşık dekara 80 kg azot toprağa bırakmaktadır, böylece pahalı azotlu gübre uygulama ihtiyacı azaltılmış olur ([Heichel ve Barnes 1984](#)).

Yoncanın en önemli özelliklerinden biri hayvan yemi olarak yüksek besin kalitesidir. Yonca % 15 ve 22 ham protein içerir ve vitamin ve bazı minerallerin mükemmel bir kaynağıdır. Özellikle, yonca A, D, E, K, U, C, B1, B2, B6, B12 vitaminleri, niasin, pantotanik asit, inositol, biotin ve folik asit içerir. Ayrıca fosfor, kalsiyum, potasyum, sodyum, klor, kükürt, magnezyum, bakır, manganez, demir, kobalt, bor, ve molibden, bunlara ek olarak nikel, kurşun, stronsiyum ve palladyum gibi esas elementlerini de barındırır (Bickoff vd. 1972). Yonca insanlar tarafından direkt olarak filiz şeklinde tüketilmektedir. Yonca'nın suyuda aynı zamanda sağlıklı bir gıda ürünü olarak kullanılmaktadır.

Geleneksel bir hayvan yemi olan yonca aynı zamanda bir biyo yakıt olarak etanol ve elektrik üretiminde de kullanılmaktadır. Azot düzeyi yüksek olan toprakların biyoremediasyonu da ve bir fabrika gibi endüstriyel enzim (örneğin lignin peroksidaz, alfa-amilaz, selüloz ve fitaz) üretiminde kullanılmaya başlatılmıştır.

Türkiye Devlet İstatistik Enstitüsü'nün tarım İstatistikleri özetine göre 1998 yılında yurdumuzda 2.300.000 dekar sahada yonca ziraati yapılmaktadır. Dünyada da en çok yetiştirilen yem bitkisi yoncadır. Yurdumuzda ekim alanları süratle artırılmalıdır. Zira yurdumuzda yoncanın toplam ekilebilir alan içerisindeki payı % 0.6-0.8 olduğu halde bu rakam değişik ülkelerde şöyledir; Avusturya'da % 3.0, Bulgaristan'da % 4.9, Fransa'da % 8,4, İtalya'da % 21.5, Arjantin'de % 31.4 ABD'de ise % 5.8 dir. Kuru otunun iyi besleme özelliği ve yüksek veriminden dolayı yonca diğer yem bitkilerinden daha çok tarimi yapılır bir hale gelmiştir (Anonim 2012).

İnsanlarımızın yeterli ve dengeli beslenebilmeleri yaşadığımız çağda çok zor olmaktadır. İnsanların beslenmeleri için yeter düzeyde ve kalitede bitkisel ve hayvansal besinlere ihtiyaç duyulmaktadır. Bu cümleden hareket edilerekte mevcut hayvan varlığımızın bilimsel olarak beslenmesi gerçeği ortaya çıkmaktadır. Yurt genelinde kaliteli ve yeter miktarda ot üretimi zaruri hale gelmektedir. Bir insanın normal olarak iyi bir şekilde beslenebilmesi için günde ortalama 70 gram protein tüketmesi ve bunun yarısını da hayvansal proteinlerden alması gerekmektedir (Anonim 2012).

Türkiye Devlet İstatistik Enstitüsü'nün tarım İstatistiklerine göre yoncanın bazı özellikleri sayısal olarak aşağıda verilmiştir ([Anonim 2012](#)).

Ülkeler	Tüketilen Toplam Protein (gr)	Bitkisel Kaynaklı (gr)	Hayvansal üretim kaynaklı (gr)
Dünya Ortalaması	69.2	44.8	24.4
Türkiye Ortalaması	82.4	63.9	18.5

- Yoncanın diğer yem bitkilerine göre verim durumu ([Anonim 2012](#)).

Bitki	Kuru Ot Verimi (Kg/da.)	Kuru Madde Verimi (Kg/da.)	Hazmolabilir Protein Verimi (Kg/da.)	Hazmolabilir Besin Maddesi (Kg/da.)
Yonca	510	461	54.0	232
Üçgül	370	325	23.4	192
Kelpekuyruğu	308	272	11.2	146

-Yoncanın diğer yem bitkilerine göre ihtiva ettiği protein durumu ([Anonim 2012](#)).

Bitki	Ham protein (%)
Yonca	17.9
Korunga	17.0
Aküçgül	14.9
Kelpekuyruğu	7.5
Kılçiksız Brom	7.2

-Yoncada Bitki Aksamına Göre Kimyasal Kompozisyon (%) ([Anonim 2012](#)).

Bitki Organı	Ham Protein	Kül	Yağ	Nişasta	Ham Selüloz
Yapraklar	27.9	11.7	3.0	43.8	13.7
Gövde (Sap)	9.9	7.2	1.0	34.4	47.6
Bitki ortalaması	17.9	9.2	1.9	38.8	32.2

Medicago truncatula Gaertner, tek yıllık bir *Medicago* türü olarak (Çizelge 2.1 bir yıllık yoncalar kısmına bakınız) çok yıllık yonca türüne yakın akrabadır ve genomik çalışmalarında model bir bitki olarak kullanılmaktadır. Avustralya ve Akdeniz civarı ülkelerinde bir yem bitkisi olarak diğer yoncalar gibi koyun ve dana üretiminde kullanılır (Çizelge 2.1). Bu tür yoncanın önemli bir özelliği küçük bir diploid genomunun (-5×10^8 bp) olmasıdır. Diğer bir özelliği de kendine döllen bir bitkidir ve ayrıca kendi azot ihtiyacını giderir (Cook 1999). 2004 yılında online yayınlanan başlangıç dizi ile *M. truncatula*, nın tüm genomunun dizilinmesi önerilmiştir (<http://www.medicago.org>). Dizilime verileri ve sitogenetik kanıtlar *M. truncatula* ve *M. sativa* genomların bir birine çok benzer olduğunu göstermiştir. Böylece *M. truncatula* da elde edilen genomik bilgiler, yonca gelişmesine doğrudan etkisi olabilir.

Bu araştırmada yoncanın genetik kaynakları ve yakın akraba türleri, sitogenetik çalışmalar, ıslah ve moleküler genetik gibi yöntemleri kullanılarak yoncanın iyileştirilmesi için elverişli bilgiler sunulacaktır.

Çizelge 2.1 *Medicago* Cinsinin coğrafi dağılımı, Gen havuzunun adlandırılması ve Kromozom sayısı (Small ve Jomphe 1989)

Türler	Alt türler	Coğrafi dağılım	Gen Havuzu	Kromozom sayısı
Çok yıllık bitkiler				
<i>M. arborea</i> L. s.		Avrupa, Türkiye	GH-2	32, 48
<i>M. cancellata</i> m. Bieb.		Avrupalı Rusya	GH-2	48
<i>M. carstiensis</i> Jacq.		D Avrupa	GH-2	16
<i>M. daghestanica</i> rupr. Ex Boiss.		Dağıstan	GH-2	16
<i>M. edeworthii</i> Sirjaev		Himalayalar	GH-2	16
<i>M. hybrida</i> (Pourret) Trautv.		Fransa, İspanya	GH-2	16
<i>M. marina</i> L.		G Avrupa, K Afrika, Orta Doğu, Kırım	GH-2	16
<i>M. papillosa</i>	ssp. <i>macrocarpa</i> (Boiss) Urban	Türkiye	GH-2	16
<i>M. papillosa</i>	ssp. <i>papillosa</i> Bioss.	Türkiye, G Rusya	GH-2	16
<i>M. papillosa</i> Boiss.		Türkiye, G Rusya	GH-2	16
<i>M. pironae</i> Vis.		İtalya	GH-2	16
<i>M. platycarpa</i> L.		Trautv Çin, Moğolistan, M Asya	GH-2	16
<i>M. prostrata</i> Jacq.		Arnavutluk, D Avrupa, İtalya	GH-1	16
<i>M. rhodopea</i> Velen.		Bulgaristan	GH-2	16
<i>M. rupestris</i> M. Bieb.		Kırım, B Kafkaslar	GH-2	16
<i>M. ruthenica</i> L. Trautv.		Çin, Kore, Moğolistan, Rusya	GH-2	16
<i>M. sativa</i>	ssp. <i>coerulea</i> Schmalh.	D Türkiye, İran, Eski USSR	GH-1	16
<i>M. sativa</i>	ssp. <i>sativa</i> (L.) L & L.	Muhtemelen Yerli - Orta Doğu, M Asya, Şimdi geniş yayılışa sahip	GH-1	32
<i>M. sativa</i>	ssp. <i>glomerata</i>	Balbis G Avrupa, K Afrika, Kafkaslar	GH-1	16, 32
<i>M. sativa</i>	ssp. <i>falcata</i> (L.) Arcangeli	G Avrupa, Eski USSR	GH-1	16, 32
<i>M. sativa</i>	var. <i>falcata</i> Archang.	K Avrasya	GH-1	16, 32
<i>M. sativa</i>	var. <i>viscosa</i> Posp.	G Avrupa, K Afrika, Kafkaslar	GH-1	16
<i>M. sativa</i>	ssp. × <i>varia</i> Martin	Avrupa, İran, Suriye, Türkiye, Kafkaslar	GH-1	16, 32
<i>M. sativa</i>	ssp. × <i>tunetana</i> Murbeck	G Avrupa, K Afrika, Kafkaslar	GH-1	16
<i>M. saxatilis</i> M. Bieb.		Kırım	GH-2	48
<i>M. secundiflora</i> Durieu		G Avrupa, K Afrika	GH-2	16
<i>M. suffruticosa</i> Raymond ex DC.		Fransa, İspanya, Fas	GH-2	16
Bir Yıllık Bitkiler				
<i>M. arabica</i> (L.) Hudson		Avrupa, K Afrika, Orta Doğu, Kırım, Kafkasya	GH-3	16

Çizelge 2.1 *Medicago* Cinsinin coğrafi dağılımı, Gen havuzunun adlandırılması ve Kromozom sayısı (Small ve Jomphe 1989) (devam)

Tür	Alttür	Coğrafi dağılım	Gen Havuzu	Kromozom. No.
<i>M. archiducis-nicolai</i> Sirjaev		M Çin, KD Tibet	GH-3	16
<i>M. arenicola</i> (Huber-Mor)		Türkiye	GH-3	16
<i>M. astroites</i> (Fisch. & Mey.)		D Akdeniz	GH-3	16
<i>M. biflora</i> (Griseb.) E. Small		Türkiye, İran, G Transkafkasya	GH-3	16
<i>M. blancheana</i> Boiss.		D Akdeniz	GH-3	16
<i>M. brachycarpa</i>		Türkiye, Lübnan, Irak, Transkafkasya	GH-3	16
<i>M. carica</i> (Huber-Mor. & Sirjaev) E. Small		GB Anadolu	GH-3	16
<i>M. cilieris</i> (L.) Krockner		Akdeniz havzası, Irak	GH-3	16
<i>M. constricta</i> Durieu		D Akdeniz havzası, İran, Irak	GH-3	14
<i>M. coronata</i> (L.) Bartal.		D Akdeniz havzası, İran, Irak	GH-3	16
<i>M. crassipes</i> (Boiss.) E. Small		Anadolu, Lübnan, Kuzey Irak, B İran	GH-3	16
<i>M. cretacea</i> M. Bieb.		Rusya, eski USSR	GH-3	16
<i>M. disciormis</i> DC.		Akdeniz havzası	GH-3	16
<i>M. doliata</i> Carmign.		İtalya, İspanya, Cezayir, Fas	GH-3	16
<i>M. fischeriana</i> (Ser.) Trautv.		Türkiye, Irak, İran, Avrupa USSR	GH-3	16
<i>M. granadensis</i> Willd.		Mısır, İsrail, Suriye, Türkiye	GH-3	16
<i>M. halophila</i> (Boiss.) E. Small		G Anadolu	GH-3	16
<i>M. bekireichii</i> (Boiss.) E. Small		Türkiye	GH-3	16
<i>M. heyniana</i> Greuter		Yunanistan	GH-3	16
<i>M. huberi</i> E. Small		GB Anadolu	GH-3	16
<i>M. hypogaea</i> E. Small		GD Akdeniz	GH-3	16
<i>M. intertexta</i> (L.) Miller		B Akdeniz havzası	GH-3	16
<i>M. isthmocarpa</i> (Boiss. & Bal.) E. Small		M Anadolu	GH-3	16
<i>M. italica</i> (Miller) Fiori		Akdeniz havzası	GH-3	16
<i>M. laciniata</i> (L.) Miller		Kuzey Afrika, Arap Yarımadası, Hindistan, Pakistan, Afganistan	GH-3	16
<i>M. lanigera</i> Winkler & B. Fedtsch.		Afganistan, Türkmenistan, Tacikistan	GH-3	16
<i>M. laxispira</i>		Heyn. Irak	GH-3	16
<i>M. lesinsii</i> E. Small		Akdeniz havzası	GH-3	16
<i>M. littoralis</i> Rohde ex Lois		Akdeniz havzası, D Avrupa, Kafkaslar	GH-3	16
<i>M. lupulina</i> L.		Avrupa, Kuzey Afrika, Orta Doğu, Asya	GH-3	16, 32

Çizelge 2.1 *Medicago* Cinsinin coğrafi dağılımı, Gen havuzunun adlandırılması ve Kromozom sayısı (Small ve Jomphe 1989) (devam)

Tür	Alttür	Coğrafi dağılım	Gen Havuzu	Kromozom. No.
<i>M. medicaginoïdes</i> (Retz.) E. Small		GD Avrupa, GB USSR, Türkiye, İran, K ve M Asya	GH-3	16
<i>M. minima</i> (L.) Bartal.		Avrupa, Kuzey Afrika, Hindistan, Rusya	GH-3	16
<i>M. monantha</i> (C. V. Meyer) Trautv.		Orta Doğu, K ve M Asya	GH-3	16
<i>M. monspeliaca</i> (L.) Trautz.		B Avrupa, K Afrika, D Akdeniz, Ürdün, Irak, İran, USSR, M Asya	GH-3	16
<i>M. murex</i> Willd.		Akdeniz havzası	GH-3	14
<i>M. muricoleptis</i> Tineo		Fransa, İtalya	GH-3	16
<i>M. noana</i> Boiss.		Irak, Türkiye	GH-3	16
<i>M. orbicularis</i> (L.) Bartal.		Akdeniz havzası, Orta Doğu, M Asya	GH-3	16
<i>M. orthoceras</i> (Kar. & KIL) Trautv.		Orta Doğu, K ve M Asya	GH-3	16
<i>M. ovalis</i> (Boiss.) Sirjaev		G İspanya, Fas	GH-3	16
<i>M. pamphylica</i> (Huber-Mor. & Sirjaev) E. Small		G Anadolu	GH-3	16
<i>M. persica</i> (Boiss.) E. Small		İran, Irak	GH-3	16
<i>M. phrygia</i> (Boiss. & Bal.)		Türkiye, Suriye, Irak, İran	GH-3	16
<i>M. plicata</i> (Boiss.) Sirj.		Türkiye	GH-3	16
<i>M. polyceratia</i> (L.) Trautv.		B Akdeniz	GH-3	16
<i>M. polymorpha</i> L.		Avrupa, K Afrika, Orta Doğu, Kırım, Kafkaslar, M Asya	GH-3	14
<i>M. popovii</i> Sirj.		Merkezi Asya	GH-3	16
<i>M. praecox</i> DC.		K ve D Avrupa, Kıbrıs, Türkiye, Kırım	GH-3	14
<i>M. radiata</i> L.		Orta Doğu, Rusya, M Asya	GH-3	16
<i>M. retrorsa</i> (Boiss.) E. Small		Afganistan	GH-3	16
<i>M. rhytidocarpa</i> (Boiss. & Bal.) E. Small		G Anadolu	GH-3	16
<i>M. rigida</i> (Boiss. & Bal.)		G Anadolu	GH-3	16
<i>M. rigidula</i> (L.) All.		Akdeniz havzası, D Avrupa, Kafkaslar, M Asya	GH-3	14
<i>M. rigiduloides</i> Small.		D Akdeniz, Orta Doğu	GH-3	14
<i>M. rostrata</i> (Boiss. & Bal.)		Türkiye	GH-3	16
<i>M. rotata</i> Boiss.		Kıbrıs, Irak, İsrail, Ürdün, Lübnan, Suriye, Türkiye	GH-3	16

Çizelge 2.1 *Medicago* Cinsinin coğrafi dağılımı, Gen havuzunun adlandırılması ve Kromozom sayısı (Small ve Jomphe 1989) (devam)

Tür	Alttür	Coğrafi dağılım	Gen Havuzu	Kromozom. No.
<i>M. rugosa</i> Desr.		Akdeniz havzası	GH-3	30
<i>M. sauvagei</i> Negre		Fas	GH-3	16
<i>M. scutellata</i> (L.) Miller		Akdeniz havzası, G Ukrayna, Kırım	GH-3	30
<i>M. shepardii</i> Post. Ex Boiss.		Türkiye	GH-3	16
<i>M. soleirolii</i> Duby		Fransa, İtalya, Cezayir, Tunus	GH-3	16
<i>M. strasseri</i> Greuter, Matthas & Risse		Girit	GH-3	16
<i>M. tenoreana</i> Ser.		Fransa, İtalya, Yugoslavya	GH-3	16
<i>M. truncatula</i> Gaertner		Akdeniz havzası, D Avrupa, Kafkaslar	GH-3	16
<i>M. turbinata</i> (L.) All.		Akdeniz havzası	GH-3	16

2.1 Yoncanın Ana Vatanı ve Yayılışı

Yonca eski yetiştirilen bir yem bitkisi olarak tanımlanmaktadır (Bolton 1962). Mor çiçekli yonca, Yakın Doğu ve Orta Asya (Küçük Asya, Transkafkasya, İran ve Türkistan) kökenli olup, coğrafi merkezi İran'ın kuzeyidir (Ivanov 1977). Bu alanlar kışları soğuk , yazları sıcak ve kuraktır, toprakları genellikle iyi drenajlıdır, PH nötre yakın ve kireç oranı yüksektir (Sinskaya 1950). Yoncanın ikinci köken merkezi Sinskaya (1950) tarafından önerilen, Türkistan ve Orta Asya yakınları sulama uygulanan yerlerdir. Bu bölgeler kışları orta derece soğuk, düşük nem ve yazları sıcak ve kurak olan alanlardır. Bir alttür olan sarı-çiçekli *M. sativa* ssp. *falcata*, doğal mor çiçekli yonca ile melezlenmesi, yoncanın gelişimi ve kültüre alınmasında önemli ölçüde katkıda bulunmuştur. Alttür *falcata* mor çiçekli yoncadan daha geniş bir dağılım gösterir ve sert kış ve kurak koşullara tolerans gösterir. Sürünücü kök sisteminden dolayı (rizomlar) önemli hastalıklara direnç göstermektedir (Barnes vd. 1977, Barnes vd. 1988).

Anadolu'da milattan 1300 yıl öncesine kadar yoncanın yetiştirildiğine dair mesine dair bulgular bulunmuştur. Romalılar Yunanlılardan yoncayı elde ettiler ve Roma İmparatorluğu boyunca yem bitkisi olarak yaydılar. Romalılar gelişmiş bilgilere (ekim sıklığı, hasat programları, verimlilik, toprak istekleri ve diğer büyüme, gelişme ve

kültüre alınma konularında) sahip olduklarından dolayı, yem bitkilerinin kültürünün babası olarak yatırım yapan kişiler olmuşlardır. Çinliler yüksek ödüllü İran atlarını elde etmek için İpek Yolu yolculuğuna çıktılar (yonca yemi ile birlikte gelen yeni elde edilen atları desteklemek için) böylece, Hristiyanlık devrinde yonca Avrupa çapında ve Çin'e yayılmıştır.

M. sativa'nın pembe ve sarı çiçekli çeşitlerinin doğal hibridleri daha kuzey enlemlerin içine yayıldı ve sonunda asıl kökeninden Avrupa'ya, Kuzey Afrika'ya ve Afrika'ya yayılım gösterdi (Michaud vd. 1988). Yonca İspanya'ya Romalılar tarafında tanıtılmasına rağmen, Moorish istilasıyla Afrika'dan İspanya'ya Batı Avrupa'ya yeniden tanıtıldı.

Roma İmparatorluğunun yıkılmasından sonra Orta Çağ süresince yoncanın kullanımı nerdeyse Avrupa'da kaybolmuştur. Yonca 16. yüzyıl süresince Avrupa'ya tekrar tanıtıldı. Yonca bitkisi, atlar ve diğer çiftlik hayvanları için yem olarak ordular, kaşifler, misyonerler tarafından 18.yy'da Güney Amerika'nın içlerine yani Yeni Dünya'ya dağıtılmıştır. 1736'da, Yeni Dünya'ya göç ettikleri sırada, Avrupa kolonileri yoncayı Doğu ABD'ye getirmişlerdir. Genellikle getirilen yonca çeşitleri iyi drenajlı kireçli topraklarda ekilenler hariç başarılı olmamıştır. 1830'ların başlarında İspanyol misyonerler tarafından Meksika'ya tanıtılan yonca, Batı ABD'nin kuru iklimlerinde ve sulama yapılan topraklarında daha iyi uyum sağlamıştır. Nihayet yonca doğal olarak doğrudan doğruya dağ bölgelerine ve güneyde büyük ovalara yayılmıştır. Başlangıçta İspanya'dan alınan dormant olmayan gen kaynakları kışa dayanıklı olmadıklarından dolayı, çok soğuk olan bölgelerde bunların intikal etmeleri kısıtlı olmuştur. 1858 ve 1910 yılları arasında Kuzey Avrupa'dan Orta Kuzey bölgelere kışa dayanıklı dört dormant çeşidin (cv. Grimm, cv. Ontario Variegated, cv. Baltic, ve cv. Cossack) tanıtılmış ve orta batı ve kuzeydoğu ABD'nin çok soğuk ve nemli bölgelerinde yoncanın yetiştirilmesine başarıyla izin vermiştir (Barnes vd. 1977, 1988). Ayrıca yoncanın tarihini en iyi yazan kişi Russelle (2001) olmuştur.

Barnes vd. (1977) tarafından 1900 yılların başlarında dünyanın farklı bölgelerinden ABD'ye tanıtılmış olan dokuz farklı gen kaynağı belirlenmiştir. Bu gen kaynakları modern yonca çeşitlerinin geliştirilmesinde önemli katkı sağlamıştır. Onlar kışa en çok

dayanıklıdan (dormant) en az dayanıklıya (non- dormant) doğru açıklamışlardır: ‘Falcata’, ‘Varia’, ‘Ladak’, ‘Turkistan’, ‘Flemish,’ ‘Chilean,’ ‘Peruvian’, ‘Indian’ ve ‘African. O zamandan bu yana, fazla gen kaynağı taşıyan Arap yarımadasında bulunan non-dormant çeşitler tanımlanmıştır (Smith vd. 1991)

1925 yılından önce, Kuzey Amerika’da yonca ıslahında birçok çabalar, kışa dayanıklı çeşitlerin seçimine doğru yönlendirilmiştir. Son 30 yıl boyunca, kışa dayanıklı ve bakteriyel solgunluğa dayanıklı kombine edilmiş olan çeşitlerin geliştirilmesi önem kazanmıştır. 1950’lerin sonlarına doğru, bir çok hastalıklara ve birçok zararlılara karşı dayanıklı çeşitlerin geliştirilmesi önem kazanmıştır (Barnes vd. 1988). 1950 yıllarının başlarında, tekrarlı seçim ıslah programı süresince yoncanın ıslahı, birden fazla zararlı böcekler dayanıklılığı üzerinde durulmuştur. Ticari yoncanın en modern çeşitleri önemli hastalıklara, böcek ve nematod zararlılara karşı yüksek seviyede direnç göstermektedir. Kuzey Amerika Yonca Geliştirme Konferansı’nın bilim adamları yoncanın önemli hastalıklara, böcekler ve nematodlara karşı standart edilmiş seleksiyon yöntemleri geliştirilmiştir (<http://naaic.org/stdtests/index.html>).

1990 ile 2000 yılları arasında bütün ıslah edilen yoncalarda, yem kalitesi ve bazı zirai ve genetik özellikleri göz önüne alınmıştır. Örneğin; olatmaya dayanıklılık, birçok böcek zararlarına direnç (patates yaprak zararlısı) ve genetik mühendisliği teknolojilerinde kullanım özelliği , herbisitlere dayanıklılık (Roundup Ready); ve ligninin az olması için yeterli proteinden yararlanma özelliği ve lif sindirim yeteneği geliştirilen genlerin tanıtımıyla yem kalitesi geliştirilmiştir.

2.2 Yoncanın Sitogenetiği

Kültürü yapılan yonca autoteraploid ($2n=4x=32$) olmasına rağmen (Stanford 1951), *Medicago* cinsine ait türlerin çoğunda diploid tipler de bulunmaktadır ($2n=2x=16$) (Çizelge 2.1). *Medicago sativa* ssp. *coerulea*, *M. sativa*’nın diploid ($2n=2x=16$) progenitörü meydana getirdikleri öne sürülmektedir (Lesins ve Lesins 1979).

Medicago sativa kompleksinin Türkiye’yi temsil eden örneklerinde üç temel morfolojik sınıf ayırt edilir; **1.** Mor çiçekli, sarmal bakla, **2.** Sarı çiçekli, sarmal olmayan bakla, **3.** 1

ve 2'de belirtilen morfolojik sınıflar arasında intermediyer ve rekombinantlar. Kromozom arařtırmaları 87 adet yabancı populasyondan 35 adet kültür yapılan yoncayı temsil eden 329 bitkide yapılmıřtır. Tüm kültür yoncaları 1. sınıfa girmektedir ve tetraploidlerdir ($2n=4x=32$). Yabancı yoncalar üç temel morfolojik sınıfı da temsil etmekte ve hem diploid ($2n=2x=16$) hem de tetraploid ($2n=4x=32$) olarak bulunmuřtur. 1. ve 2. sınıflar arasında yer alan melezlerin her iki ploidi düzeyinde de yaygın olduđu belirlenmiřtir. Bütün populasyonlar aynı ploidi seviyesini içermektedir. Fakat çok az bir kısmı hem diploid hem tetraploidi içermektedir. Bazı lokasyonlarda diploid ve tetraploid populasyonlar birbirine çok yakın olarak yetiřirler. Türkiyenin kuzeydoğuda yetiřen diploidlerin aksine tetraploidler Türkiye de oldukça yaygın olarak yetiřirler (Small ve Bauchan 1984).

Brummer vd. (1999) ABD *Medicago* koleksiyonunda ploidi düzeylerini belirlemek için 'flow sitometri yöntemini kullanmıřlar, *M. sativa* ssp. *falcata*'nın hem diploid ve hemde tetraploid sitotiplerine rastlamıřlardır (Çizelge 2.1). Bingham ve Saunders (1974)'da diploid *M. sativa*'yı octaploid ($2n=8x=64$) yapmak için tüm yolları denemiřlerdir. *Medicago* kompleksinde altı türün (*M. constricta*, *M. lesinsii*, *M. polymorpha*, *M. praecox*, *M. rigidula*, ve *M. rigiduloides*) $2n=2x=14$ řeklinde diploid olmasına rağmen, *Medicago* cinsinin temel genom sayısı $x=8$ 'dir. Lesins vd. (1972) pakiten analizini kullanarak; 14 kromozomlu türlerin kromozom translokasyonundan (iki kromozom birleřmiř ve kromozomların birisinin sentromeri yok olmuř) kaynaklandığını belirlemiřlerdir. Bu türlerin karyotiplerinde her birinde oldukça uzun bir kromozom görüntüsü göze çarpmaktadır (Lesins ve Lesins 1979).

M. sativa alt türlerine ek olarak, ($2n=4x=32$) kromozomlu tetraploid olan *Medicago* çok yıllık türleri; *M. arborea*, *M. dzhawakhetica*, *M. papillosa*, ve *M. Prostrata*'yi içermektedir (Çizelge 2.1). Ayrıca, iki çok yıllık hexaploid türü; *M. cancellata* ve *M. saxatilis* de bulunmaktadır. *Medicago arborean* populasyonlarında hem tetraploid ve hemde hexaploid populasyonların olduđu bulunmuřtur. *Medicago cancellata* ve *M. saxatilis* iki genomu *sativa* dan, dört genomu *M. rhodopea* (*M. saxatilis*) ya da *M. rupestris*'den (*M. cancellata*) gelmekle birlikte alloautohexaploid olduđu düşünölmektedir (Lesins ve Gillies 1972, Lesins ve Lesins 1979).

Tek yıllık *Medicago* türlerinin $2n=4x=30$ kromozomlu tetraploid iki türü şunlardır: *M. rugosa* ve *M. scutellata* (Çizelge 2.1). *M. scutellata*'nın çekirdekçik organize bölgelerinde (NOR) iki çift NOR kromozom ve *M. rugosa*'da ise sadece bir çift kromozom vardır. Bu iki tür, $2n=2x=14$ ve $2n=2x=16$ kromozomlu türlerin melezlenmesiyle, poliploidleştirilmenin ardından veya *M. rugosa*'da iki NOR kromozomun kaybolması sonucunda ortaya çıktığı düşünülmektedir. (Bauchan ve Elgin 1984). Fenolik bileşikler ve RFLP moleküler markörler, tek yıllık tetraploid *Medicago* türleri ile ve $2n=16$ ve $2n=14$ kromozomlu diploid türlerin arasında olan yakın ilişkileri ortaya çıkarılmasında rol oynamıştır (Simon 1976, Classen vd. 1982, Mariani Pupilli ve Calderini 1996).

Yonca bitkisinin sitogenetiği ile ilgili çok sayıda kapsamlı araştırma yayınlanmıştır (Lesins ve Gillies 1972, Stanford Clement ve Bingham 1972, Lesins ve Lesins 1979, McCoy ve Bingham 1988, 1991, McCoy ve Echt 1992). *M. sativa* için en son gelişmeler, ileri bilgisayarlı görüntü analiz sisteminin kullanımı, kromozom bantlama ve in situ hibridizasyon tekniği ile karakterize edilebilmektedir.

Bauchan ve Campbell (1994) tarafından kritik ölçüm, analiz ve diploid yonca karyotipini oluşturmak için bilgisayarlı görüntü sistemi geliştirilmiş ve kullanılmıştır. O zamandan beri, geliştirilen geniş hafızalı (512 kB–128 MB RAM) hızlı bilgisayarlar (20–600 Mhz) gelişimi arttıran çözünürlük ($1,048 \times 960$ pixels to $2,096 \times 1,920$ piksel) ve doğrudan bağlantılar için Windows tabanlı yazılım programı geliştirilmiştir. Bu gelişmeler daha hassas karyotipik araştırmaları olanaklı kılmış, önceleri bir ya da iki günde yapılan analizlerin süreleri birkaç saate inmiştir (Bauchan ve Hossain 2001a) .

Johnson vd. (1984) ve McCoy ve Bingham(1988) *Medicago* kromozomlarının bantlamaya çalışmışlar, ya başarısız olmuşlar ya da üretilen bantları sadece sentromerde görebilmişlerdir. Böylece bu tekniğin *Medicago* kompleksinde sitogenetik araştırmaların ilerlemesine yardımcı olmadığı anlaşılmıştır. Masoud, Gill ve Johnson (1991) diploid *M. sativa* ssp. *sativa* (L.) L. & L. cv. CADL (diploid seviyede kültür yoncası) kromozomlarının (Bingham ve McCoy 1979) ek bantlara da sahip olduğunu göstermişlerdir. Bauchan ve Hossain (1997) C-bantlama tekniğini mükemmelleştirmişler ve bu tekniği kapsamlı ek bantların olduğunu kanıtlamak için

uygulamışlardır; diploid ssp. *falcata* ve ssp. *coerulea* için standart bir karyotip geliştirmişlerdir. [Bauchan ve Hossain \(1998a\)](#) *Medicago* cinsinde ilk olarak N-bantlama tekniği geliştiren kişiler olmuşlar, ve böylece bir dikotiledon bitkinin tek tek kromozomlarını belirlemek amacıyla N-bantlama tekniği ilk kez başarılı olarak kullanılmıştır. [Falistocco vd. \(1995\)](#) tetraploid *M. sativa* ssp. *sativa* nin tek tek kromozomlarının ayırt edilebileceğini gösteren bir karyotip yayınlamışlardır; bu araştırmacılar yoncanın bir autotetraploid olduğuna dair kanıtlar ortaya sürmüşlerdir.

Bu yaklaşımlar yonca sitogenetik biliminin gelişimini sağlamış ve *Medicago* cinsinin moleküler sitogenetikle ilgili özellikle *Medicago sativa* kompleksinde olan türler için birçok yeni keşiflerin önünü açmıştır.

2.2.1 *Medicago sativa* ssp. *coerulea* da karyotip çalışmaları

Diploid *M. sativa* ssp. *coerulea*'nın somatik kromozomlarının mikroskop görüntüsü fotoğrafları ilk kez [Bolton ve Greenshields \(1950\)](#) tarafından yayınlanmıştır. O zamanlarda kromozomların ayırt edilip seçilmeleri mümkün değildi; ancak [Bolton ve Greenshields \(1950\)](#) satelite sahip olan iki kromozomun farkına varmışlar (ya Nükleer Organizatör Bölge; (NOR). İlk karyotip [Buss ve Cleveland \(1968\)](#) tarafından yayınlanmıştır ve diğer karyotipler [Agarwal ve Gupta \(1983\)](#), [Bauchan ve Campbell \(1994\)](#), ve [Bauchan ve Hossain \(2001a\)](#) tarafından geliştirilmiştir. Diploid *M. sativa* ssp. *coerulea*'nın karyotiplerinde çoğunlukla mayotik pakiten kromozomları esas alınmıştır ([Clement ve Stanford 1963](#), [Buss ve Cleveland 1968](#), [Gillies 1968](#), [Gillies ve Bingham 1971](#), [Ho ve Kasha 1972](#)). [Kasha vd. \(1970\)](#) yoncada standardize edilmiş bir pakiten karyotipi geliştirmişler, bu yöntem önceki pakiten karyotip çalışmalarında bulunan farklılıklarla örtüşmektedir.

Bu alt türlerin somatik kromozom karyotipleri bir çift NOR'lu kromozom (kromozom 8), dört çift submetasentrik kromozom (kromozom 1-4), ve üç çift kısa metasentrik kromozomdan (kromozom 5-7) oluşmaktadır. Yonca genomunda kromozom 8 NOR' lara sahiptir; NOR'lu kromozomlar karyotipte bir tanımlama kriteri oluşturur. Eğer kromozomlar ön işlem boyunca çok fazla spiralize değilse çift 1 büyük submetasentrik kromozomları ayırmak kolay olur. Bazen, kromozom 4 üzerinde üçüncül bir daralma

bulunabilir. Bilgisayarlı görüntü analiz sistemi kullanılarak, homolog kromozomları belirlemek mümkün olmaktadır ve kromozom kol uzunlukları, kol oranları ve toplam kromozom uzunluğuna göre bir karyotip geliştirmek mümkün olmaktadır (Bauchan ve Campbell 1994, Bauchan ve Hossain 2001a).

M. sativa ssp. *coerulea*'nın C- bantlama (Bauchan ve Hossain 1997) ve N- bantlama (Bauchan ve Hossain 1998a) tekniğiyle alınan paternler, bu alttürün diploid ssp. *falcata* dan çok daha fazla banda sahip olduğunu göstermiştir; bantların çoğu kromozomların kısa kollarına yerleşmişlerdir. Bu bantların yoğunluğu ve yerleştiği bölgeler her bir kromozoma özgüdür. Bir başka deyişle her kromozomda farklıdır. Bu farklılık sayesinde, karyotipik çalışmalarında birer birer kromozomları teşhis etmek ve kesin olarak tanımlanmalarını sağlamak mümkün olabilmektedir. Genellikle, çok belirgin olan sentromerik bantlara ek olarak (en önemli ve göze çarpan bantlar), *M. sativa* ssp. *coerulea*'nın standartlaştırılmış karyotipinde tüm kromozomların kısa kollarında telomerik bantlar görülmektedir Kromozom 7 hariç tüm kromozomlar kısa kollarındaki yapısal (interstisyel) bantlara sahiptirler, ayrıca kromozom 1, 2 ve 3'un her birinin uzun kollarında bantlar bulunur. N-bantlama yöntemi uygulandığında kromozom 5'in uzun kolunda ilave bir yapısal bant ortaya çıkarmaktadır. NOR' lu kromozom bir sentromerik banda, göze çarpan bir NOR banda ve uzun kol üzerinde telomerik ve yapısal banda sahip olmasıyla karakterize edilmiştir (Bauchan ve Hossain 1997, 1998a). Masoud vd. (1991) diploid *M. sativa* ssp. *sativa* cv. CADL (diploid seviyesinde kültürü yapılan yonca)'nın ilk olarak C-bant karyotipini sunmuşlardır. Ancak, bu araştırmacılar çoğunlukla sentromerik ve telomerik bantlar ile ve sadece birkaç yapısal (interstisyel) bantları gözlemlemişlerdir.

C- ve N- bantlama paternler karşılaştırıldığında az çok karşılık gelen bantlama paternlerine rastlanmıştır. Kısa kolların tamamı her iki C- ve N- bantlamada terminal bantlara sahiptirler; ancak yoğun bantlardan zayıf banda doğru çok belirgin bir şekilde ayrılmaktadır. Ayrıca kısa kolların üzerinde bulunan yapısal (interstisyel) bantlar yoğunluklarının yanı sıra konumları bakımından da değişmektedirler (örneğin kromozom 1 üzerinde C-bantın kısa kolun ortasına yakın yer almasına karşın N- bant sentromerden ziyade kromozomun terminalin son kısmına yakın yer almıştır). N-bantlama paternin bir karakteristik özelliği kromozom 3'ün uzun kolu üzerindeki

interstisyel bandın çok yoğun, koyu boyanmış olmasıdır (Bauchan ve Hossain 1998a). N- bantlı kromozomlarda koyu boyanan heterokromatin ve daha hafif boyanan ökromatin çok zayıf bir kontrast gösterir bu nedenle, C-bantlama N-bantlamaya göre çok daha yaygın kullanılmıştır.

ABD'ndeki geniş coğrafik dağılımı temsil eden germplazm koleksiyonundan 14 aksesyonun bantlama paternlerinin polimorfizmleri ile ilgili çalışmalar, bitkilerin büyük çoğunluğunda standart karyotipin özdeş hücreleri içerdiğini göstermiştir. Bununla birlikte, polimorfizim gösteren aksesyonların yarısında, heterokromatik DNA bantlarının yoğunluğu, bu bantların konumu ve aksesyonlar arasında ve içinde toplam bantların sayısı fark göstermiştir. Bazı aksesyonlarda, telomerik bantlar eksik olur ve diğerlerinde ise bantlar sadece çift kromozomların birinde eksik olur. Bazı bitkilerin kromozomları uzun kolları üzerinde iki bant içermektedir. Çok büyük bir "mega" NOR kromozom (muhtemelen bir translokasyon nedeniyle tespit edilmiştir; izokromozomlar ve primer trizomik ve tetrazomik bitkiler de gözlenmiştir (Hossain ve Bauchan 1999).

Diploid ssp. *falcata*'nın pakiten karyotipine dayalı olarak, Gillies (1970a) ile Ho ve Kasha (1972)'nin çalışmalarında diploid ssp. *coerulea*'nın pakiten karyotipinde (Gillies 1968) önemli bir fark olmadığı sonucuna varmışlardır. Ancak, pakiten karyotiplerin daha yakından gözlemlenmesi ile, *M. sativa* ssp. *coerulea*'nın tüm kromozomlarının kısa kollarının telomerleri üzerinde heterokromatik bantları bulunduğu anlaşılmıştır, halbuki bu kromozomların tüm kısa kollarında heterokromatize olduğu zaman hariç diploid ssp. *falcata*'nın kısa kollarının üzerinde heterokromatik telomerlere rastlanmamıştır. Bu nedenle, diploid ssp. *falcata*'nın ssp. *coerulea*'dan daha az miktarda heterokromatik DNA içerdiği anlaşılmıştır. Bununla birlikte, bu aksesyon'a bağlı olarak çalışılacaktır çünkü heterokromatik DNA'nın miktarı aksesiyondan aksesiyona değişmektedir (Bauchan ve Hossain 1999a). Bauchan ve Hossain (1997, 1998a) tarafından gerçekleştirilen mitotik kromozomların C- ve N- bant çalışmaları diploid ssp. *coerulea*'nın diploid ssp. *falcata*'dan daha fazla heterokromatik DNA'ya sahip olduğunu kesin olarak göstermiştir. Gerek mitotik gerekse mayotik kromozomlarda heterokromatik dağılımın yeniden incelenmesine dayalı olarak yapılan çalışmalar diploid ssp. *falcata*'nın ssp. *coerulea*'dan daha az miktarda heterokromatin içerdiği konusunda hemfikiridir.

2.2.2 Diploid *Medicago sativa* ssp. *falcata* da karyotip çalışmaları

Görüntü analiz tekniklerinden yararlanılarak kromozomların hassas ölçümlerinin yapılması mümkündür (Bauchan ve Hossain 2001a). Diploid ssp. *falcata* kromozomları ortalama uzunlukları 1.35–2.3 µm olup (Bauchan yayınlamış) ssp. *coerulea*'dan çok az kısadır ve ortalama boyu 1.5-2.4 µm dır (Bauchan ve Campbell 1994). Standart C- (Bauchan ve Hossain 1997) ve N- (Bauchan ve Hossain 1998a) bantlama paternleri sadece sentromerik bölgelerde ve satellitli kromozom 8'in NOR'larda uzun bir bant olarak karakterize edilebilmektedir. Bazen bir interstisyel bant NOR kromozomun uzun kolunda oluşur.

Mitotik bantlama paternin mayotik pakiten kromozomları ile karşılaştırılması (Gillies 1970a) mitotik heterokromatik bantlar ile pakiten safhasında bulunan kromomerler arasında birbirlerine göre iyi bir korelasyon olduğunu göstermiştir. Gillies (1970a) ve Ho ve Kasha (1972) *M. sativa* ssp. *falcata* pakiteninde kromomerlerin büyük çoğunluğunun sentromerlerin her iki tarafında yerleştiğini bulmuşlardır ve bütün bir kolun heterokromatik olması dışında belirgin hiçbir telomerik kromomer bulunmamıştır. Aksesiyonların büyük çoğunluğunda somatik kromozomlarda C-bantlama çalışmaları kullanılarak, kromozomların kısa kollarında hiçbir bant bulunmamıştır.

Ancak, geniş coğrafik dağılım gösteren diploid ssp. *falcata*'nın alttürlerinin 17 aksesiyonunda yapılan incelemede Bauchan ve Hoşşain (1999a) ssp. *falcata*'nın standart karyotipiyle karşılaştırdıklarında 10 aksesiyonun 1-14 C banda sahip olduğunu keşfetmişlerdir. C- bantların sayısı, konumları ve yoğunluklarındaki polimorfizmler, aksesiyonunlar arasında ve ortasında belirlenmiştir. Çalışılan bitkilerin sadece % 9'unda polimorfizm tespit edilmiştir. C-bantlar tüm kromozomların terminal kısımlarında olabilmektedir ve interstisyel bantlar 1, 2, 3 ve 6 numaralı kromozomların hem kısa hem de uzun kollarında tespit edilmiştir. Bu ek bantlar önceden varolabilirler ya da *Medicago sativa* kompleksinin diğer alt türleri ile melezlenmeden kaynaklanan krosing-over'in sonucu olabilirler. Kromozomlar üzerinde teşhis bantlarının olmaması bu alttürlerin hassas olarak karyotip analizini zorlaştırır, bununla birlikte bilgisayarlı görüntü analiz sistemleri ile (Bauchan and Campbell 1994, Bauchan ve Hossain 2001a)

kromozom morfolojisi ölçümlerine dayalı olarak karyotiplerin geliştirilmesi mümkündür.

Kromozom modifikasyonları ve izokromozomlar gibi olgular 2 ve 6 numaralı kromozomların kısa kolları için gözlenmiştir (Bauchan ve Hossain 1999a). İzokromozomlar birbirlerinin aynadaki görüntüsü gibi olan homolog kolları ile monosentrik kromozomlardır (Reiger Michaelis ve Green 1991). Isokromozomlar genlerin dozaj etkisini belirleme potansiyeline sahiptir. *Medicago sativa* kompleksinde şimdiye kadarki çalışmalarda hiç bir tür için uzun kollarda izokromozom ya da telozom gözlemlendiğine dair bir bildirim yapılmamıştır.

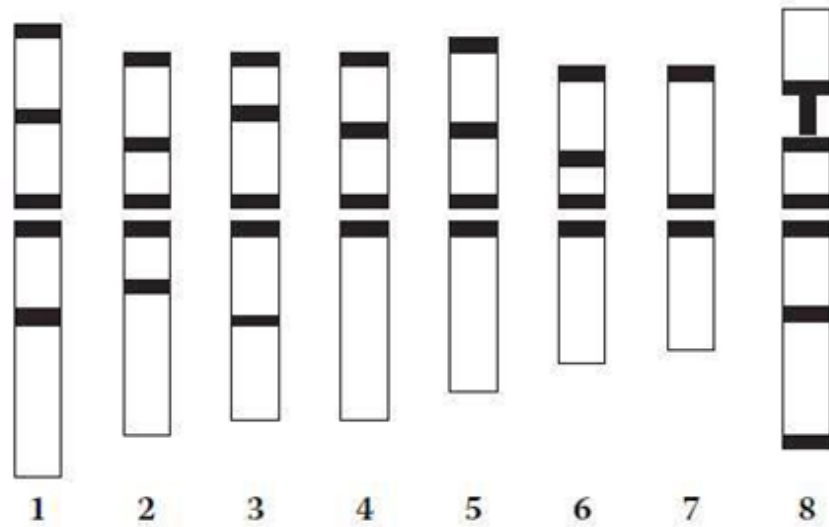
İki farklı aksesyonundan alınan üç ayrı fidenin B-kromozomlu olduğu bulunmuştur (Hossain ve Bauchan 1999). B-kromozomlar genellikle A-kromozomlarından daha küçük ve heterokromatiktir. Normal olarak bu kromozomlar buldukları organizmaların yaşamını ve fenotipini etkilemezler, A-kromozomları ile eşleşmezler ve mitotik davranışını gecikme, eliminasyon, polimitoz ya da tercihli dağılım ile etkilerler (Reiger vd. 1991). Çünkü *Medicago sativa* spp. allogam (yabancı döllen) olduğu için genom içerisinde polimorfizmlerin varolabileceği tahmin edilmektedir, bu polimorfizmler bantlama ve moleküler teknikler kullanarak tespit edilmiştir.

2.2.3 Tetraploid *Medicago sativa* ssp. *falcata* da karyotip çalışmaları

Tetraploid ssp. *falcata*'nın altı aksesyonunda ilk çalışmalar şaşırtıcı bir sonuç ortaya koymuştur. Bitkilerin çoğunun normal sentromerik bantlara ek olarak C-bantları olan kromozomlara sahip oldukları belirlenmiştir. Çok az sayıda ek banda sahip olan aksesyonlar bulunmuştur; dört çift kromozomun kısa kollarında bir ekstra telomerik band bulunmuş halbuki diğerlerinde sadece sentromerik banda sahip oldukları tespit edilmiştir. İki aksesyonunda ise her kromozom üzerinde birden fazla bantların ve ikiye katlanmış diploid ssp. *Coerulea*'da bantlama desenine benzer olması tespit edilmiştir. Genel olarak, heterokromatik bantların çoğunluğu kromozomların kısa kollarında görünür, sadece interstisyel bantlar iki kromozom uzun kollarında görülür (Bauchan ve Hossain). Bütün incelenen aksesyonların, orak şeklinde baklalara ve sarı çiçeklere sahip olduğu bulunmuştur.

2.2.4 Tetraploid *Medicago sativa* ssp. *sativa* da karyotip çalışmaları

Tetraploid yoncanın somatik kromozomları daha önce analiz edilmiştir (Agarwal ve Gupta 1983, Falistocco 1987, Schlarbaum Johnson ve Stuteville 1988, Falistocco vd. 1995). Agarwal ve Gupta (1983) kromozom ölçümleri ile birçok *Medicago* türünün karyotip analizini bir oküler mikrometre kullanarak yapmışlardır. Böylece ölçümlerin doğruluğu sorgulanabilmekte ve ölçümler için bir standardizasyon sağlanabilmektedir. Falistocco (1987) fotomikrograflardan kromozomları ölçerek, *Medicago* cinsinin kromozomları için rapor edilenden ondan daha çok büyük kromozom ölçümleri (örneğin, toplam uzunluğu 9 ila 12 mikron arasında değişmektedir) elde etmiştir. Schlarbaum vd. (1988) doku kültürü rejenere edilmiş bitkilerden tetraploid yonca karyotip analizleri yapmıştır. Genel olarak, bir doku kültürü sisteminde rejenere olmuş olan bitkilerin potansiyel olarak değişikliğe uğramış kromozomlara sahip olabilecekleri bilirlenmiştir (Nagarajan ve Walton 1987).



Şekil 2.1 Yoncanın C-bantlama standart karyotipinin idiogram (Bauchan ve Hossain 2001b)

ABD'de yoncanın dokuz gen kaynaklarının araştırılması çalışmalarında (Bauchan ve Hossain 1998b, 2001b, Bauchan Campbell ve Hossain 2002, 2003), C-bantlama polimorfizmleri; sayı, konum ve terminal ve interstisyel bantların yoğunluğu bakımından dokuz gen kaynağı bir gen kaynağı tespit edilmiştir. Bauchan ve Hossain

(2001b) tarafından hazırlanan 'Afrika' tipi yoncanın karyotipinin, heterokromatik bantların en çok sayıda bulunması nedeniyle standart bir karyotip olarak kullanılması önerilmiştir; böylelikle, bu karyotipi diğer karyotiplere kıyaslamak daha kolay olmuştur (Şekil 2.1). Dokuz gen kaynağının morfolojik ölçümler ve C-bantlama çalışmaları, yoncanın kromozomlarının yaklaşık olarak dört özdeş gruba sahip olduğunu ortaya koymuştur, buda, doğru bir karyotipin geliştirilmesine imkan sağlamaktadır (Falistocco vd. 1995, Bauchan ve Hossain 1998b, 2001b, Bauchin vd. 2002, 2003).

Kromozom morfolojisi ve homologlar arasında C- bantlama paternlerin benzerliği her zaman mükemmel değildir; ancak, kromozomlar arasında yeterli benzerlik kurularak yonca kromozomlarını her set dört kromozom içermek üzere sekiz set içerisinde gruplamak mümkün hale gelmektedir.

Tetraploid *M. sativa* ssp. *sativa*'nın mitotik bantlama paternleri, mayotik pakiten kromozomlarında bulunan heterokromatik topuzların dağılımına benzerlik göstermektedir (Gillies 1970b). Ancak, tetraploid yoncada mitotik kromozomlar, diploid alt tür *M. sativa* ssp. *coerulea* da görülen pakiten kromozomlarına göre daha kısa ve büyük bir miktarda heterokromatine sahip olduğu ortaya çıkmamıştır (Gillies 1970b).

Yoncanın daha önce bahsedilen dokuz gen kaynağı arasında çeşitli farklılıklar gözlenmiştir. *Falcata* germplazm kaynağı daha az terminal ve interstisyel bantlara sahip olduğundan dolayı diğer germplazm kaynaklarından dikkat çekici bir şekilde farklı olmuştur. *Falcata* kromozomları sentromer bölgelerinde temel C- bantlara sahiptirler. Dormant olmayan yonca gen kaynaklarını içeren, 'Afrika', Şili ', ' Peru ' ve ' Hint 'gen kaynakları, heterokromatik bantları en fazla sayıda sergilerler (Bauchan ve. 2003). 'Afrika' çeşidinin kromozomları, en yüksek miktarda heterokromatik DNA'ya sahiptir ve muhtemelen ikiye katlanmış diploid *M. sativa* ssp. *coerulea*'nın bantlama paternlerine benzerler (Bauchan ve Hossain 2001b). 'Şili' (Bauchin vd. 2002) ve ' Peru ' çeşitlerinin kromozomların bantlama paternleri birbirine benzemektedir. Hindistan çeşidinin kromozomları özellikle kromozomların uzun kollarında, diğer dormant olmayan kaynaklarına göre en az sayıda bantlara sahiptir (Bauchan vd. 2003). Germplazm kaynakları heterokromatik DNA C- bantlarının yüksek miktardan düşük miktara doğru

sıralanışı şu şekildedir: 'Afrika' > Peru > Şili > Flaman > Hint > Varia > Ladak > Türkistan > Falcata '. Kış-dayanıklı germplazm kaynakların çoğunda ve yonca içinde Falcata germplazm olması ile az sayıda C-bantların bulunması dikkat çekicidir (Bauchan ve Hossain 1998b).

2.2.5 Tek yıllık *Medicago* türlerinde karyotip çalışmaları

Tek yıllık *Medicago* türleri, ilgili kaynaklarda bazen medik olarak yer almaktadır, yoncanın yakın akrabalarıdır ve birçok zirai karakterlerini içerirler, örneğin yoncaya faydalı olabilen, sap, yaprak ve kozaların üzerinde bulunan glandüler tüylerden dolayı böceklere direnc olmaları ile bilinirler. Medikler sitogenetik bakımından çok iyi incelenmemiştir. Tek yıllık *Medicago* kromozomlarının fotomikrografları ilk olarak Lesins ve Lesins (1961) tarafından yayınlanmıştır. Heyn (1963) ve Lesins ve Lesins (1979) her ikisi tek yıllık *Medicago* türlerinin sitogenetiğine genel bir bakış sağlamıştır. O zamandan beri, Schlarbaum vd. (1984), Mariani ve Falistocco (1991) ve Mariani vd. (1996) $2n=16$ kromozumlu *M. arabica*, *M. blanchiana*, *M. ciliaris*, *M. doliata*, *M. granadensis*, *M. intertexta*, *M. muricoleptis*, *M. nöana*, ve *M. rotata* türlerinin fotomikrograftaki kromozomların üzerinde fiziksel ölçümlerine dayalı karyotipler geliştirerek çalışmalar yapmışlardır.

Bauchan ve Elgin (1984) iki tetraploid türü *M. scutellata* ve *M. rugosa*'nın kaydedilen 32 kromozomdan ziyade, $2n=30$ kromozumlu olduğunu keşfetmişlerdir. Çünkü *M. scutellata* iki çift NOR'lu kromozoma sahiptir, bu türün bir allotetraploid olduğu öne sürülmüştür, iki diploid ($2n=14$ ve $2n=16$) türün melezinden ortaya çıkmış ve sonra çok nadir görülebilecek bir şekilde kromozom sayısı ikiye katlanmıştır. Bu ön bulgular yonca türlerinin önemli progenitörleri için kapsamlı çalışmalar yapılması için tetikleyici olmuştur. Falistocco ve Falcinelli (1991) ve Mariani vd. (1996) karyotip benzerliğine ve bazı RFLP moleküler verilerine dayalı diploid $2n=2x=14$ kromozumlu *M. murex*, *M. polymorpha*, *M. praecox*, ve *M. rigidula* türlerinin karyotiplerini geliştirmişlerdir.

Mariani vd. (1996) dört türün (*M. intertexta*, *M. muricoleptis*, *M. polymorpha*, ve *M. mure*) *M. scutellata* ve *M. rugosa* progenitörü için en iyi adaylar olduğunu öne sürmüşlerdir. Tek yıllık türlerin bantlaması üzerine yapılan çalışmalarda sadece

sentromerler bant göstermiştir (Mariani ve Falistocco 1990, 1991, Falistocco ve Falcinelli 1993): böylece, bu tekniğin ne karyotipik analize ne de tek tek kromozomları ayırt etmeye yararı olmadığı görülmüştür.

Medicago truncatula moleküler genetik çalışmaları için model bir bitki türü olmuştur (Cooket vd. 1997, Cook 1999). Bu tür nispeten küçük genoma (1.15 pg) (Blondon vd. 1994) ve diploid autogam (kendine döllen) genetik sisteme sahiptir (Cooket vd. 1997). In vitro kültür çalışmalarında kolayca rejenerasyona ve transformasyon oluşur (Rose Nolan ve Bicego 1999) ve N₂ fixasyon araştırmaları için mükemmel bir model sistemdir (Barker vd. 1990). *M. truncatula*'nın genomunun dizilenmesi için bir proje devam etmektedir bu projede *M. truncatula* nın genomu ikinci bitki olarak tamamen dizilenmiş olacaktır (<http://www.medicago.org>). *M. truncatula* taksonomik bakımdan yoncanın yakın akrabasıdır (Lesins ve Lesins 1979). Bilinen genleri ya da ESTs (expressed sequence tags) yöntemiyle (Choi vd. 2004) yoğun bir şekilde türler arası homologu *M. truncatula* ve kültürü yapılan yoncada rapor edilmiştir. Bundan başka, Thoquet vd. (2002) *M. truncatula*'da haritalanmış moleküler markör diploid yoncada aynı ya da benzer yerlerde olduğunu göstermişlerdir. *M. truncatula* sadece yoncada moleküler çalışmalar için değil ayrıca birçok leguminosa (baklagil) bitkileri içinde model bir bitki olarak kullanılabilir (Zhu vd. 2005). Choi vd. (2004) moleküler haritalama ve sitogenetik haritalaması çalışmalarından (Kulikova vd. 2001) *M. truncatula* ve *M. sativa* genomlarının birbirlerine benzerliklerinin çok fazla olduğu sonucuna varmışlar ve yonca için bir Joint Map önermişlerdir. Böylece, *M. truncatula* nın genomik benzerliğinin bir çok yararı kültürü yapılan yoncanın genom araştırmalarında birçok katkı sağlayacağı öngörülebilir.

2.3 Yoncada Sitogenetik ve Islah

Kromozom sayısının sayımı ve kromozom morfolojisi farklılıklarının kullanımı bir delil olarak, çok yıllık ve tek yıllık yonca türleri arasındaki melezlerin üretimi (Sangduen vd. 1982, Piccirilli ve Arcioni 1992), çok yıllık yabancı *Medicago* türleri ve kültür yoncası arasındaki melezlerin (McCoy ve Smith 1986) ve hücre füzyonu aracılığı ile somatik melez üretimi (Pupilli vd. 1995, Nenz vd. 1996, Tian vd. 2002, Mizukami vd. 2006) için kullanılmıştır. Melez üretimin belirlenmesinde kullanılan sitogenetik kanıtlar öncelikle

somatik kromozom sayıları NOR'lu kromozom sayısı ve morfolojisi ile bir özellikler anahtarı olarak ve mikrosporosit aşamalarında metafaz I (MI) de kromozom eşleşmeleri olmuştur. Giemsa C- (Bauchan ve Hossain 1997) ve N- (Bauchan ve Hossain 1998a) bantlama teknikleri diploid *M. sativa* ssp. *falcata* ile *M. sativa* ssp. *coerulea* arasındaki çaprazlamaların melezliğinin belirlenmesinde bantlama desenleri arasındaki kontrast farklılıklarından yararlanılarak kullanılmıştır; ssp. *falcata* sadece sentromerlerinde ve ssp. *coerulea* ise çoklu bantlara sahiptir bundan ötürü bu iki alttür arasındaki melezlerin tanımlanması kolay olmuştur.

Ayrıca ssp. *coerulea*'nın kromozomlarının birer birer tanımlanması da kolaylaşmıştır (Bauchan ve Hossain 1997, 1998a). Bantlama teknikleri kullanılarak, F₂'deki ve ssp. *coerulea*/ ssp. *sativa* türler arası melezlerinin daha sonraki jenerasyonlarında bantların kromozomlar arası yer değiştirmesinin ayırt edilmesi mümkün olmuştur, şimdiye kadar, tüm tek yıllık türler sadece sentromerik bantları ile ayırt edilmiştir. Belirli kromozomlara özelleşmiş aneuploidlerin tanımlanması bantlama teknikleri kullanılarak yapılabilmektedir. Aneuploidlerin yerleştiği agronomik önemi olan genlerin bulunduğu kromozomlar üzerine önemli çalışmalar yapılmıştır.

Yonca ıslahçıları çaprazlama yolu ile türlerarası melezleme (Quiros ve Bauchan 1988, McCoy ve Bingham 1988), embriyo kurtarma (Bauchan 1987), övüle embriyo kurtarma (McCoy ve Smith 1986), ve somatik melezleme (Pupilli vd. 1995, Nenz vd. 1996, Mizukami vd. 2006, Tian vd. 2002) kullanımıyla yabancı türlere ait genleri kültürü yapılan yoncaya aktarma girişimlerinde bazı başarılar kaydetmişlerdir. Çaprazlamaların büyük bir çoğunluğu ekonomik önemi dolayısıyla ebeveynleri *coerulea* ya da ssp. *sativa* olarak belirlemişlerdir. Bazı melezleme girişimleri yabancı türden gelen genlerin eşleşme eksikliğinden ve bundan dolayı krosing over eksikliğinin neden olduğu kromozomların kısa kollarında fazla miktarda heterokromatin bulunmasına bağlı olarak başarısızlıkla sonuçlanmıştır.

Heterokromatin orta ve yüksek tekrarlanan dizilerin, bazen satelitlerin tandem dizilerinin proteine sıkı bağlanması ile karakterize edilmektedir (Bickmore ve Craig 1997). Heterokromatin krosing-over'da etkili olduğundan kiasmanın formasyonunda indirgenme görülmektedir (Dyer 1964, John ve Lewis 1965, Sybenga 1975).

Yabani türlerle melezleme için en iyi aday heterokromatini oldukça düşük diploid ssp. *falcata* ya da tetraploid ssp. *falcata*'dır. Kromozom kollarında heterokromatine sahip olmayan diploid ssp. *falcata*'da **kiazma** oluşumu için birçok fırsat sağlanabilir, böylece genetik materyalin değişimi krosing over ile ortaya çıkar. Çünkü ssp. *falcata* ssp. *sativa* ile kolayca çaprazlanır, bu özelliğinden ötürü ssp. *sativa* ile yabancı *Medicago* türleri arasında köprü olarak kullanılabilir. Kromozom bantlama tekniği ayrıca yoncanın yabani türlerinden gelen tek tek kromozomların, kolların ya da segmentlerin ayırt edilmesinde kullanılabilir, ayrıca genetik materyalin değişimi krosing over'la (buğday ıslahında ve gelişiminde yaygın bir şekilde uygulanmıştır) kullanılabilir (Friebe vd. 1991).

Pakiten analizine dayalı olarak, Clement ve Stanford (1963) diploid yoncanın kromozomlarının kısa kollarının heterokromatik olduğunu belirtmişlerdir, bundan ötürü, kromozomların kısa kolları kiazma ve krosing-over bakımından sınırlı ya da kısıtlı olmuştur. Yüksek miktarda heterokromatinlenmiş kısa kolların varlığı ssp. *coerulea*, ssp. *sativa*, ve tetraploid ssp. *falcata*'nın C- ve N- bantlamalar ile doğrulanmıştır (Bauchan ve Hossain 1997, 1998a). Bu bulgular Stanford vd. (1972)'nin muhtemelen kromozomların kısa kollarındaki heterokromatinden dolayı kiasma azalmasına bağlı olarak autotetraploid yonca çok az sayıda **multivalent oluşturur** sonuçlarını desteklemektedir. Ayrıca kromozom eşleşmelerinden sorumlu tanımlanmamış genler olabilir. Mayotik kromozomların bantlama çalışmaları ile tek tek kromozomların ve eşleşme davranışlarının tanımlanması yoluyla bu soruya cevap verilebilir.

ssp. *coerulea*, ssp. *Sativa* ve tetraploid ssp. *falcata*'nın kromozomlarının kısa kolları üzerinde büyük bloklar halinde heterokromatik DNA'nın varlığı moleküler genetikçilerin yonca genom haritasını çıkarırken yaşadıkları güçlüğü açıklayabilir. Heterokromatik DNA kiazma oluşumunu engeller ve böylece bu bölgelerde krosing-over azalması söz konusu olur (Kaltsikes ve Gustafson 1984). Burada görülmüş olan segregasyon fenomeninin bozulması açıklanabilir (Brunner Bouton ve Kochert 1993, Brouwer ve Osborn 1999, Sledge Ray ve Jiang 2005, Robins vd. 2007a, b).

Diploid yoncanın bir aneuploidi serisinin gelişimi özellikle kromozomal gen haritasının gelişimi için çok yararlı olacaktır. Kasha ve McLennan (1967) birçok temel trizomikleri

($2n = 2x + 1 = 17$) izole etmeyi başarmışlardır. Ancak sadece 1, 4, 6, 7 ve 8 numaralı kromozomların trizomileri pakiten analizi kullanılarak tanımlanabilmiştir (Gillies 1977). McCoy ve Echt (1992) yoncanın spesifik kromozomları üzerinde genlerin yerlerini göstermek için nasıl bir trizomi (fazla kromozumlu hatlar) kullanılabildiğini bir örnekle göstermişlerdir. Kromozomları duplikasyonu olan bir diploid *M. papillosa* ($4x$) ve bir diploid *M. sativa* ssp. *sativa* ($2x$) arasındaki çaprazlama ile bir triploid hibrit ($3x$) ortaya çıkabilmiştir. Bu triploid hibrit diploid *M. papillosa* ile geriye melezlendiğinde ve dölleri trizomik için eleme yapıldığında, bu trizomiğin iki genomunun *M. papillosa*'dan geldiği; bir ekstra kromozomun ise *M. sativa*'dan geldiği görülmüştür. Trizomikli hatlar daha sonra *M. sativa*'da kromozom kırılmasını artırarak kromozomların küçük parçalar haline gelmesini radyoterapi ile sağlamış ve bu küçük kromozom parçalarında yer alan genlerin analizi yapılabilmıştır. Trizomik hatların bu şekilde kullanımı ile yulaf-mısır hatlarında mısır bitkisinin genom haritasının çıkarılması sağlanmıştır (Ananiev vd. 1997).

2.4 Yoncada Moleküler Sitogenetik

FISH (Floresans in situ hibridizasyon) tekniğinin geliştirilmesi, yonca genomunun incelenmesinde geniş bir alan açmıştır. Schaff vd. (1990), Falistocco vd. (2002) ve Calderini vd. (1996, 1997) bilinen bir gen dizisini etiketleme ve kromozom üzerindeki genlerin konumunu belirlemenin mümkün olduğunu göstermişlerdir. Schaff vd. (1990) moleküler sitogenetik tekniklerini yonca kromozomları üzerinde kullanmışlardır. Bu araştırmacılar enzimatik tekniğini (streptavidin–horseradish peroksidaz kompleksi) bir spesifik geni etiketlemek için (β -tubulin) ve yonca kromozomlarında iki kromozom üzerindeki genin yerini belirlemek için in situ hibridizasyon kullanmışlardır. Calderini vd. (1996), flüoresan boyalarını; [4 ' 6-diamidion-2-fenilindol (DAPI) ve kromomisin A3 (CMA3)] yonca kromozomlarını bantlamak ve NOR bölgesinde bulunan GC'lerin (Guanin-Sitozin) en fazla olduğunu göstermek için kullanmışlardır. Cluster vd. (1996) ve Calderini vd. (1996) rDNA'da 18S genlerini etiketlemek ve onların sayısını ve yerlerini kromozomlar üzerinde belirtmek için çift floresan boyasını (rhodamine ve DAPI) FISH tekniğinde kullanmışlardır. Üçlü FISH etiketleme tekniği (DAPI, floresein izotiyosiyanat [FITC] ve streptavidin-Cy3) *M. truncatula* genomunun haritalamasında prob dizileri tespit etmek için kullanılmıştır (Kulikova vd. 2001).

Probların baęlantılı olup olmadıęını belirlemek için, çoklu problemleri ve birkaç florokrom ile birlikte floresan boyalarını kullanarak etiketlemek mümkün olmuştur (Cluster vd. 1996, Calderini vd. 1996, Cerbah vd. 1999, Kulikova vd. 2001, Choi vd. 2004). FISH teknięi *M. truncatula*' da fiziksel haritalama için kullanılmıştır (Kulikova vd. 2001, Choi vd. 2004). *M. truncatula* genetik haritasındaki belirsizlikleri gidermek için FISH analizi kullanılması gerekli olmuştur (Choi vd. 2004). *M. truncatula* genomunun haritalama ve dizilemesi üzerine çok odaklanılmasından dolayı, bu teknolojiler *M. sativa* üzerinde uygulanmamıştır, ancak iki genom benzerlięi nedeniyle, yonca ıslahında çok yararlı olacaęı öngörülebilir.

İki tek yıllık *Medicago*; *M. murex* ve *M. lesinsii* türleri arasındaki iliřkiyi belirlemek için genomik in situ hibridizasyonu (GISH) teknięi kullanılmıştır. Toplam DNA birer birer türlerden alınmıř, Floresan ile iřaretlenmiř ve kromozom daęılım safhalarında bařka türler için kullanılmıřtır (Falistocco vd. 2002). Bu teknik *M. sativa* kompleksinin evrimi, tetraploid tek yıllık medik türlerle ve diploid türler arasındaki akrabalık, yabancı gen dizileri ile birleřtirilme ve kromozomların yeniden organizasyonu üzerine sorulan soruları cevaplamak için kullanılabilir.

2.5 Yoncada Genetik Haritalama

Diploid ya da tetraploid yoncannın moleküler genetik haritaları AFLP (Amplifiye Parça Uzunluk Polimorfizmi), RAPD (Tesadüfi Amplifikasyonda DNA Polimorfizmi) veya RFLP'ye dayalı yapılmıřtır (Barcaccia vd. 1999, Brouwer ve Osborn 1999, Brümmer vd. 1993, 1999, Echt vd. 1993, Kalo vd. 2000, Kiss vd. 1993, Robins Bauchan ve Brümmer 2007, Robins Luth vd. 2007). Sekiz baęlantı grubunu içeren haritalar *Medicago* türlerinin temel kromozom sayısına uyum saęlar. Haritalar çiçek rengi, cücelik, yapıřkan yapraklılık (Kiss vd. 1993), bir unifoliate yaprak ve karnabahar kafa mutasyonunu (Brouwer ve Osborn 1999) kontrol eden genlerin yerini belirlemek için kullanılmıřtır. Diwan vd. (1997) basit dizi tekrarının (SSR) tetraploid yoncannın haritalanmasında kullanılabilir olduęunu ilk kez göstermiřlerdir ve böylece, kapsamlı haritalama programları SSR kullanılarak geliřtirilmiřtir (Julier vd. 2003, Sledge vd. 2005, Choi vd. 2004, Robins Bauchan ve Brümmer 2007, Robins Luth vd. 2007). JoinMap 3.0 (Van Ooijen ve Voorrips 2001), MapChart (Voorrips 2002),

TetraploidMap (Hackett ve Lou 2003) ve MAPQTL 5.0 (Van Ooijen 2004) gibi yazılım programlarının geliştirilmesi autotetraploid türlerinden alınan haritalama verilerinin analiz edilmesini mümkün hale getirmiştir. Bu moleküler haritalar kantitatif karakter lokus (QTL) analizi kullanılarak alüminyum toleransı (Sledge vd. 2002, Narasimhamoorthy vd. 2007), ot verimi, bitki boyu ve gelişimi (Robins Baughan vd. 2007) ve biyokütle üretiminin tanımlanması için uygulanmıştır (Robins Luth vd. 2007).

M. truncatula nın tüm genomunun dizilenmesi ve haritalanması çalışmaları için yoğun bir çaba gösterilmiştir. *M. truncatula* nın genom büyüklüğü yaklaşık yoncanın yarı boyutu kadar ~ 454-526 Mbp dır. *M. truncatula* genomunun dizilenmesi projesi Samuel Roberts Noble Vakfı'ndan Oklahoma Üniversitesi'ne aktarılan yüksek bir hibe ile başlamıştır. 2003'ün başlarında, Ulusal Bilim Vakfı ve Avrupa Birliği'nin altıncı çerçevesi programında kalan ökromatik (Euchromatic) gen alanının dizilenmesinin tamamlanması için finansman sağlanmıştır. 2007 yılı itibariyle 2,665 BAC klon, 42,358 toplam gen sayısı ile 100 kb başına 22.8 gen haritalanmış ve 251 milyon çift baz dizilenmiştir (www.medicago.org).

Choi vd. (2004) *M. sativa* genlerini haritalamak için *M. truncatula* ekson dizilerine karşı tasarlanmış primerler kullanmışlardır. Bu araştırmacılar iki türün karşılaştırmalı haritasını oluşturmuşlar ve bu iki türün oldukça benzer olduğu sonucuna vararak *Medicago* için gelişmiş bir kompozit harita önermişlerdir. İlk genom dizileme projesi yonca da 2006 yılında ve ek olarak 2008 yılında devam eden genom dizilenmesiyle tamamlanmıştır (www.medicago.org). *M. truncatula*'nın genomunun bulunmasını takip eden gelişmeler ve elde edilen yeni bilgiler, yonca genomuna benzerlik, yonca genomikisi ve yoncanın ıslahı ve geliştirilmesine önemli katkıda bulunmuşlardır.

2.6 Yoncada Doku Kültürü ve Genetik Mühendisliği

Yonca doku kültürü ile rejenerasyonu gerçekleştirilen ilk ve en önemli tarla bitkilerinden biri olmuştur (Saunders ve Bingham 1972). Yonca bitkisinin rejenerasyonu ilk olarak anterden, yumurtalıklardan, internodlardan ve fide hipokotillerinden alınan kalluslardan elde edilmiştir (Saunders ve Bingham 1972).

Bingham vd. (1975) daha kolay doku kültüründen rejenerasyon sağlayan **RegenS** yonca sistemini geliştirmişlerdir. Bu gelişme ile birlikte, araştırmacılar, yapraktan, yaprak sapından, çanak yaprağından, petalden, kotiledondan, kökten ve olgunlaşmamış embriyolardan yeniden bitki elde etmeyi mümkün kılmışlardır (Bingham ve McCoy 1988, McCoy ve Walker 1984, Mroginski ve Kartha 1984). Bitkiler kültürlenmiş hücreler olarak yaprak süspansiyonundan, kotiledon, kök hücre protoplast süspaniyonundan (dos Santos vd. 1980, Johnson vd. 1981, Pezzotti Arcioni ve Mariotti 1984) ve protoplast füzyonun ardından rejenera edilebilmektedir (Teoule 1983, Tian vd. 2002, Mizukami vd. 2006). Yonca'nın rejenerasyonu doku kültüründe genetik kalıtım olarak belirlenmiş (Reisch ve Bingham 1980, Hernandez-Fernandez ve Christie 1989). Bingham ve McCoy (1988) birçok yonca çeşitlerinde rejenerasyon yapılabildiğini gösterdikleri halde bazı yonca çeşitlerinde rejenerasyon çok düşük seviyede olduğu için, rejenerasyonu iyi olan tipleri çeşitlerin arasından seçmek gerekli olmuştur. Rejenerasyon öncelikle somatik embriyogenesis esnasında olmaktadır (Walker Wendeln ve Jaworski 1979).

Genler *Agrobacterium tumumefaciens* aracılığı ile yoncaya aktarılabilen (Pezzotti vd. 1991, Desgagnes vd. 1995). Aynen bu doku kültürü ve gen aktarma teknolojileri yoncunun genomiklerine yönelik temel araştırmalara önderlik eden *M. truncatula* (Trinh vd. 1998) için de kullanılmıştır (<http://medicago.org/genome>). 2006 yılında Monsanto Şirketi ve Uluslararası Yembitkileri Genetik Birliği (Monsanto and Forage Genetics International) tarafından yoncada ilk olarak genetik mühendisliği ile geliştirilen **Roundup Ready yonca** çeşidini piyasaya sürmüşlerdir (<http://medicago.org/genome>).

3. MATERYAL VE YÖNTEM

3.1 Bitki Materyali

Bu çalışmada yonca (*Medicago sativa* L.)'nın Göller Bölgesi'nde yer alan Isparta, Burdur, Afyon ve Konya illerine ait 22 lokasyonun doğal vejetasyonlarından 25 tanesinden populasyonun tek bitkiler toplanarak kaynak populasyon hazırlanmıştır ve bu populasyonlar sitolojik çalışmalar ve somatik hücrelerde karyotip analizleri için kullanılmıştır (Çizelge 3.1 ve Şekil 3.1). Her lokasyondan, birden fazla yonca (*Medicago sativa* L.) numunesi alınmış ve sıra ile numaralandırılmıştır (Çizelge 3.1). Tüm yonca (*Medicago sativa* L.) numuneleri ve populasyonları Prof. Dr. Sebahattin ALBAYRAK (Tarla Bitkileri Bölümü, Ziraat Fakültesi, Süleyman Demirel Üniversitesi, Isparta, Türkiye) tarafından toplanmıştır. Klon olarak populasyonlardan numune alınmış ve sera koşullarında köklendirilmiş ve aşağıda açıklanan aşamalarda kullanılmıştır.

3.2 Sitogenetik Araştırmalar

Sitolojik çalışmalarda açıklanan sıraya göre işlem uygulanmış ve somatik hücrelerde karyotip araştırmaları yapılmıştır.

3.2.1 Somatik kromozomların gözlemi için materyalin hazırlanması

Karyotip analizi için gerekli somatik kromozomlar, kök ucu meristem hücrelerinden elde edilmiştir. Kullandığımız materyal aşağıdaki yöntem ile hazırlanmıştır.

3.2.1.1 Kök ucu örneklerinin alınması ve ön işlem yapılması

Yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonlarının genç sürgünlerinden çelikler alınarak gölgeli plastik sera altında sisleme sistemiyle köklendirme yastıklarında perlit:turba (2:1) karışımına dikilerek köklenmeleri sağlanmıştır. Köklenen bu yonca klonlarının daha sonra 10×10 cm³ hacminde harçla dolu siyah tüplere transplantasyonu yapılmıştır. Bitkilerin şaşırtma işlemleri iç içe geçmiş iki tane saksıdan oluşan düzeneğin üstünü

oluşturacak saksıların tabanları kesilerek yapılmıştır (Tavakoli vd. 2009, Zarifi vd. 2011). Her lokasyondan tüp içinde sağlıklı gelişen yonca bitkilerinden 3'er tanesi seçilip bir falçata yardımıyla tüplerinden çıkarılarak hazırlanan saksılara şaşırtılmıştır (Şekil 3.2a.) ve saksılar etiketlendirerek köklenmeye bırakılmıştır (Şekil 3.2b.). Köklenmeye bırakılan saksıların üst kısımları zaman zaman kaldırılarak kontrol edilmiştir. Köklenmiş saksılardan 1,5-2,0 cm uzunlukdaki taze beyaz kök uçları kesilerek alınmıştır (Şekil 3.2 c.). Alınan kök uçları 0.002 M 8- hydroxyquinoline veya %1' lik alfa-bromonaftalene solusyonunda yaklaşık +4°C'de, 3 saat ön işleme tabi tutulmuştur.

Mitoz aşamasının hücre bölünmesinde çok kısa sürmesinden dolayı, hücreleri metafaz aşamasında yüksek oranda gözlemlenmek zordur. Etkili penetrasyon arttırıcılar ile ön işlem çözeltilerini kullanarak örneğin; dimetil sulfoksit (DMSO) daha hızlı bir şekilde ön işlem çözeltilerinin hücrelere girmesine neden olmuş ve kromozom gözlemi için daha fazla metafaz aşamaları sağlanmıştır (Mujeeb-Kazi vd. 1987, Agayev Zarifi ve Fernandez 2010). Bu çalışmada, 50 damla DMSO, 400 ml ön işlem çözeltilisinin içine ilave edilmiş ve göze çarpan sonuçlar elde edilmiştir.

3.2.1.2 Materyalin Fiksasyonu (Tespit)

Ön işlemi yapılmış kök uçları, 30 dakika boyunca saf su ile yıkanmış ve ardından tespit edilmiştir. Tespit solusyonu olarak Lewitsky fiksatif (kromik asit ve formaldehit) kullanılmıştır. İşlem +4°C'de, 30-36 saat süre ile yapılmıştır (Agayev Zarifi ve Fernandez 2010, Zarifi vd. 2005). Fiksatifin kullanımından hemen önce, % 1 kromik asit ve % 10 formaldehit eşit hacimde karıştırılıp hazırlanmıştır. Daha sonra kökler, 3 saat musluk suyu altında yıkanmış ve %70 etanol içerisinde tekrar kullanılıncaya kadar -20 °C'de depolanmıştır (Şekil 3.2d.).

3.2.1.3 Materyalin hidrolizi ve boyanması

%70'lik alkolde depolanmış olan kök uçları oda sıcaklığında distile su ile 30 dakika boyunca yıkanmıştır. Hidroliz işlemi 1N NaOH solüsyonunda 60°C de 10 dk. muamele edilerek yapılmış ve daha sonra distile suyla yaklaşık 30 dk. yıkanmıştır. Hidroliz işlemi

ile hücrelerin birbirinden ayrılması ve daha iyi boyanması sağlanmıştır. Hidroliz den hemen sonra, kök uçları **aseto demir hematoksilen** boyasının içinde 30-34°C de 15-20 saat süre ile boyanmışlardır. Kökleri boyanın içine aktarmadan önce fazla suları alınmıştır (5-6 kök /2,5 ml boya) (Zarifi vd. 2005, Agayev Zarifi ve Fernandez 2010). Küçük porselen kaplar (2.5-3 ml) boyama için kullanılmıştır (Zarifi 2004).

3.2.1.4 Kromozom preparatlarının hazırlanması ve incelenmesi

Kromozom preparatlarının hazırlanması için ezme preparat tekniği uygulanmıştır. Boyadan çıkarılan kökler distile suyla en az 30 dk. yıkanmış ve daha sonra kök uçları 1,0-1,2 mm uzunluğunda kesilmiştir. Daha sonra kök uçlarını yumuşatmak için Cytase enzimi ile en az 2 saat muamele edilmiştir (Zarifi 2004). Daha sonra kök uçları lam üzerine konularak bir damla % 45 asetik asit damlatılarak küçük parçalara ayrılmış ve dikkatli bir şekilde lamelle kapatılmıştır. Hafifçe ezilerek preparatlar hazırlanmış ve incelenmiştir. İncelenen preparatlarda mitoz bölünmenin tam metafaz safhasında olan 10-20 hücre değerlendirilmiştir.

Preparatlar faz kontrastlı ve ataçmanlı dijital kamera olan (DP72) Olympus Biyolojik Mikroskop (Sistem Mikroskop BX51) ile incelenmiş ve metafaz plakaların fotoğrafları çekilip bilgisayara aktarılmıştır. Kromozomların fotoğrafları çekildikten sonra gerçek büyütmenin derecesini belirlemek için bir objektif mikrometrenin de fotoğrafı çekilmiştir. Çekilen metafaz plakalarının fotoğrafları ileri aşamadaki kromozom ölçümlerinin yapılması için MicroMeasure 3.3 programında saklanmıştır (Reeves 2001).

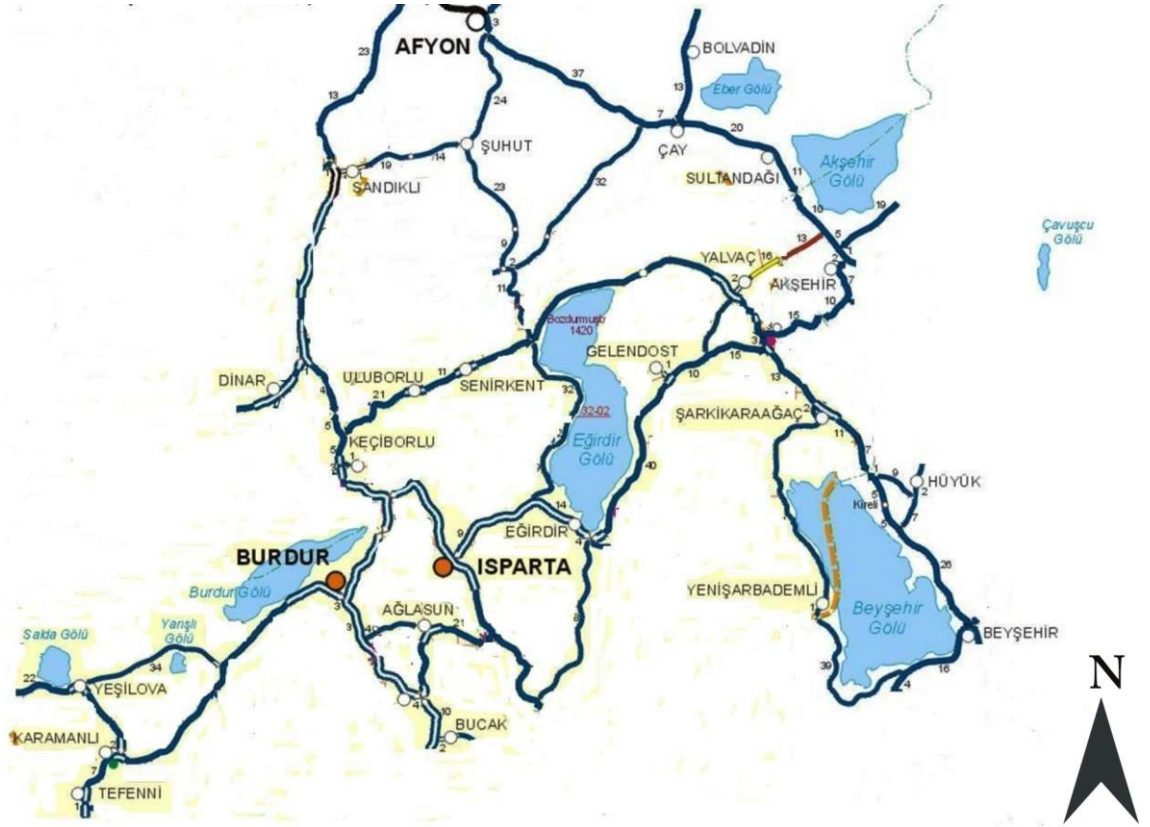
3.2.1.5 Devamlı preparatların hazırlanması

Hazırlanan preparatlar mikroskopta incelenerek iyi derecede boyanan ve aynı düzeyde dağılım gösteren hücrelere sahip olanlar bir başka deyişle kromozomların karyotip analizi için uygun olan preparatlar devamlı hale getirilmiştir. Devamlı preparatları hazırlanması için Zarifi tarafından yeni bir metod olarak geliştirilmiştir; Mikroskopta incelenen preparatlar -80 °C dondurucu içine aktarılıp 48 saat süreyle saklanmıştır. Daha sonra, hemen dondurucu dan çıkartılıp keskin bir jilet yardımıyla lameller

kaldırılıp çok hızlı bir şekilde lamlar absolut etanola aktarılmıştır. Lam üzerinde hücreler bulunan yere bir damla **Entelan** biyolojik monte aracı olarak damlatılıp sonra yeni bir lamel ile kapatılarak oda sıcaklığında kurutulmuştur.

Çizelge 3.1 Yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonların toplandığı lokasyonlar ve koordinat bilgileri

No. Fiksatif	Numara	Lokasyon	Koordinat	Rakım (m)
289	1	Türkiye/ Burdur/ Yeşilova-2	37° 58' 19 K, 30° 08' 48 D	919 m
290	2	Türkiye/ Burdur/ Yeşilova-3	37° 57' 36 K, 29° 86' 75 D	1152 m
291	3	Türkiye/ Burdur/ Karamanlı-1	37° 46' 84 K, 29° 81' 91 D	1229 m
295	4	Türkiye/ Burdur/ Tefenni-2	37° 29' 88 K, 29° 78' 82 D	1128 m
298	5	Türkiye/ Burdur/ Ağlasun-2	37° 63' 09 K, 30° 63' 82 D	1009 m
301	6	Türkiye/ Burdur/ Bucak-2	37° 45' 58 K, 30° 51' 05 D	789 m
304	7	Türkiye/ Isparta/ Eğirdir-2	37° 91' 73 K, 30° 78' 81 D	926 m
307	8	Türkiye/ Isparta/ Gelendost-2	38° 01' 54 K, 30° 96' 17 D	945 m
308	9	Türkiye/ Isparta/ Gelendost-3	38° 07' 13 K, 30° 98' 91 D	937 m
310	10	Türkiye/ Isparta/ Ş. Karaağaç-2	38° 06' 39 K, 31° 40' 51 D	1183 m
313	11	Türkiye/ Konya/ Hüyük-2	37° 73' 12 K, 31° 70' 32 D	1130 m
316	12	Türkiye/ Isparta/ Yalvaç-3	38° 21' 89 K, 31° 27' 95 D	1182 m
318	13	Türkiye/ Konya/ Akşehir-2	38° 32' 76 K, 31° 44' 43 D	1068 m
322	14	Türkiye/ Isparta/ Keçiborlu-3	37° 99' 99 K, 30° 30' 42 D	1214 m
323	15	Türkiye/ Isparta/ Uluborlu-1	38° 05' 76 K, 30° 37' 22 D	1188 m
324	16	Türkiye/ Isparta/ Uluborlu-2	38° 07' 68 K, 30° 47' 32 D	1039 m
326	17	Türkiye/ Isparta/ Senirkent-2	38° 14' 15 K, 30° 61' 29 D	944 m
329	18	Türkiye/ Afyon/ Sandıklı-3	38° 27' 57 K, 30° 18' 77 D	1086 m
330	19	Türkiye/ Afyon/ Dinar-1	37° 91' 64 K, 30° 28' 20 D	1100 m
331	20	Türkiye/ Afyon/ Dinar-2	37° 94' 44 K, 30° 23' 68 D	1036 m
334	21	Türkiye/ Afyon/ Şuhut-2	38° 27' 10 K, 30° 57' 48 D	1179 m
337	22	Türkiye/ Afyon/ Çay-2	38° 41' 70 K, 30° 77' 20 D	1019 m
339	23	Türkiye/ Afyon/ Sultandağı-1	38° 59' 69 K, 31° 00' 18 D	995 m
343	24	Türkiye/ Afyon/ Bolvadin-3	38° 69' 00 K, 30° 96' 45 D	982 m
346	25	Türkiye/ Konya/ Beyşehir-1	37° 37' 11 K, 31° 34' 30 D	1154 m



Şekil 3.1 Göller yöresi haritası; kromozom araştırmasında kullanılan yonca (*Medicago sativa* L.) yerel popülasyonlarının toplandığı bölgeleri



a



b



c



d

Şekil 3.2 a. Yonca klonlarının saksılara aktarılması, b. Köklenmeye bırakılan yonca bitkileri, c. Saksılarda köklendirilmiş bitkilerden kök ucu alınması, d. Alınan kök uçlarının %70'lik etil alkole aktarılması

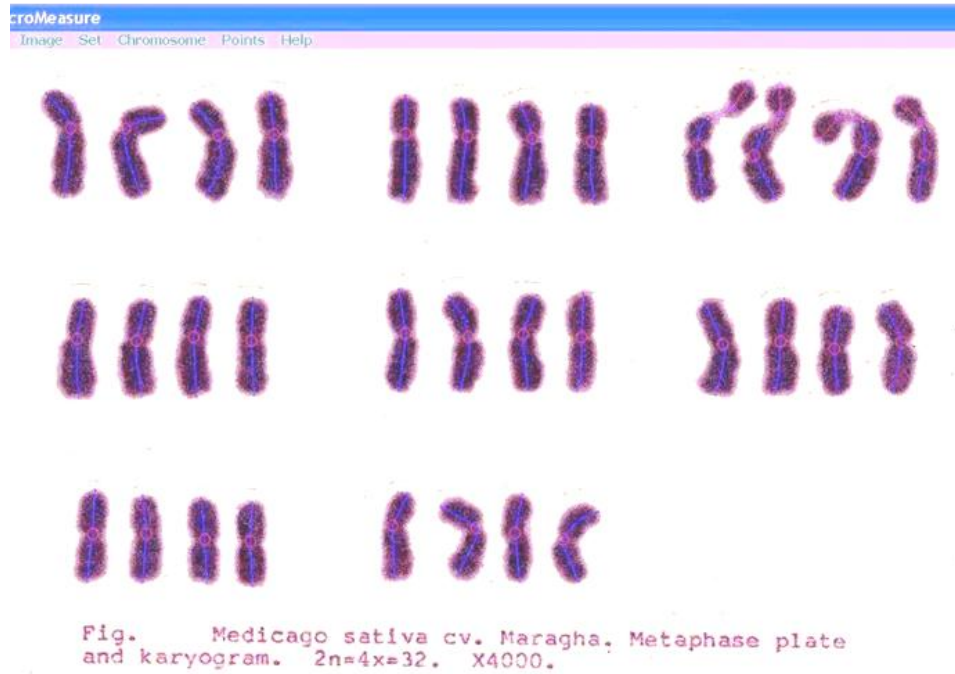
3.2.2 Karyotip analizleri

Karyotip analizleri ve kromozom ölçümlerini yapmak için, preparatlarda iyi bir dağılıma gösteren, fazla büzülmemiş, kromozom morfolojileri iyi görülebilen ve kromozomları aynı düzlemde bulunan her populasyondan en iyi 5-10 metafaz plağı fotoğrafları dijital kamera ile çekilip kullanılmıştır.

3.2.2.1 Kromozom ölçümleri ve homolog kromozomların belirlenmesi

Kromozom ölçümleri, fotoğrafları çekilen 5-10 metafaz plaka üzerinde gerçek büyütme dikkate alınarak yapılmıştır. Bu ölçümler, bir biyolojik ve sitolojik bilgisayar programı adı MicroMeasure3.3 kullanılarak gerçekleştirilmiştir (Reeves 2001). Kromozomlar ve kromozomların sentromer pozisyonları Levan vd. (1964) yöntemine göre, kromozom tipleri ise Agapova ve Grif (1982) yöntemine göre belirlenmiştir.

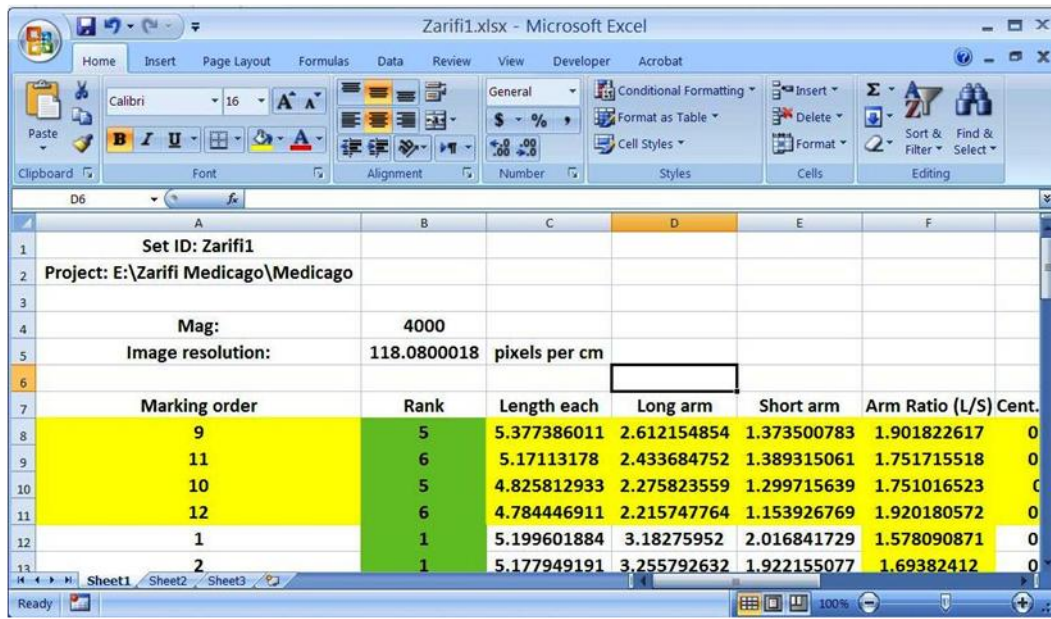
MicroMeasure 3.3 bilgisayar programı kullanılarak, kromozomlara ait özellikleri izleme için bir ekran oluşturulmuştur (Şekil 3.3).



Şekil 3.3 MicroMeasure 3.3 bilgisayar programı ile kromozom uzunlukları ve işaret yerleri belirlenmiş; Yoncanın 32 metafaz kromozomları Micromeasure3.3 ile işaretlenmiş, kromozom kolları izlenmiştir (Mavi) ve sentromerler (Kırmızı geniş daireler) işaretlenmiştir

Kromozomlara ait özellikler işaretlemeyle gerçekleştirilmiştir ve kromozomların toplam uzunluğu, kol uzunluğu, kol oranı, sentromer indeksleri vb. belirlenmiştir. Kromozom karakterleri ölçülmüş ve kantitatif veriler için Microsoft Excel tabloları hazırlanmıştır (Şekil 3.4).

Bütün veriler mikrometre biriminde (μm) elde edilmiş ve bu veriler toplandıktan sonra SPSS 16 sürümü ile istatistik analizleri ve özetlemeleri yapılmıştır ve her populasyon için ortalamaları alınarak çizelgeler halinde verilmiştir.



Marking order	Rank	Length each	Long arm	Short arm	Arm Ratio (L/S)	Cent.
9	5	5.377386011	2.612154854	1.373500783	1.901822617	0
11	6	5.17113178	2.433684752	1.389315061	1.751715518	0
10	5	4.825812933	2.275823559	1.299715639	1.751016523	0
12	6	4.784446911	2.215747764	1.153926769	1.920180572	0
1	1	5.199601884	3.18275952	2.016841729	1.578090871	0
2	1	5.177949191	3.255792632	1.922155077	1.69382412	0

Şekil 3.4 Ölçülen kromozom karakterleri kantitatif veriler şeklinde Microsoft Excel tablolarına ihraç edilmiştir

Morfometrik ölçüm ve kromozom morfolojilerine göre homolog kromozomlar belirlenmiştir. Populasyonların karyogramı, homolog kromozomlardan elde edilen verilere dayalı olarak gerçekleştirilmiştir. Yonca (*Medicago sativa* L.) $2n=2x=32$ kromozom ile autotetraploid olduğundan her homolog kromozom 2 çift olarak (4 kromozom) büyükten küçüğe doğru sırasıyla 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 ve 8 şeklinde numaralandırılmıştır. Daha sonra en büyük olan 1 numaralı homolog kromozom çiftinden başlamak üzere tüm homolog kromozomların fotoğrafları kesilerek, bir eksen üzerinde sentromer noktalarından dijital ortamda yapıştırmak suretiyle o populasyonun

karyogramı hazırlanmıştır. Aynı işlem diğer populasyonlar için tekrar edilerek tüm populasyonların karyogramları hazırlanmıştır. Populasyonların **idiogramları**, ortalama sentromerik indeksi esas alınarak hazırlanmıştır aynı zamanda kromozomların boyutu düşüş sırasına göre düzenlenmiştir.

[Levan vd. \(1964\)](#); kol indekslerini hesaplarken kromozomun uzun kolunu, kısa kola bölmüşlerdir. Böylece, kromozomların tanımında sentromerin yeri ve hangi kolun uzun kol olduğu kolayca bulunmuştur. Araştırmamızda da kromozomun uzun kol boyunun kısa kol boyuna bölünmesiyle kol indeksi hesaplanmıştır. Sentromerin yerine göre kromozomların adlandırılması [çizelge 3. 2](#)'deki gibi yapılmıştır.

Çizelge 3.2 Kromozom morfolojisinin açıklamasında [Levan vd. \(1964\)](#) tarafından önerilmiş isimlendirme

Sentromerik Pozisyonu	Kol Oranı (AR)	Kromozomun Tanımı		
Tam Orta	1	M	Atelosentrik	Metasentrik
Median Bölgesi	1-1.7	m		Submetasentrik
Submedian	1.7-3.0	sm		Subtelosentrik
Subterminal	3.0-7.0	st		Akrosentrik
Terminal Bölgesi	>7.0	t		Telosentrik
Tam Terminal	∞	T		

Bazen bir hücrede homolog kromozomların arasında uzunluk farklılıklarında görülebilmektedir. Bu farklılıklar, slayt preparatların hazırlaması sırasında eşit olmayan veya zorlayıcı baskılar nedeniyle ortaya çıkabilmektedir, muhtemelen bu da homolog olmayan kromozomlara göre daha yüksek farklılıkların ortaya çıkmasına neden olur. Bu yüzden karyotip, kromozomların düzenlenmesinde önemli bir rol oynadığından, sınıflandırmada hatalara yol açabilmektedir. Bu fenomen sınıflandırma varyasyonu (Reversal of Order) olarak adlandırılmıştır ([Mathew ve Mathew 1982](#)).

3.2.2.2 Karyotip parametrelerin ölçümleri

Karyotiplerin sayısal karakterizasyonu aşağıdaki parametreler için hesaplanmıştır;

1) Kromozom ölçümlerinde kromozomun uzun (L) ve kısa (S) kolların boyu ölçülmüştür. Bu iki kol boyunun toplamı total kromozom (T=L+S) boyu olarak alınmış, satellitleri bulunan kromozomların kol boyları ölçülürken, satellitin boyu kromozomun toplam boyuna eklenmiştir.

$$T=L+S$$

T= Total kromozom boyu

L= Uzun kol boyu

S= Kısa kol boyu

2) Her örneğin kromozom kol oranı (AR veya R); kromozom uzun kol (L) boyu kısa kol (S) boyuna bölünmek suretiyle hesaplanmıştır. AR= L/S

3) Haploid kompleman toplam kromozom boyu (TC)

4) Sentromerik indeks (CI); kromozomun kısa kol boyu (S) total boyuna (T=L+S) bölünmüş ve 100 ile çarpılarak bulunmuştur. CI= (S/L+S)×100

5) [Romero- Zarco \(1986\)](#) tarafından karyotip asimetrisinin tahmini için iki nümerik parametre önerilmiştir.

1. Karyotip asimetrisi, kromozom kollarının arasındaki ilişkilere dayalı aşağıdaki eşitliği kullanarak her numune için tahmin edilmiştir.

$$A_1 = 1 - \frac{\sum_{x=1}^n \left[\frac{S_x}{L_x} \right]}{n}$$

S_x= Her homolog kromozom çiftinde veya grubunda kısa kollara ait ortalama uzunluğu

L_x= Her homolog kromozom çiftinde veya grubunda uzun kollara ait ortalama uzunluğu

x= Kromozomunun numarası

n= Homolog kromozom çifti ya da grup sayısı

A₁ intrakromozomal asimetri (intrachromosomal asymmetry) indeksi, sıfır ile bir arasında değişmektedir. Denklem kromozomların metasentrik olma eğiliminde, düşük değerleri elde etmek amacıyla formüle edilmiştir. A₁ kromozom sayısı veya kromozom büyüklüğüne bağlı değildir.

2. Karyotip asimetrisi, farklı kromozomların boyutları arasındaki ilişkilere dayalı **Pearson dağılım katsayısı (Pearson's dispersion coefficient)** kullanılarak tahmin edilmiştir. Bu, standart sapma (Sd) ve her bir örnek için kromozom uzunluğunun ortalaması (\bar{x}) arasındaki orandır. $A_2 = \frac{Sd}{\bar{x}}$;

A_2 interkromozomal asimetri (interchromosomal asymmetry) indeksi, kromozom sayısına bağlı olmayan, kolay bir şekilde kromozom boyutunun varyasyonun tahmin edilmesini sağlamaktadır. Çünkü varyans yerine standart sapma kullanılır, A_2 indeksi kromozom boyutuna bağlı değildir ve böylece birimi yoktur.

6) [Stebbins \(1971\)](#) tarafından önerilen kategoriler, evrimsel ve karyotipik simetri durumu belirlenmesinde araştırılan populasyonlarda kullanılmaktadır (SC) ([Çizelge 3.3](#)).

Çizelge 3.3 [Stebbins \(1971\)](#) yöntemini kullanarak asimetri derecesine göre karyotip sınıflandırılması

En büyük / En küçük Kromozom Oranı	AR= L/S li Kromozomların Oranı >2:1			
	0.0	0.01-0.5	0.5-0.99	1.0
< 2:1	1A	2A	3A	4A
2:1- 4:1	1B	2B	3B	4B
> 4:1	1C	2C	3C	4C

7) Karyotip simetri belirlenmesi;

Populasyonların karyotip simetrisini incelemek ve bunlardan en simetri ve asimetri karyotipe sahip olanları ayırt etmek için aşağıda tanımlanan birçok farklı parametreler kullanılmıştır:

- Karyotipin toplam formu yüzdesi (TF%); Bir populasyonun kromozomlarının kısa kollarının toplam boyu, kromozomların toplam boyuna bölünüp 100 ile carpılmasıyla elde edilmiştir ([Huziwara 1962](#)).
- Kromozomların nispi boylarının belirlenmesi (%RL) (Relative Length of Chromosome); Kromozomların birbirleriyle ve diğer hücre kromozomlarıyla

karşılaştırılabilmesi için nispi boylarının hesaplanmasından yararlanır ve buna ek olarak karyotip simetrisi tahmin edilebilmektedir (Dennur vd. 1988),

$$\%RL = \frac{T_x}{\sum T_c} \times 100$$

T_x = Her homolog kromozom çiftinde total kromozom boyu,

T_c = Bir karyotipin kromozom toplam uzunluğu

- Nispi kromozom boyunun aralık farkı (DRL) (Difference of Range of Relative Length); Kromozomların minimum ve maksimum nispi boyları arasındaki fark olarak tanımlanmıştır .
- Varyasyon Katsayısı (CV%)
- Dağılım İndeksi (DI) (Dispersion Index); Ortalama sentromer indeksi ile kromozomların toplam uzunluğunun değişkenlik katsayısı oranı olarak tanımlanmıştır (Lavania vd. 1992).

3.2.2.3 Karyotipik verilerin analizinde kullanılan istatistiksel yöntemler

Kromozomlara ait olan özelliklerin ölçümü ve bu özelliklerin arasındaki farklılıklar, populasyonlar arasındaki farklılıkları ortaya koyabilmektedir. Böylece, farklı ekolojik koşullardan toplanan 25 yonca populasyonunun farklı özelliklerinin karşılaştırılması ve mevcut özelliklerin farklılıklarının saptanması amacıyla tesadüf parselleri deneme deseni esas alınarak faktöriyel şeklinde bir deneme düzenlenmiştir.

Burada ele alınan birinci faktör 25 yonca populasyonunun sayısı, ikinci faktör her populasyonda homolog kromozomların (8 tetrat kromozom) sayısı ve tekrar olarak da her populasyonda ölçülen metafaz sayısıdır. Populasyonların ortalama farkları Duncan testine göre tespit edildikten sonra istatistik açısından önemli bulunan populasyon ortalamaları ve her populasyona ait olan kromozomları gruplandırılmıştır. Populasyonlar içinde kromozomlara ait olan özelliklerin ikili ilişkilerinin incelenmesi için, Pearson yöntemi kullanarak korelasyon katsayıları tahmin edilmiştir. Populasyonlarda bütün kromozom uzunluğu, kromozom kısa kol uzunluğu, kromozom uzun kol uzunluğu ve kromozomların uzun kolun kısa kola olan oranı kromozom komponentleri olarak ele alınmıştır. Ayrıca bu özelliklerin ikili ilişkileri saptanmıştır.

Farklı ekolojik kořullardan toplanan bu yonca populasyonları, uzun yıllardan beri birbiriyle ayrı kořullarda yetiřtirilmelerinden dolayı kromozoma ait özelliklerde farklılıkların ortaya çıkabilmeleri de mümkündür. Böyle olunca bu populasyonlar arasında olan ilişkilerde kromozoma ait olan özelliklerden dolayı azalmaktadır. Böylece elde edilen korelasyon katsayıları toplanmış olan yonca populasyonlarının birbiriyle yakınlık ve uzaklık derecesinin göstergesidir. Aynı zamanda kromozomların morfolojik farklılıkları da, populasyonlar arasındaki uyumsuzlukları da ortaya koyabilmektedir.

Populasyonlar arasındaki karyotip parametrelerin karşılaştırılmasında SPSS 16 NTSYS-PC ve Excell 2007 istatistik programları kullanılmıştır. Rohlf (1994) tarafından geliştirilen NTSYS- PC program, matris verilerini standartlařtırmak, ortalama taksonomik mesafeyi tahminetmek ve bir phenogram oluşturmak için kullanılmıştır. Karyotip parametrelerini kullanarak UPGMA yöntemi ile Kümeleme analizi yapılmıştır.

Bu araştırma, Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümü'nün Sitoloji Laboratuvarı ve tarlasın da yürütülmüřtür.

4. ARAŞTIRMA BULGULARI

Tüm yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonlarının kromozom incelemeleri aşağıdaki Çizelge 4.1 göre; 22 lokasyon ve onlardan alınan numuneler tamamen 25 populasyon üzerinde ileri sitogenetik tekniği (Agayev Zarifi ve Fernandez 2010, Zarifi vd. 2005) kullanılarak yapılmıştır. Tüm populasyonların kromozom sayısı 32 ($2n=4x=32$) ve autotetraploid olarak tespit edilmiş ve bu bulgular diğer çalışmalarla uyum göstermiştir (Bauchan ve Hossain 1996, 1998b, 2001a, McCoy ve Echt 1992, Masoud Gill ve Johnson 1991, McCoy ve Bingham 1988, 1991, Small ve Jomphe 1989, Lesins ve Lesins 1979, Lesins ve Gillies 1972, Stanford Clement ve Bingham 1972).

Tüm populasyonlarda kromozom sayısı $2n=4x=32$ ve tetraploid olarak gözlemlenmiş ve populasyonlar arasındaki kromozom sayılarında fark görülmemiştir. Ama somatik kromozom karyotiplerinde populasyonlar arasında oldukça farklılık tespit edilmiştir (Çizelge 4.1). Populasyonlarda iki çift NOR'lu (satellitli) kromozom (kromozom 8) bulunmaktadır. Bu kromozomların %20'sinde metasentrik ve % 80'inde submetasentrik veya yaklaşık submetasentrik tipindedir. Ayrıca sekiz çift metasentrik veya submetasentrik büyük kromozom (kromozom 1-4), ve altı çift kısa metasentrik kromozom (kromozom 5-7) bulunmaktadır (Çizelge 4.1- 26). Yonca genomunda 8. kromozom NOR' lara (satellit) sahiptir ve bunlar kısa kolun üzerinde bulunmuştur. Ancak Masoud vd. (1991) tarafından yonca genomundaki NOR'ların (satellitlerin) uzun kolun üzerinde olduğu rapor edilmiştir; NOR'lu kromozomlar karyotip analizinde bir tanımlama kriteridir. Bu bulgular diğer çalışmalarla uyum göstermemiştir (Bauchan ve Campbell 1994, Bauchan ve Hossain 2001a, Bauchan ve Hossain 2001b) ve bu çalışma ilk olarak yonca bitkisinin karyotip detaylarını somatik hücrelerde gelişmiş ezme tekniğini kullanarak sunmaktadır. Bu bitkilerin genomunda iki çift (tetraploid kromozom) satellitli kromozom marker olarak gözlemlenmiş ve bu kromozomların birbirine benzer ve çift olmasından dolayı populasyonların autoteraploid oldukları belirlenmiştir.

Çizelge 4.1 Bu çalışmada araştırılan yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonlarının toplanma lokasyonları, kromozom sayıları ve karyotip formülü

No. Fiksatif	Sıra	Lokasyon	x	Kromozom sayısı (2n)	Karyotip Formülü
289	1	Türkiye/ Burdur/ Yeşilova-2	8	2n= 4x= 32	28 m+ 4 sm ^{sat}
290	2	Türkiye/ Burdur/ Yeşilova-3	8	2n= 4x= 32	20 m+ 4sm + 4~sm ^{sat} + 4sm ^{sat}
291	3	Türkiye/ Burdur/ Karamanlı-1	8	2n= 4x= 32	24 m+ 4sm+ 4 sm ^{sat}
295	4	Türkiye/ Burdur/ Tefenni-2	8	2n= 4x= 32	24 m+ 4sm+ 4 sm ^{sat}
298	5	Türkiye/ Burdur/ Ağlasun-2	8	2n= 4x= 32	20 m+ 4sm+ 4~sm ^{sat} + 4sm ^{sat}
301	6	Türkiye/ Burdur/ Bucak-2	8	2n= 4x= 32	24m+ 4~sm ^{sat} + 4~sm ^{sat} + 2B
304	7	Türkiye/ Isparta/ Eğirdir-2	8	2n= 4x= 32	28m+ 4~sm ^{sat}
307	8	Türkiye/ Isparta/ Gelendost-2	8	2n= 4x= 32	20m+ 8sm+ 4~sm ^{sat}
308	9	Türkiye/ Isparta/ Gelendost-3	8	2n= 4x= 32	20m+ 4sm+ 4~sm ^{sat} + 4m ^{sat}
310	10	Türkiye/ Isparta/ Ş. Karaağaç-2	8	2n= 4x= 32	28m + 4m ^{sat}
313	11	Türkiye/ Konya/ Hüyük-2	8	2n= 4x= 32	24m+ 4sm+ 4m ^{sat}
316	12	Türkiye/ Isparta/ Yalvaç-3	8	2n= 4x= 32	28m+ 4sm ^{sat}
318	13	Türkiye/ Konya/ Akşehir-2	8	2n= 4x= 32	28m+ 4~sm ^{sat}
322	14	Türkiye/ Isparta/ Keçiborlu-3	8	2n= 4x= 32	24m+ 4sm+ 4~sm ^{sat}
323	15	Türkiye/ Isparta/ Uluborlu-1	8	2n= 4x= 32	20m+ 8sm+ 4~sm ^{sat}
324	16	Türkiye/ Isparta/ Uluborlu-2	8	2n= 4x= 32	20m+ 4sm+ 4~sm ^{sat} + 4~sm ^{sat}
326	17	Türkiye/ Isparta/ Senirkent-2	8	2n= 4x= 32	28m+ 4~sm ^{sat}
329	18	Türkiye/ Afyon/ Sandıklı-3	8	2n= 4x= 32	24m+ 4sm+ 4~sm ^{sat}
330	19	Türkiye/ Afyon/ Dinar-1	8	2n= 4x= 32	20m+ 8sm+ 4~sm ^{sat}
331	20	Türkiye/ Afyon/ Dinar-2	8	2n= 4x= 32	20m+ 8sm+ 4m ^{sat}
334	21	Türkiye/ Afyon/ Şuhut-2	8	2n= 4x= 32	24m+ 4sm+ 4sm ^{sat}
337	22	Türkiye/ Afyon/ Çay-2	8	2n= 4x= 32	24m+ 4sm+ 4m ^{sat}
339	23	Türkiye/ Afyon/ Sultandağı-1	8	2n= 4x= 32	28m+ 4sm ^{sat}
343	24	Türkiye/ Afyon/ Bolvadin-3	8	2n= 4x= 32	28m+ 4~sm ^{sat}
346	25	Türkiye/ Konya/ Beyşehir-1	8	2n= 4x= 32	24m+ 4~sm+ 4sm ^{sat}

4.1 Yonca (*Medicago sativa* L.) Populasyonlarının Karyotip Özellikleri

Populasyonlar, toplanan bölgelere göre isimlendirilmiş ve aşağıdaki gibi sırayla karyotip ayrıntıları verilmiştir.

4.1.1 Yeşilova-2 populasyonunun karyotipi özellikleri

Yeşilova-2 bölgesinden toplanan yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip analizinde, somatik kromozom sayısı $2n=4x=32$ olarak tespit edilmiştir (Şekil 4.2). Temel kromozom sayısı veya genomu $x=8$ ve autotetraploid olduğundan dolayı karyotipi dörtlü homolog kromozom (8 tetrat kromozom) olarak biçimlendirilmiştir. En küçük kromozom $2.26 \pm 0.03 \mu\text{m}$, en büyük kromozom ise $3.11 \pm 0.08 \mu\text{m}$ uzunluğundadır ve dört satellit veya Nükleer Organizatör Bölgesine sahip oldukları net bir şekilde belirlenmiştir (Şekil 4.1, 4.2). Haploit total kromozom uzunluğu $21.15 \mu\text{m}$ ve ortalama kromozom uzunluğu karyotip içinde $2.64 \pm 0.03 \mu\text{m}$ 'dir. 8. kromozom hariç bütün kromozomlar, metasentrik tipindedir. Kromozomların nispi boylarının 10.68-14.70 arasında değiştiği tespit edilmiştir (Çizelge 4.2). Her kromozom için ayrıntılı bilgiler aşağıda verilmiştir.

Kromozom 1: Total uzunluğu $2.97 \pm 0.04 \mu\text{m}$ ve kol oranı $1.44 \pm 0.04 \mu\text{m}$ 'dir. Sentromerin yerine bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 14.04'dir.

Kromozom 2: $2.76 \pm 0.03 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.31 ± 0.05 'dir ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu ise 13.04'dir.

Kromozom 3: $2.63 \pm 0.04 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.46 ± 0.08 'dir ve kol oranına göre metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 12.42'dir.

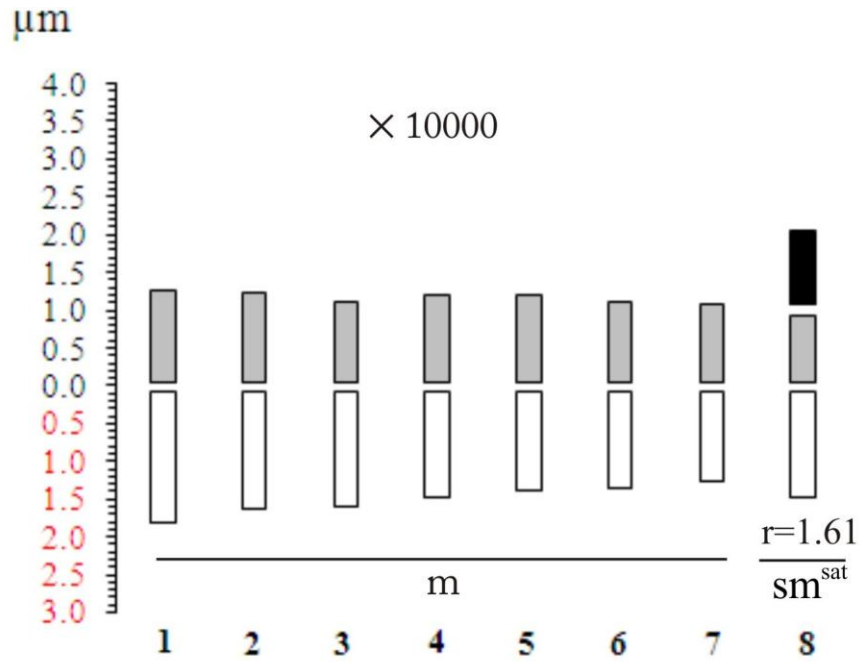
Kromozom 4: $2.57 \pm 0.04 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.23 ± 0.05 'dir ve kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.13'dir.

Kromozom 5: $2.49 \pm 0.04 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.13 ± 0.05 'dir. Kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 11.76'dir.

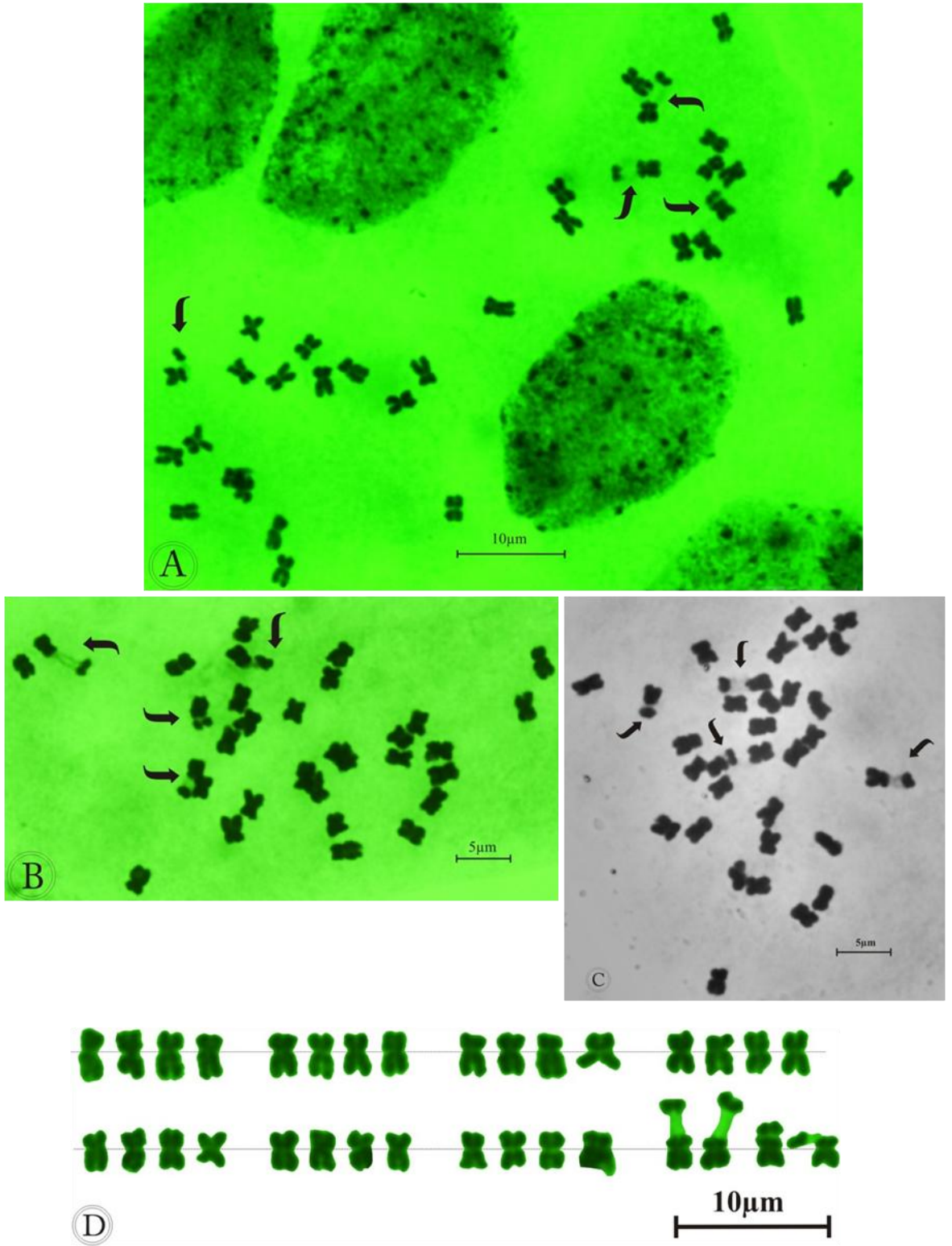
Kromozom 6: Boyu $2.37 \pm 0.03 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı ise 1.23 ± 0.06 'dür ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 11.21'dir.

Kromozom 7: Boyu $2.26 \pm 0.03 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı 1.17 ± 0.04 'dur ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 10.68'dir.

Kromozom 8: En uzun kromozom olarak boyu $3.11 \pm 0.08 \mu\text{m}$ ve kol oranı 1.61 ± 0.06 'dür. Kol oranına bağlı olarak metasentrik veya submetasentrik tipte bir kromozomdur ve tüm homologların kısa kollarında satellit (NOR) bulunmaktadır ve ortalama satellitin boyu ise $0.97 \mu\text{m}$ 'dir. Nispi boyu 14.70'dir.



Şekil 4.1 Yeşilova-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik



Şekil 4.2 A, B, C: Yeşilova-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, D: karyogram, A plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir

Çizelge 4.2 Yeşilova-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip verileri

Çift No	Total (L+S) µm	Uzun kol(L) µm	Kısa kol (S) µm	Kol Oranı (AR=L/S)	CI (S*100/(L+S))	Sat	Tip	L%	S%	RL%
1	2.97± 0.04	1.75± 0.02	1.22± 0.03	1.44± 0.04	41	-	m	8.25	5.78	14.04
2	2.76± 0.03	1.56± 0.03	1.20± 0.03	1.31± 0.05	43	-	m	7.38	5.66	13.04
3	2.63± 0.04	1.55± 0.05	1.08± 0.03	1.46± 0.08	41	-	m	7.32	5.11	12.42
4	2.57± 0.04	1.41± 0.03	1.15± 0.03	1.23± 0.05	45	-	m	6.67	5.46	12.13
5	2.49± 0.04	1.31± 0.03	1.17± 0.03	1.13± 0.05	47	-	m	6.21	5.54	11.76
6	2.37± 0.03	1.30± 0.03	1.07± 0.03	1.23± 0.06	45	-	m	6.14	5.07	11.21
7	2.26± 0.03	1.21± 0.02	1.04± 0.03	1.17± 0.04	46	-	m	5.74	4.94	10.68
8	3.11± 0.08	1.41± 0.07	0.88± 0.05	1.61± 0.06	29	0.97	~sm	6.67	8.75	14.70
Ortalama	2.64± 0.03	1.44± 0.02	1.10± 0.02	1.32± 0.02						
Toplam (TC)	21.15							54.38	46.30	

Kromozom formülü: $2n=4x=32= 28 m + 4 sm^{sat}$, $SC= 2A$, $A_1= 0.226$, $A_2= 0.107$

L: Kromozom uzun kol uzunluğu (µm), **S:** Kromozomun kısa kol uzunluğu (µm), **CI:** Sentromer indeksi, (**m:** Metasentrik, **sm:** Submetasentrik); **Levan vd. (1964)**'a göre sentromer tipi, **Sat:** Satelit, **SC=** Simetri sınıflaması (**Stebbins (1971)** 2A, Asimetri indeksi: $A_1= 0.226$ ve $A_2=0.107$, **Romero-Zarco (1986)**'ya göre, **N:** Karyotip belirlemede kullanılan mitotik metafaz sayısı, **L%** ve **S%:** Her bir kromozom için her kolun ne oranda olduğunu gösteren indeksler, **RL%:** Göreli kromozom boyları 10.68- 14.70 arasında değişmektedir.

4.1.2 Yeşilova-3 populasyonunun karyotip özellikleri

Yeşilova-3 bölgesinden toplanan yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip analizinde, kromozom sayısı $2n=4x=32$ olarak tespit edilmiştir (Şekil 4.4). Temel kromozom sayısı veya genomu $x=8$ ve autotetraploid olduğundan dolayı karyotipi dörtlü homolog kromozom (8 tetrat kromozom) biçimlendirilmiştir. En küçük kromozom $2.21 \pm 0.08 \mu\text{m}$, en büyük kromozom ise $2.85 \pm 0.12 \mu\text{m}$ uzunluğundadır ve dört satellit veya Nükleer Organizatör Bölgesine sahip oldukları net bir şekilde belirlenmiştir (Şekil 4.3, 4.4). Haploit kromozom uzunluğu $20.47 \mu\text{m}$ 'dir. Kromozom 1 ve kromozom 8 submetasentrik tipinde ve diğerleri ise metasentriktir. Kromozomların nispi boyları 10.77- 13.93 arasındadır ve ortalama kromozom uzunluğu bu populasyonunda $2.56 \pm 0.04 \mu\text{m}$ 'dir (Çizelge 4.3). Her kromozom için ayrıntılı bilgiler aşağıda verilmiştir.

Kromozom 1: $2.85 \pm 0.11 \mu\text{m}$ boyundadır ve kol oranı $1.71 \pm 0.06 \mu\text{m}$ 'dir. Sentromerin yerine bağlı olarak submetasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 13.91'dir.

Kromozom 2: $2.71 \pm 0.10 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.23 ± 0.04 'dir ve buna metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu ise 13.23' dir.

Kromozom 3: $2.60 \pm 0.11 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.27 ± 0.06 'dir ve kol oranına göre metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 12.71'dir.

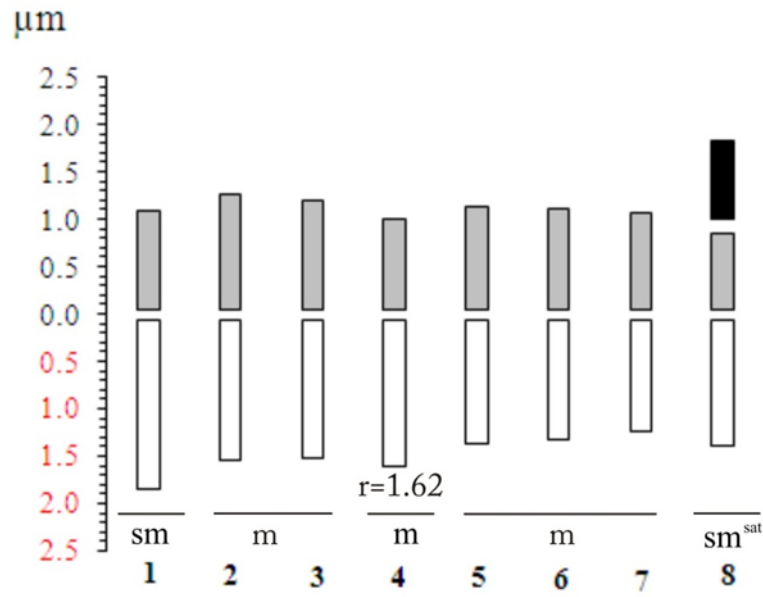
Kromozom 4: $2.52 \pm 0.07 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.62 ± 0.05 'dir ve kol oranına göre metasentrik veya submetasentrike yakın tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.32'dir.

Kromozom 5: $2.41 \pm 0.06 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.23 ± 0.07 'dir. Kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 11.78'dir.

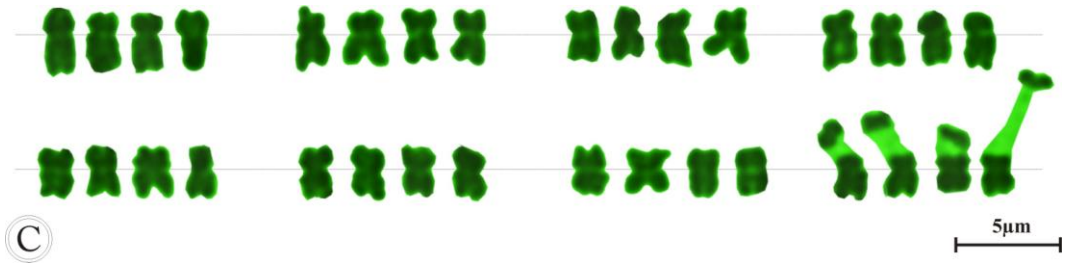
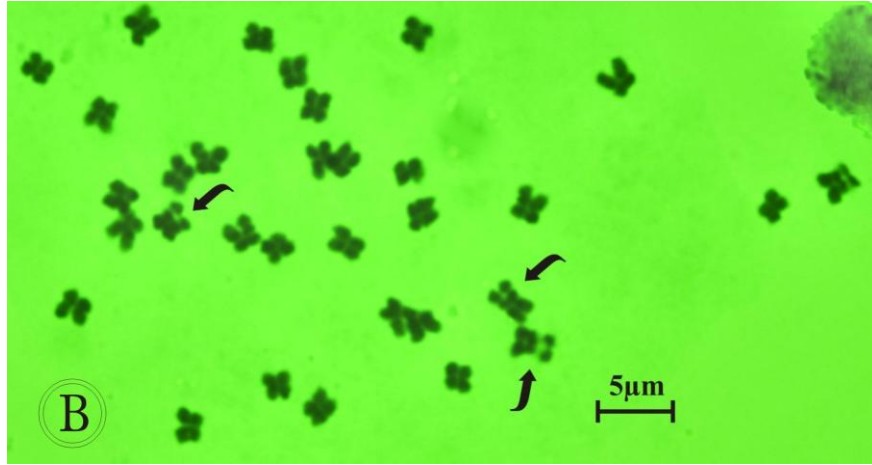
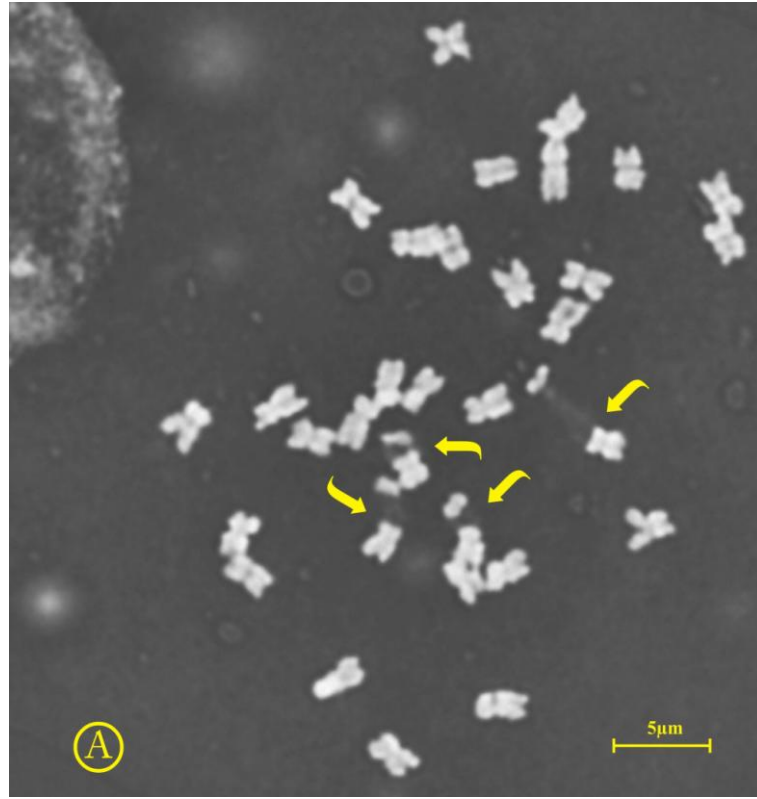
Kromozom 6: Boyu $2.32 \pm 0.07 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı ise 1.21 ± 0.05 'dür ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 11.34'dir.

Kromozom 7: Boyu $2.21 \pm 0.08 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı 1.13 ± 0.03 'dur ve metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 10.77'dir.

Kromozom 8: En uzun kromozom olarak boyu $2.85 \pm 0.12 \mu\text{m}$ ve kol oranı 1.66 ± 0.06 'dür. Kol oranına bağlı olarak submetasentrik tipte bir kromozomdur ve kromozomların kısa kollarında satellit (NOR) bulunmaktadır. Nispi boyu 13.93'dir.



Şekil 4.3 Yeşilova-3 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik



Şekil 4.4 A, B: Yeşilova-3 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, C: karyogram, A plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir

Çizelge 4.3 Yeşilova-3 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip verileri

Çift No	Total (L+S) µm	Uzun kol(L) µm	Kısa kol (S) µm	Kol Oranı (AR=L/S)	CI (S*100/(L+S))	Sat	Tip	L%	S%	RL%
1	2.85± 0.11	1.80± 0.08	1.05± 0.03	1.71± 0.06	37	-	sm	8.77	5.14	13.91
2	2.71± 0.10	1.49± 0.06	1.22± 0.05	1.23± 0.04	45	-	m	7.28	5.95	13.23
3	2.60± 0.11	1.45± 0.08	1.15± 0.04	1.27± 0.06	44	-	m	7.10	5.61	12.71
4	2.52± 0.07	1.56± 0.05	0.97± 0.03	1.62± 0.05	38	-	~sm	7.61	4.71	12.32
5	2.41± 0.06	1.31± 0.02	1.10± 0.05	1.23± 0.07	45	-	m	6.41	5.37	11.78
6	2.32± 0.07	1.26± 0.04	1.06± 0.04	1.21± 0.05	46	-	m	6.17	5.17	11.34
7	2.21± 0.08	1.17± 0.05	1.04± 0.04	1.13± 0.03	47	-	m	5.72	5.06	10.77
8	2.85± 0.12	1.34± 0.05	0.82± 0.05	1.66± 0.06	29	0.82	~sm	6.56	8.01	13.93
Ortalama	2.56± 0.04	1.42± 0.03	1.05± 0.02	1.38± 0.03						
Toplam (TC)	20.47							55.62	45.02	

Kromozom formülü: $2n=4x=32= 20 m + 4sm + 4\sim sm + 4 sm^{sat}$, **SC**= 2B, **A**₁= 0.251, **A**₂= 0.096

L: Kromozom uzun kol uzunluğu (µm), **S**: Kromozomun kısa kol uzunluğu (µm), **CI**: Sentromer indeksi, (**m**: Metasentrik, **sm**: Submetasentrik); **Levan vd. (1964)**'a göre sentromer tipi, **Sat**: Satelit, **SC**= Simetri sınıflaması (**Stebbins (1971)** 2A, Asimetri indeksi: **A**₁= 0.251 ve **A**₂=0.096, **Romero-Zarco (1986)**'ya göre, **N**: Karyotip belirlemede kullanılan mitotik metafaz sayısı, **L%** ve **S%**: Her bir kromozom için her kolun ne oranda olduğunu gösteren indeksler, **RL%**: Görelî kromozom boyları 10.77- 13.93 arasında değişmekte.

4.1.3 Karamanlı-1 populasyonunun karyotip özellikleri

Karamanlı-1 bölgesinden toplanan yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip analizinde, kromozom sayısı $2n=4x=32$ olarak tespit edilmiştir (Şekil 4.6). Temel kromozom sayısı veya genomu $x=8$ ve autotetraploid olduğundan dolayı karyotipi dörtlü homolog kromozom (8 tetrat kromozom) şeklinde biçimlendirilmiştir. En küçük kromozom 3.04 ± 0.09 μm , en büyük kromozom ise 4.43 ± 0.15 μm uzunluğundadır. 8. Kromozomda dört satellit veya Nükleer Organizatör Bölgesine sahip oldukları net bir şekilde belirlenmiştir (Şekil 4.5, 4.6). Haploit kromozom uzunluğu 29.51 μm 'dir. Kromozom 2 ve kromozom 8 submetasentrik tipinde ve diğerleri ise metasentriktir. Kromozomların nispi boyları 10.29- 15.01 arasında değişmektedir ve ortalama kromozom uzunluğu bu populasyonunda 3.69 ± 0.06 μm 'dir (Çizelge 4.4). Her kromozom için ayrıntılı bilgiler aşağıda verilmiştir.

Kromozom 1: En uzun kromozom olarak boyu 4.43 ± 0.15 μm ve kol oranı 1.28 ± 0.05 μm 'dir. Sentromerin yerine bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 15.01'dir.

Kromozom 2: 4.06 ± 0.12 μm boyundadır. Kol oranı **1.74 ± 0.04**'dir ve buna bağlı olarak submetasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu ise 13.74' dir.

Kromozom 3: 3.85 ± 0.09 μm boyundadır. Kol oranı 1.40 ± 0.04 olup metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 13.03'dir.

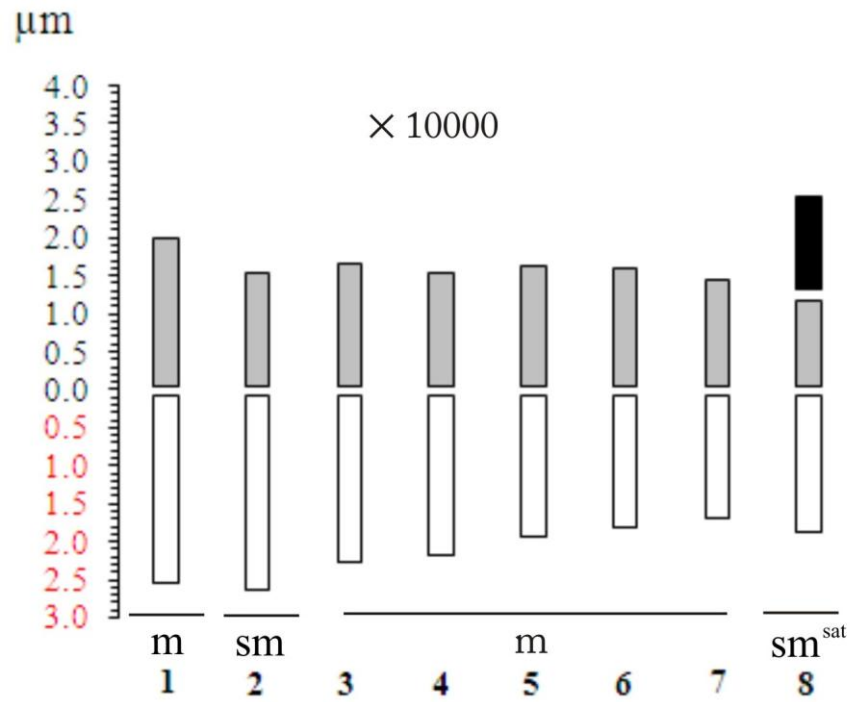
Kromozom 4: 3.61 ± 0.11 μm boyundadır. Kol oranı 1.42 ± 0.04 'dir ve kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.23'dir.

Kromozom 5: 3.46 ± 0.12 μm boyundadır. Kol oranı 1.20 ± 0.05 'dir. Kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 11.72'dir.

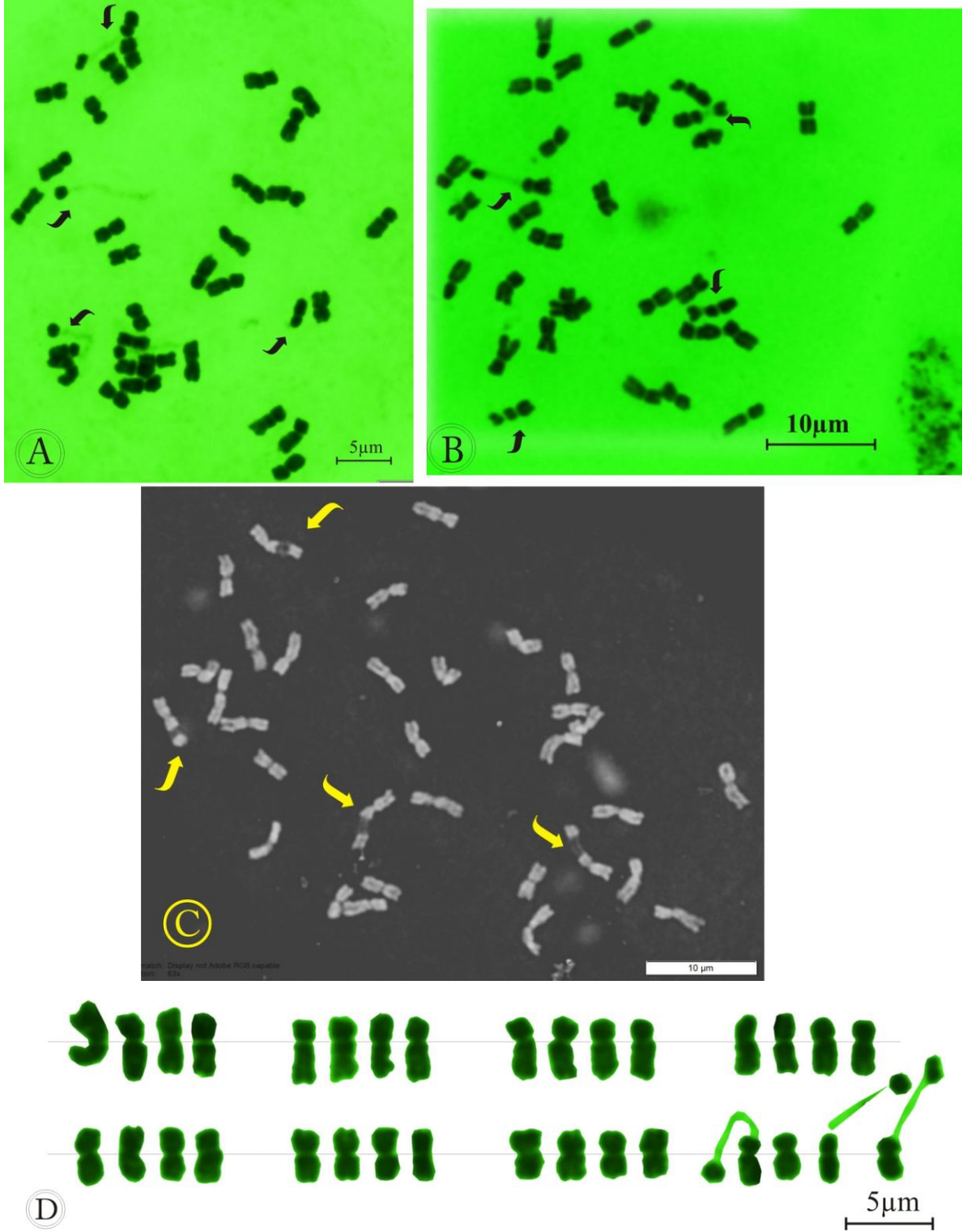
Kromozom 6: Boyu 3.30 ± 0.09 μm 'dir. Kol oranı ise 1.11 ± 0.03 'dür ve metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 11.18'dir.

Kromozom 7: Boyu $3.04 \pm 0.09 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı 1.16 ± 0.04 'dur metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 10.29'dir.

Kromozom 8: Boyu $3.77 \pm 0.24 \mu\text{m}$ ve kol oranı 1.62 ± 0.07 'dür. Kol oranına bağlı olarak metasentrik veya submetasentrik tipte bir kromozomdur ve tüm homologların kısa kollarında satellit (NOR) bulunmaktadır ve satellitin ortalama boyu ise $1.2 \mu\text{m}$ 'dir. Nispi boyu 12.78'dir.



Şekil 4.5 Karamanlı-1 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun haploid Idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik



Şekil 4.6 A, B, C: Karamanlı-1 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, D: karyogram, A plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir

Çizelge 4.4 Karamanlı-1 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip verileri

Çift No	Total (L+S) µm	Uzun kol(L) µm	Kısa kol (S) µm	Kol Oranı (AR=L/S)	CI (S*100/(L+S))	Sat	Tip	L%	S%	RL%
1	4.43± 0.15	2.48± 0.09	1.96± 0.09	1.28± 0.05	44	-	m	8.38	6.63	15.01
2	4.06± 0.12	2.57± 0.08	1.49± 0.05	1.74± 0.04	37	-	sm	8.71	5.03	13.74
3	3.85± 0.09	2.22± 0.06	1.63± 0.07	1.40± 0.08	42	-	m	7.52	5.52	13.04
4	3.61± 0.11	2.12± 0.08	1.49± 0.05	1.42± 0.04	41	-	m	7.18	5.06	12.23
5	3.46± 0.12	1.88± 0.07	1.58± 0.06	1.20± 0.05	46	-	m	6.38	5.34	11.72
6	3.30± 0.09	1.74± 0.06	1.56± 0.03	1.11± 0.03	47	-	m	5.89	5.28	11.18
7	3.04± 0.09	1.63± 0.06	1.41± 0.04	1.16± 0.04	46	-	m	5.51	4.78	10.29
8	3.77± 0.24	1.83± 0.07	1.14± 0.04	1.62± 0.07	31	1.2	~sm	6.18	7.92	12.78
Ortalama	3.69± 0.06	2.06± 0.04	1.53± 0.03	1.37± 0.03						
Toplam (TC)	29.51							55.75	45.57	

Kromozom formülü: $2n=4x=32= 24 m + 4sm + 4 sm^{sat}$, **SC**= 2B, **A**₁= 0.245, **A**₂= 0.118

L: Kromozom uzun kol uzunluğu (µm), **S**: Kromozomun kısa kol uzunluğu (µm), **CI**: Sentromer indeksi, (**m**: Metasentrik, **sm** : Submetasentrik); **Levan vd. (1964)**'a göre sentromer tipi, **Sat**: Satelit, **SC**= Simetri sınıflaması (**Stebbins (1971)** 2A, Asimetri indeksi: **A**₁= 0.245 ve **A**₂=0.118, **Romero-Zarco (1986)**'ya göre, **N**: Karyotip belirlemede kullanılan mitotik metafaz sayısı, **L%** ve **S%**: Her bir kromozom için her kolun ne oranda olduğunu gösteren indeksler, **RL%**: Göreli kromozom boyları 10.29- 15.01 arasında değişmekte.

4.1.4 Tefenni-2 populasyonunun karyotip özellikleri

Tefenni-2 bölgesinden toplanan yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip analizinde, kromozom sayısı $2n=4x=32$ olarak tespit edilmiştir (Şekil 4.8). Temel kromozom sayısı veya genomu $x=8$ ve autotetraploid olduğundan dolayı karyotipi dördümlü homolog kromozom (8 tetrat kromozom) şeklinde biçimlendirilmiştir. En küçük kromozom $3.61 \pm 0.15 \mu\text{m}$, en büyük kromozom ise $4.89 \pm 0.25 \mu\text{m}$ uzunluğundadır. 8. Kromozomda dört satellit veya Nükleer Organizatör Bölgesine sahip oldukları net bir şekilde belirlenmiştir (Şekil 4.7, 4.8). Haploit kromozom uzunluğu $34.19 \mu\text{m}$ 'dir. Kromozom 3 ve kromozom 8 submetasentrik tipinde ve diğerleri ise metasentriktir. Kromozomların nispi boyları 10.56- 14.29 arasında değişmektedir ve ortalama kromozom uzunluğu bu populasyonda $4.27 \pm 0.08 \mu\text{m}$ 'dir (Çizelge 4.5). Her kromozom için ayrıntılı bilgiler aşağıda verilmiştir.

Kromozom 1: En uzun kromozom olarak boyu $4.89 \pm 0.25 \mu\text{m}$ ve kol oranı $1.25 \pm 0.09 \mu\text{m}$ 'dir. Sentromerin yerine bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 14.29'dir.

Kromozom 2: $4.57 \pm 0.20 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.32 ± 0.07 'dir ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu ise 13.36'dir.

Kromozom 3: $4.53 \pm 0.22 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.71 ± 0.07 'dir ve kol oranına göre submetasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 13.25'dir.

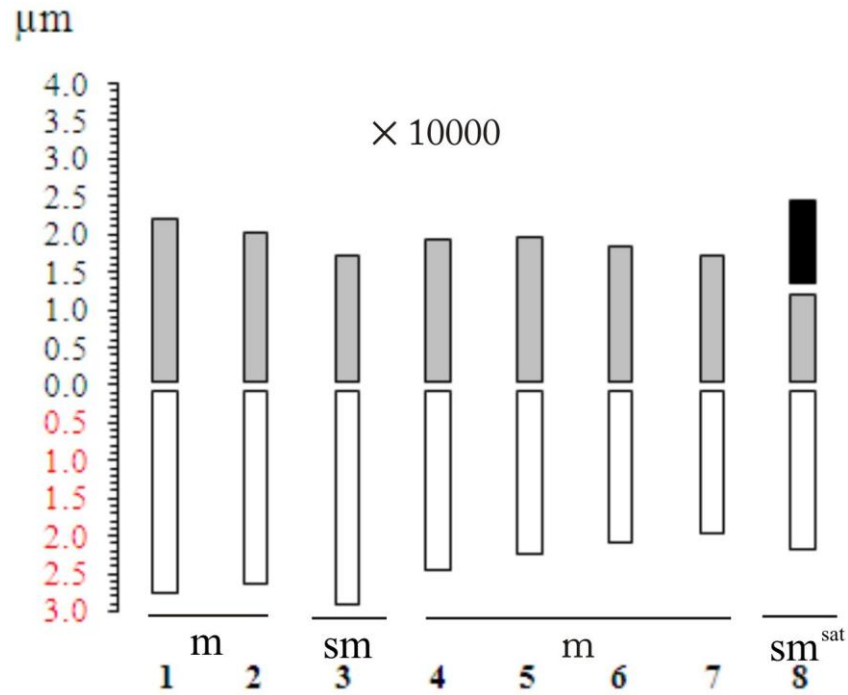
Kromozom 4: $4.28 \pm 0.17 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.28 ± 0.05 'dir ve kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.53'dir.

Kromozom 5: $4.08 \pm 0.17 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.14 ± 0.03 'dir. Kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 11.95'dir.

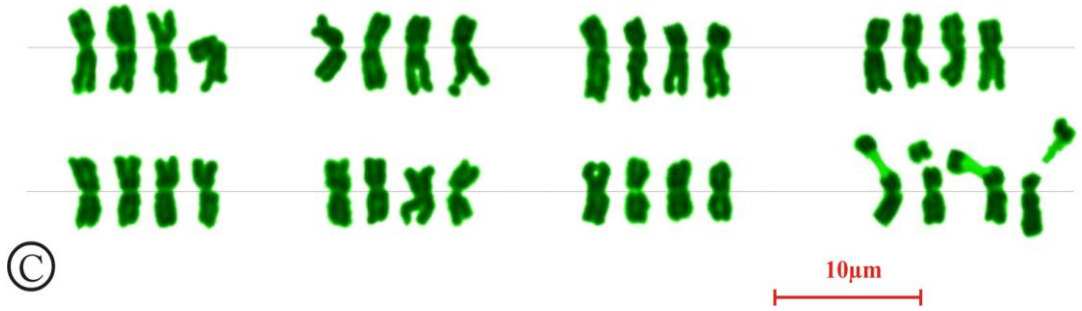
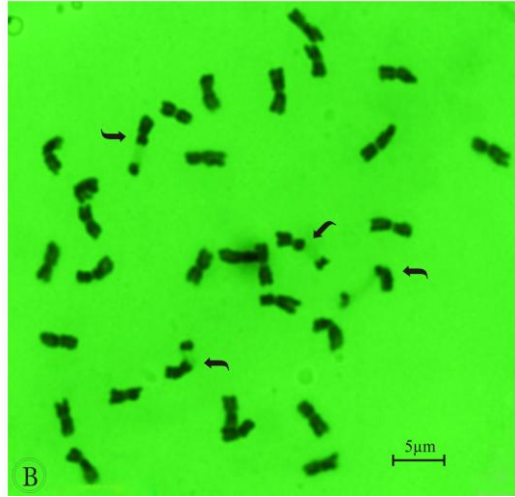
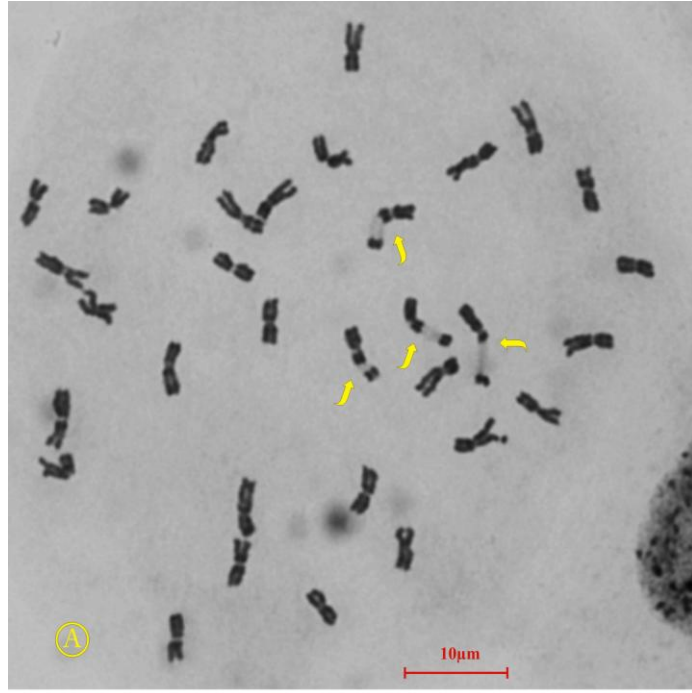
Kromozom 6: Boyu $3.84 \pm 0.14 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı ise 1.14 ± 0.03 'dür ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 11.23'dir.

Kromozom 7: Boyu $3.61 \pm 0.15 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı 1.14 ± 0.04 'dur ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 10.56'dir.

Kromozom 8: Boyu $4.39 \pm 0.19 \mu\text{m}$ ve kol oranı 1.82 ± 0.15 'dür. Kol oranına bağlı olarak submetasentrik tipte bir kromozomdur ve tüm homologların kısa kollarında satellit (NOR) bulunmaktadır ve ortalama satellitin boyu ise $1.10 \mu\text{m}$ 'dir. Nispi boyu 12.84'dir.



Şekil 4.7 Tefenni-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik



Şekil 4.8 A, B: Tefenni-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, C: karyogram, A plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir

Çizelge 4.5 Tefenni-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip verileri

Çift No	Total (L+S) µm	Uzun kol(L) µm	Kısa kol (S) µm	Kol Oranı (AR=L/S)	CI (S*100/(L+S))	Sat	Tip	L%	S%	RL%
1	4.89± 0.25	2.70± 0.19	2.18± 0.11	1.25± 0.09	45	-	m	7.91	6.38	14.29
2	4.57± 0.20	2.59± 0.13	1.98± 0.11	1.32± 0.07	43	-	m	7.56	5.80	13.36
3	4.53± 0.22	2.86± 0.16	1.67± 0.07	1.71± 0.07	37	-	sm	8.37	4.88	13.25
4	4.28± 0.17	2.39± 0.10	1.89± 0.09	1.28± 0.05	44	-	m	7.00	5.53	12.53
5	4.08± 0.17	2.17± 0.09	1.91± 0.09	1.14± 0.03	47	-	m	6.36	5.59	11.95
6	3.84± 0.14	2.04± 0.08	1.80± 0.07	1.14± 0.03	47	-	m	5.96	5.27	11.23
7	3.61± 0.15	1.92± 0.07	1.69± 0.08	1.14± 0.04	47	-	m	5.60	4.96	10.56
8	4.39± 0.19	2.12± 0.16	1.17± 0.06	1.82± 0.15	27	1.10	sm	6.19	6.65	12.84
Ortalama	4.27± 0.08	2.35± 0.06	1.79± 0.05	1.35± 0.04						
Toplam (TC)	34.19							54.95	45.05	

Kromozom formülü: $2n=4x=32= 24 m + 4sm + 4 sm^{sat}$, $SC= 2B$, $A_1= 0.230$, $A_2= 0.098$

L: Kromozom uzun kol uzunluğu (µm), **S:** Kromozomun kısa kol uzunluğu (µm), **CI:** Sentromer indeksi, (**m:** Metasentrik, **sm :** Submetasentrik); **Levan vd. (1964)**'a göre sentromer tipi, **Sat:** Satelit, **SC=** Simetri sınıflaması (**Stebbins (1971)** 2A, Asimetri indeksi: $A_1= 0.230$ ve $A_2=0.098$, **Romero-Zarco (1986)**'ya göre, **N:** Karyotip belirlemede kullanılan mitotik metafaz sayısı, **L%** ve **S%:** Her bir kromozom için her kolun ne oranda olduğunu gösteren indeksler, **RL%:** Göreli kromozom boyları 10.56- 14.29 arasında değişmekte.

4.1.5 Ağlasun-2 populasyonunun karyotip özellikleri

Ağlasun-2 bölgesinden toplanan yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip analizinde, kromozom sayısı $2n=4x=32$ olarak tespit edilmiştir (Şekil 4.10). Temel kromozom sayısı veya genomu $x=8$ ve autotetraploid olduğundan dolayı karyotipi dörtlü homolog kromozom (8 tetrat kromozom) şeklinde biçimlendirilmiştir. En küçük kromozom $2.88 \pm 0.08 \mu\text{m}$, en büyük kromozom ise $4.01 \pm 0.12 \mu\text{m}$ uzunluğundadır. 8. Kromozomun dört satellit veya Nükleer Organizatör Bölgesine sahip oldukları net bir şekilde belirlenmiştir (Şekil 4.9, 4.10). Haploit kromozom uzunluğu $28.31 \mu\text{m}$ 'dir. Kromozom 2 ve kromozom 8 submetasentrik tipinde ve diğerleri ise metasentriktir. Kromozomların nispi boyları 10.17- 14.16 arasında değişmektedir ve ortalama kromozom uzunluğu bu populasyonda $3.54 \pm 0.05 \mu\text{m}$ 'dir (Çizelge 4.6). Her kromozom için ayrıntılı bilgiler aşağıda verilmiştir.

Kromozom 1: En uzun kromozom olarak boyu $4.01 \pm 0.12 \mu\text{m}$ ve kol oranı $1.34 \pm 0.05 \mu\text{m}$ 'dir. Sentromerin yerine bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 14.16'dir.

Kromozom 2: $3.96 \pm 0.08 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.89 ± 0.10 'dir ve buna bağlı olarak submetasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu ise 13.99'dir.

Kromozom 3: $3.80 \pm 0.05 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.63 ± 0.06 'dir ve kol oranına göre metasentrik veya submetasentrike yakın tipte kromozomdur. Nispi boyu 13.44'dir.

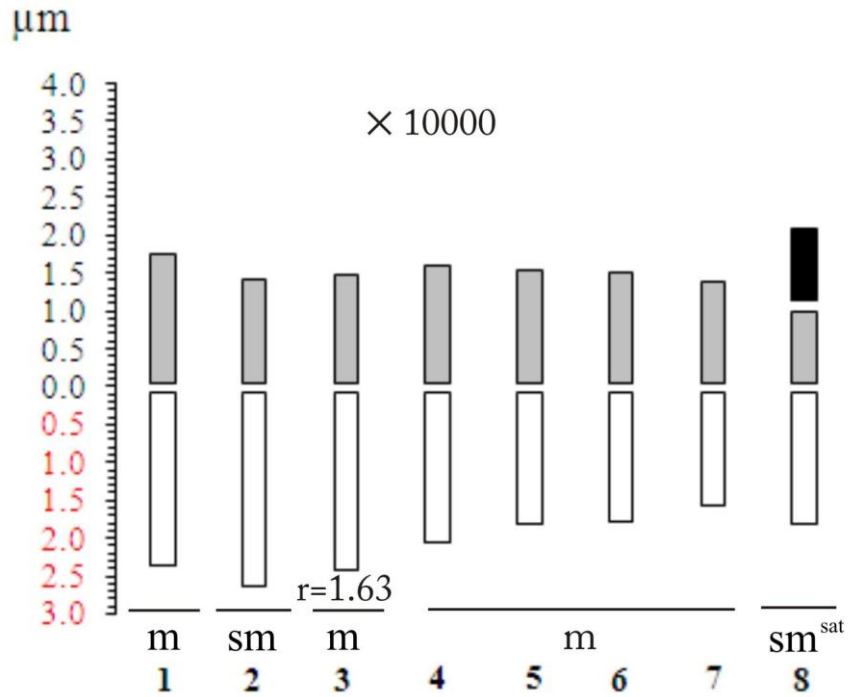
Kromozom 4: $3.54 \pm 0.03 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.29 ± 0.07 'dir ve kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.51'dir.

Kromozom 5: $3.25 \pm 0.03 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.17 ± 0.04 'dir. Kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 11.50'dir.

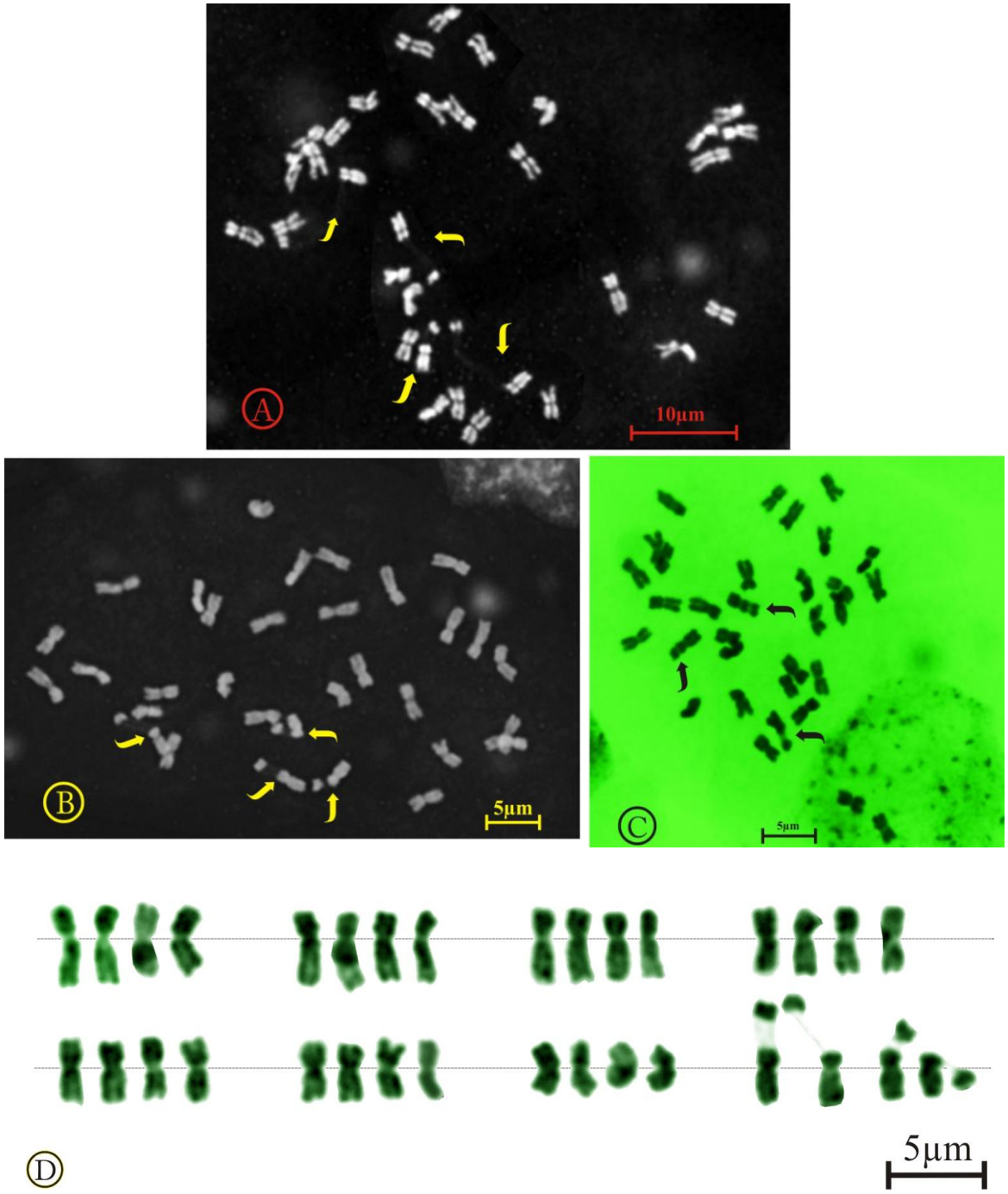
Kromozom 6: Boyu $3.19 \pm 0.03 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı ise 1.19 ± 0.05 'dür ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 11.28'dir.

Kromozom 7: Boyu $2.88 \pm 0.08 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı 1.12 ± 0.04 'dur ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 10.17'dir.

Kromozom 8: Boyu $3.66 \pm 0.06 \mu\text{m}$ ve kol oranı 1.87 ± 0.05 'dür. Kol oranına bağlı olarak submetasentrik tipte bir kromozomdur ve tüm homologların kısa kollarında satellit (NOR) bulunmaktadır ve ortalama satellitin boyu ise $0.95 \mu\text{m}$ 'dir. Nispi boyu 12.94'dir.



Şekil 4.9 Ağlasun-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik



Şekil 4.10 A, B, C: Ağlasun-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, D: karyogram, B plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir

Çizelge 4.6 Ağlasun-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip verileri

Çift No	Total (L+S) µm	Uzun kol(L) µm	Kısa kol (S) µm	Kol Oranı (AR=L/S)	CI (S*100/(L+S))	Sat	Tip	L%	S%	RL%
1	4.01± 0.12	2.29± 0.08	1.72± 0.07	1.34± 0.05	43	-	m	8.08	6.09	14.16
2	3.96± 0.08	2.58± 0.05	1.38± 0.06	1.89± 0.10	35	-	sm	9.11	4.88	13.99
3	3.80± 0.05	2.36± 0.06	1.45± 0.03	1.63± 0.06	38	-	~sm	8.32	5.12	13.44
4	3.54± 0.03	1.98± 0.05	1.56± 0.05	1.29± 0.07	44	-	m	7.01	5.50	12.51
5	3.25± 0.03	1.75± 0.02	1.50± 0.04	1.17± 0.04	46	-	m	6.19	5.31	11.50
6	3.19± 0.03	1.73± 0.03	1.46± 0.04	1.19± 0.05	46	-	m	6.11	5.17	11.28
7	2.88± 0.08	1.52± 0.03	1.36± 0.05	1.12± 0.04	47	-	m	5.36	4.81	10.17
8	3.66± 0.06	1.76± 0.04	0.95± 0.04	1.87± 0.05	26	0.95	sm	6.22	6.72	12.94
Ortalama	3.54± 0.05	2.00± 0.05	1.42± 0.03	1.44± 0.04						
Toplam (TC)	28.31							56.40	43.59	

Kromozom formülü: $2n=4x=32= 20m + 4sm + \sim 4sm + 4sm^{sat}$, **SC**= 2B, **A**₁= 0.271, **A**₂= 0.115

L: Kromozom uzun kol uzunluğu (µm), **S**: Kromozomun kısa kol uzunluğu (µm), **CI**: Sentromer indeksi, (**m**: Metasentrik, **sm** : Submetasentrik); **Levan vd. (1964)**'a göre sentromer tipi, **Sat**: Satelit, SC= Simetri sınıflaması (**Stebbins (1971)** 2A, Asimetri indeksi: **A**₁= 0.271 ve **A**₂=0.115, **Romero-Zarco (1986)**'ya göre, **N**: Karyotip belirlemede kullanılan mitotik metafaz sayısı, **L%** ve **S%**: Her bir kromozom için her kolun ne oranda olduğunu gösteren indeksler, **RL%**: Göreli kromozom boyları 10.17- 14.16 arasında değişmekte.

4.1.6 Bucak-2 populasyonunun karyotip özellikleri

Bucak-2 bölgesinden toplanan yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip analizinde, kromozom sayısı $2n=4x=32$ olarak tespit edilmiştir (Şekil 4.12). Temel kromozom sayısı veya genomu $x=8$ ve autotetraploid olduğundan dolayı karyotipi dörtlü homolog kromozom (8 tetrat kromozom) şeklinde biçimlendirilmiştir. En küçük kromozom $2.49 \pm 0.10 \mu\text{m}$, en büyük kromozom ise $3.52 \pm 0.12 \mu\text{m}$ uzunluğundadır. 8. kromozomun dört satellit veya Nükleer Organizatör Bölgesine sahip oldukları net bir şekilde belirlenmiştir (Şekil 4.11, 4.12). Haploit kromozom uzunluğu $25.11 \mu\text{m}$ 'dir. Kromozom 1 submetasentrik tipinde ve diğerleri ise metasentriktir. Kromozomların nispi boyları 9.90- 14.53 arasında değişmektedir ve ortalama kromozom uzunluğu bu populasyonda $3.14 \pm 0.06 \mu\text{m}$ 'dir (Çizelge 4.7). Her kromozom için ayrıntılı bilgiler aşağıda verilmiştir.

Bu populasyonda somatik kromozomlardan daha küçük B-kromozomlar bulunmuştur. Bu populasyonun tüm incelenen hücrelerinde 2-3 B-kromozom tespit edilmiştir ve bunların tipi metasentrik dir (Şekil 4.13 C).

Kromozom 1: Boyu $3.52 \pm 0.12 \mu\text{m}$ ve kol oranı 1.65 ± 0.06 μm 'dir. Sentromerin yerine bağlı olarak metasentrik veya submetasentrike yakın tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 14.01'dir.

Kromozom 2: $3.40 \pm 0.15 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.23 ± 0.04 ' dir ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu ise 13.56' dir.

Kromozom 3: $3.24 \pm 0.13 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.18 ± 0.05 'dir ve kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.91'dir.

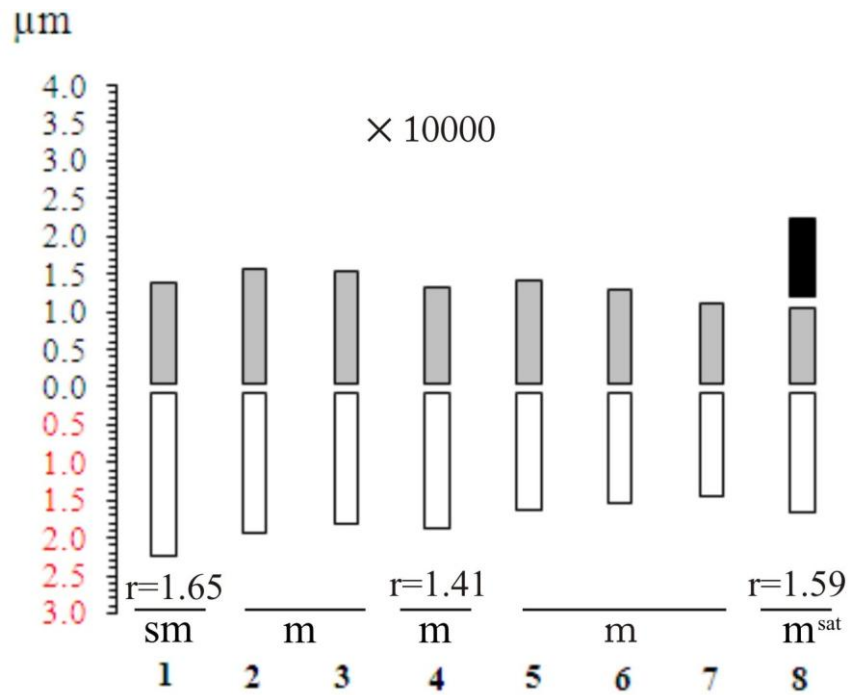
Kromozom 4: $3.11 \pm 0.12 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.41 ± 0.05 'dir ve kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.38'dir.

Kromozom 5: $2.97 \pm 0.10 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.15 ± 0.04 'dir. Kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 11.81'dir.

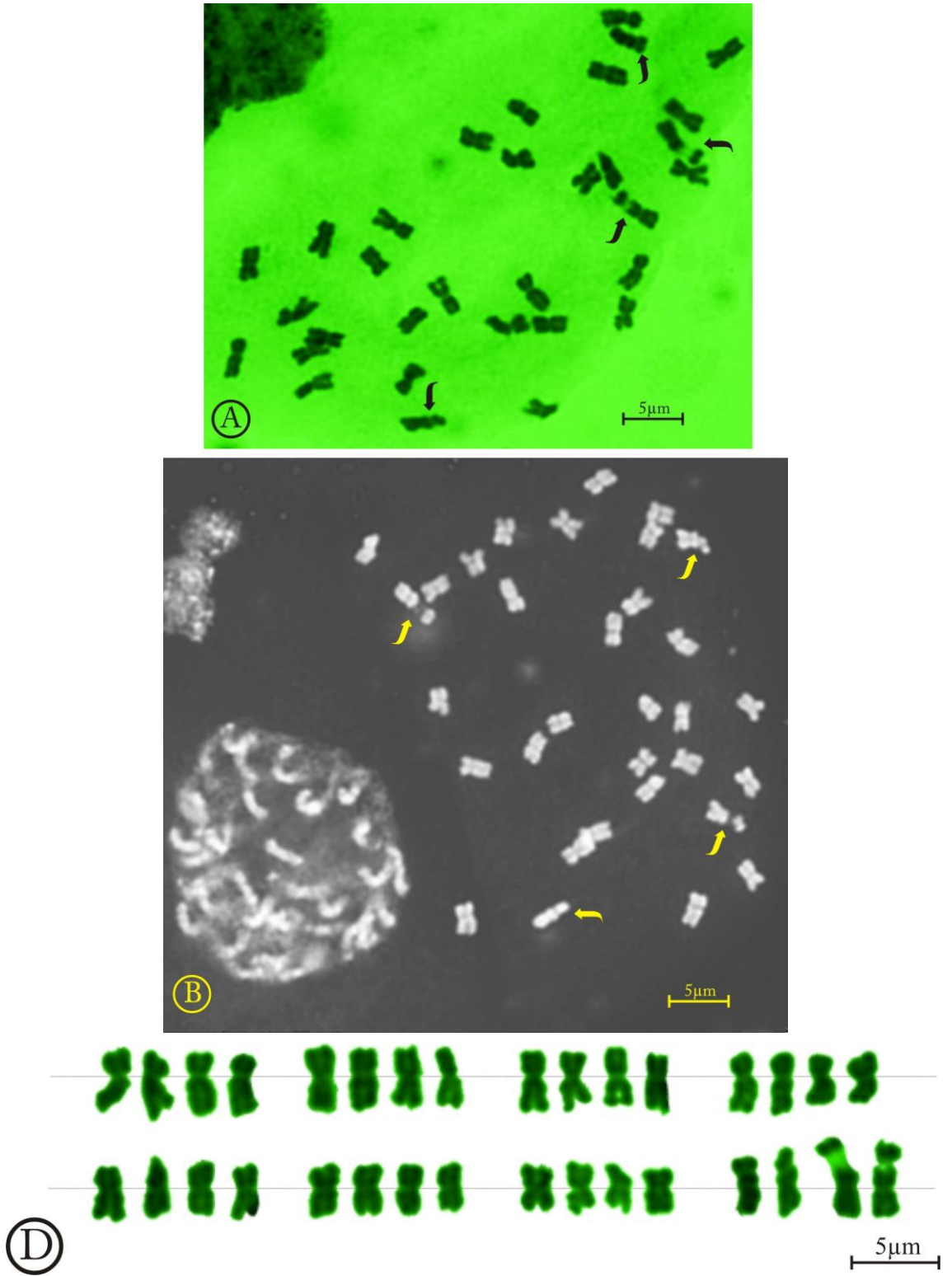
Kromozom 6: Boyu $2.74 \pm 0.09 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı ise 1.19 ± 0.05 'dir ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 10.90'dir.

Kromozom 7: Boyu $2.49 \pm 0.10 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı 1.31 ± 0.06 'dur ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 9.90'dir.

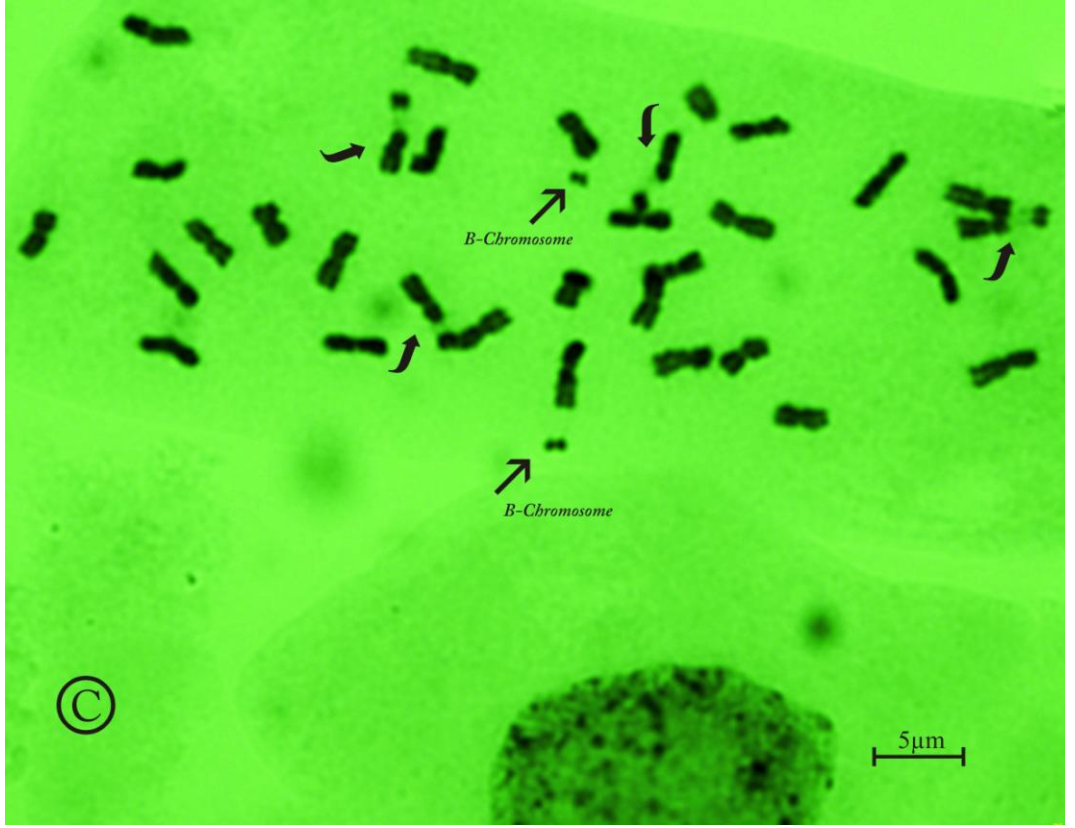
Kromozom 8: En uzun kromozom olarak boyu $3.65 \pm 0.14 \mu\text{m}$ ve kol oranı 1.59 ± 0.06 'dür. Kol oranına bağlı olarak metasentrik veya submetasentrike yakın tipte kromozomdur ve tüm homologların kısa kollarında satellit (NOR) bulunmaktadır ve ortalama satellitin boyu ise $1.03 \mu\text{m}$ 'dir. Nispi boyu **14.53**'dir.



Şekil 4.11 Bucak-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik



Şekil 4.12 A, B: Bucak-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, D: karyogram, A plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir



Şekil 4.13 C: Bucak-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun mitotik metafaz plakasında B- kromozomların bulunması($2n=4x=32+2B$)

Çizelge 4.7 Bucak-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip verileri

Çift No	Total (L+S) µm	Uzun kol(L) µm	Kısa kol (S) µm	Kol Orani (AR=L/S)	CI (S*100/(L+S))	Sat	Tip	L%	S%	RL%
1	3.52± 0.12	2.18± 0.08	1.34± 0.06	1.65± 0.06	38	-	~sm	8.69	5.32	14.01
2	3.40± 0.15	1.87± 0.09	1.53± 0.07	1.23± 0.04	45	-	m	7.46	6.10	13.56
3	3.24± 0.13	1.75± 0.08	1.49± 0.07	1.18± 0.05	46	-	m	6.97	5.94	12.91
4	3.11± 0.12	1.81± 0.09	1.29± 0.05	1.41± 0.05	42	-	m	7.22	5.15	12.38
5	2.97± 0.10	1.58± 0.04	1.39± 0.06	1.15± 0.04	47	-	m	6.28	5.53	11.81
6	2.74± 0.09	1.48± 0.05	1.26± 0.05	1.19± 0.05	46	-	m	5.90	5.00	10.90
7	2.49± 0.10	1.40± 0.06	1.09± 0.05	1.31± 0.06	44	-	m	5.57	4.33	9.90
8	3.65± 0.14	1.60± 0.08	1.02± 0.06	1.59± 0.06	28	1.03	~sm	6.38	8.15	14.53
Ortalama	3.14± 0.06	1.71± 0.03	1.30± 0.03	1.34± 0.03						
Toplam (TC)	25.11							54.47	45.51	

Kromozom formülü: $2n=4x=32= 24m + 4\sim sm + 4\sim sm^{sat} + 2B$, $SC= 2B$, $A_1= 0.231$, $A_2= 0.126$

L: Kromozom uzun kol uzunluğu (µm), **S:** Kromozomun kısa kol uzunluğu (µm), **CI:** Sentromer indeksi, (**m:** Metasentrik, **sm :** Submetasentrik); **Levan vd. (1964)**'a göre sentromer tipi, **Sat:** Satelit, SC= Simetri sınıflaması (**Stebbins (1971)** 2A, Asimetri indeksi: $A_1= 0.231$ ve $A_2=0.126$, **Romero-Zarco (1986)**'ya göre, **N:** Karyotip belirlemede kullanılan mitotik metafaz sayısı, **L%** ve **S%:** Her bir kromozom için her kolun ne oranda olduğunu gösteren indeksler, **RL%:** Göreli kromozom boyları 9.90- 14.53 arasında değişmekte.

4.1.7 Eğirdir-2 populasyonunun karyotip özellikleri

Eğirdir-2 bölgesinden toplanan yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip analizinde, kromozom sayısı $2n=4x=32$ olarak tespit edilmiştir (Şekil 4.15). Temel kromozom sayısı veya genomu $x=8$ ve autotetraploid olduğundan dolayı karyotipi dördümlü homolog kromozom (8 tetrat kromozom) biçimlendirilmiştir. En küçük kromozom $1.97 \pm 0.03 \mu\text{m}$, en büyük kromozom ise $2.83 \pm 0.07 \mu\text{m}$ uzunluğundadır ve dört satellit veya Nükleer Organizatör Bölgesine sahip oldukları net bir şekilde belirlenmiştir (Şekil 4.14, 4.15). Haploit kromozom uzunluğu $18.88 \mu\text{m}$ 'dir. Kromozom 8 submetasentrik tipinde ve diğerleri ise metasentriktir. Kromozomların nispi boyları 10.45- 14.98 arasında değişmektedir ve ortalama kromozom uzunluğu bu populasyonunda $2.36 \pm 0.03 \mu\text{m}$ 'dir (Çizelge 4.8). Her kromozom için ayrıntılı bilgiler aşağıda verilmiştir.

Kromozom 1: Boyu $2.56 \pm 0.03 \mu\text{m}$ ve kol oranı $1.31 \pm 0.06 \mu\text{m}$ 'dir. Sentromerin yerine bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 13.57'dir.

Kromozom 2: $2.47 \pm 0.04 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.65 ± 0.03 ' dir ve buna bağlı olarak metasentrik veya submetasentrike yakın tipinde bir kromozomdur. Nispi boyu ise 13.10' dir.

Kromozom 3: $2.39 \pm 0.04 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.27 ± 0.05 'dir ve kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.67'dir.

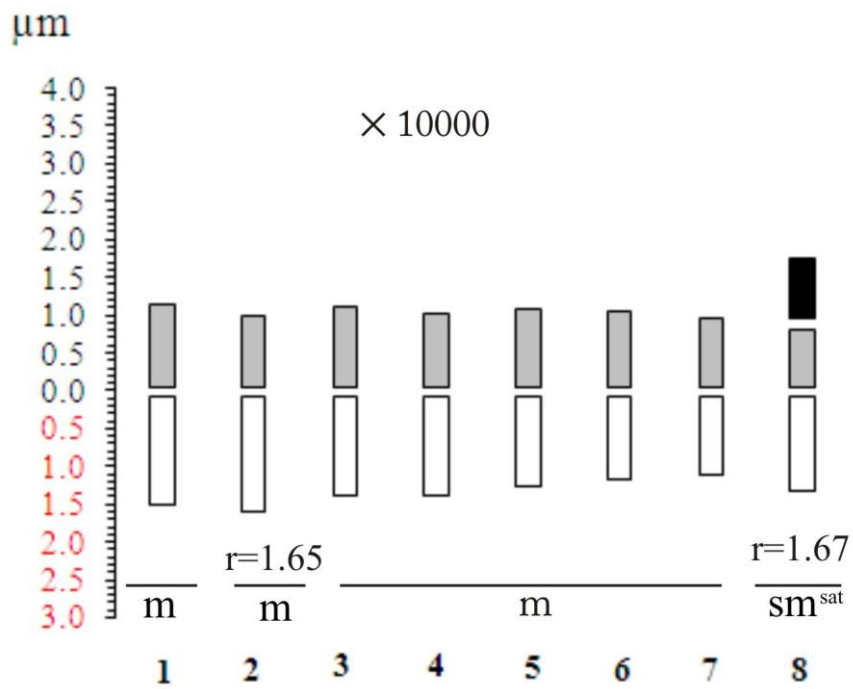
Kromozom 4: $2.31 \pm 0.04 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.33 ± 0.05 'dir ve kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.22'dir.

Kromozom 5: $2.23 \pm 0.03 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.17 ± 0.03 'dir. Kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 11.81'dir.

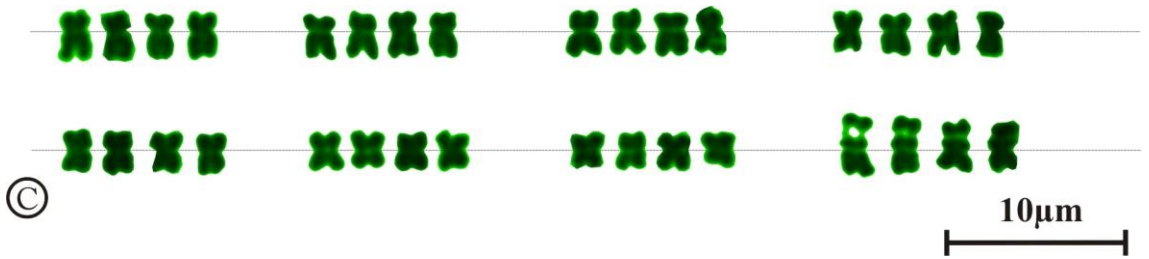
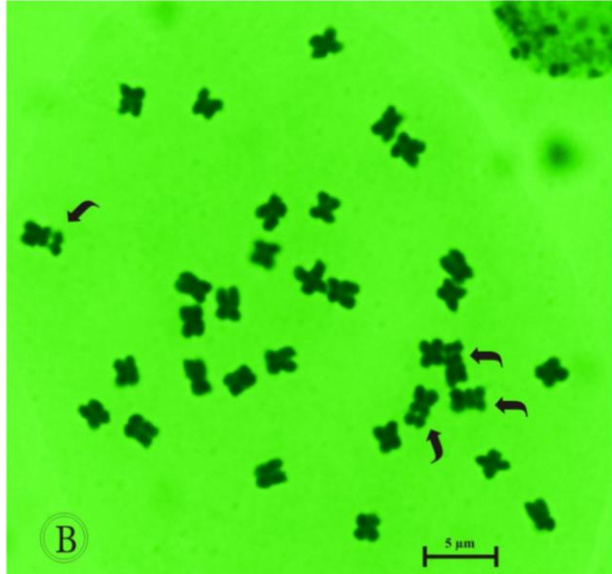
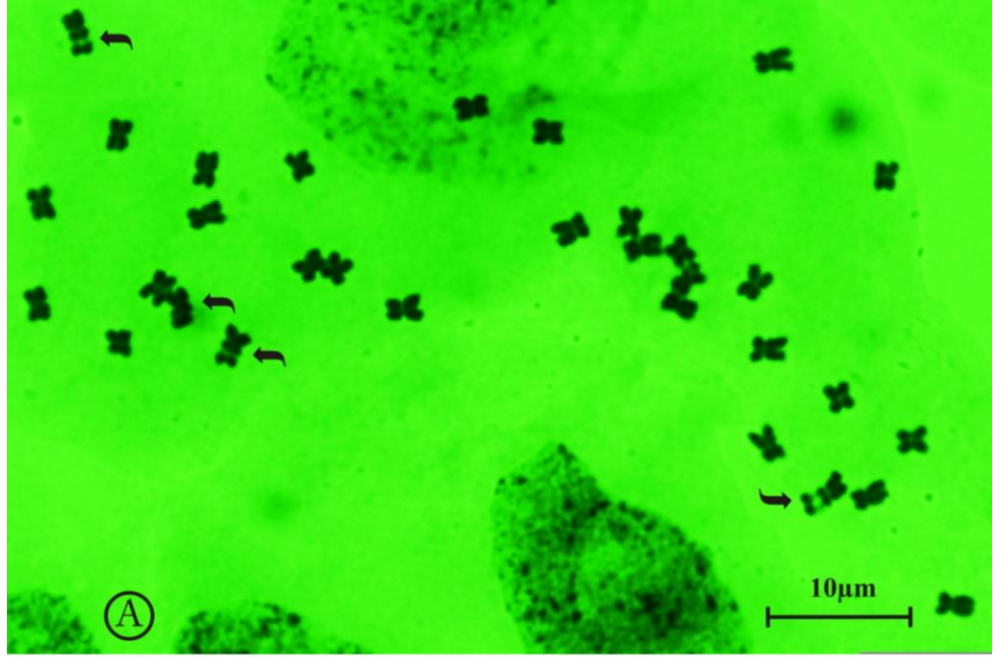
Kromozom 6: Boyu $2.12 \pm 0.03 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı ise 1.11 ± 0.02 'dür ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 11.23'dir.

Kromozom 7: Boyu $1.97 \pm 0.03 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı 1.13 ± 0.03 'dur ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 10.45'dir.

Kromozom 8: En uzun kromozom olarak boyu $2.83 \pm 0.07 \mu\text{m}$ ve kol oranı 1.67 ± 0.07 'dür. Kol oranına bağlı olarak metasentrik veya submetasentrike yakın tipte kromozomdur ve tüm homologların kısa kollarında satellit (NOR) bulunmaktadır ve ortalama satellitin boyu ise $0.82 \mu\text{m}$ 'dir. Nispi boyu **14.98**'dir.



Şekil 4.14 Eğirdir-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun haploid Idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik



Şekil 4.15 A, B: Eğirdir-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, C: karyogram, A plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir

Çizelge 4.8 Eğirdir-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip verileri

Çift No	Total (L+S) µm	Uzun kol(L) µm	Kısa kol (S) µm	Kol Orani (AR=L/S)	CI (S*100/(L+S))	Sat	Tip	L%	S%	RL%
1	2.56± 0.03	1.45± 0.04	1.12± 0.02	1.31± 0.06	44	-	m	7.66	5.91	13.57
2	2.47± 0.04	1.54± 0.02	0.94± 0.02	1.65± 0.03	38	-	m	8.15	4.96	13.10
3	2.39± 0.04	1.33± 0.03	1.06± 0.03	1.27± 0.05	44	-	m	7.06	5.61	12.67
4	2.31± 0.04	1.31± 0.03	1.00± 0.03	1.33± 0.05	43	-	m	6.94	5.28	12.22
5	2.23± 0.03	1.20± 0.02	1.03± 0.02	1.17± 0.03	46	-	m	6.35	5.45	11.81
6	2.12± 0.03	1.11± 0.02	1.01± 0.02	1.11± 0.02	47	-	m	5.90	5.33	11.23
7	1.97± 0.03	1.05± 0.02	0.93± 0.02	1.13± 0.03	47	-	m	5.54	4.91	10.45
8	2.83± 0.07	1.25± 0.05	0.76± 0.02	1.67± 0.07	27	0.82	~sm	6.64	8.34	14.98
Ortalama	2.36± 0.03	1.28± 0.02	0.98± 0.01	1.33± 0.03						
Toplam (TC)	18.88							54.24	45.78	

Kromozom formülü: $2n=4x=32= 28m + 4\sim sm^{sat}$, **SC**= 2A, **A₁**= 0.178, **A₂**= 0.112

L: Kromozom uzun kol uzunluğu (µm), **S**: Kromozomun kısa kol uzunluğu (µm), **CI**: Sentromer indeksi, (**m**: Metasentrik, **sm** : Submetasentrik); **Levan vd. (1964)**'a göre sentromer tipi, **Sat**: Satelit, SC= Simetri sınıflaması (**Stebbins (1971)** 2A, Asimetri indeksi: **A₁**= 0.178 ve **A₂**=0.112, **Romero-Zarco (1986)**'ya göre, **N**: Karyotip belirlemede kullanılan mitotik metafaz sayısı, **L%** ve **S%**: Her bir kromozom için her kolun ne oranda olduğunu gösteren indeksler, **RL%**: Görelî kromozom boyları 10.45- 14.98 arasında değişmekte.

4.1.8 Gelendost-2 populasyonunun karyotip özellikleri

Gelendost-2 bölgesinden toplanan yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip analizinde, kromozom sayısı $2n=4x=32$ olarak tespit edilmiştir (Şekil 4.17). Temel kromozom sayısı veya genomu $x=8$ ve autotetraploid olduğundan dolayı karyotipi dördümlü homolog kromozom (8 tetrat kromozom) biçimlendirilmiştir. En küçük kromozom $3.38 \pm 0.06 \mu\text{m}$, en büyük kromozom ise $4.76 \pm 0.18 \mu\text{m}$ uzunluğundadır. 8. kromozomda dört satellit veya Nükleer Organizatör Bölgesine sahip oldukları net bir şekilde belirlenmiştir (Şekil 4.16, 4.17). Haploit kromozom uzunluğu $32.88 \mu\text{m}$ 'dir. Kromozom 2 ve 4 submetasentrik tipinde ve diğerleri ise metasentriktir. Kromozomların nispi boyları 10.29- 14.48 arasında değişmektedir ve ortalama kromozom uzunluğu bu populasyonunda $4.11 \pm 0.06 \mu\text{m}$ 'dir (Çizelge 4.9). Her kromozom için ayrıntılı bilgiler aşağıda verilmiştir.

Kromozom 1: En uzun kromozom olarak boyu $4.76 \pm 0.18 \mu\text{m}$ ve kol oranı $1.22 \pm 0.05 \mu\text{m}$ 'dir. Sentromerin yerine bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 14.48'dir.

Kromozom 2: $4.51 \pm 0.10 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.72 ± 0.08 ' dir ve buna bağlı olarak submetasentrik tipinde bir kromozomdur. Nispi boyu ise 13.73' dir.

Kromozom 3: $4.27 \pm 0.05 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.49 ± 0.12 'dir ve kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.98'dir.

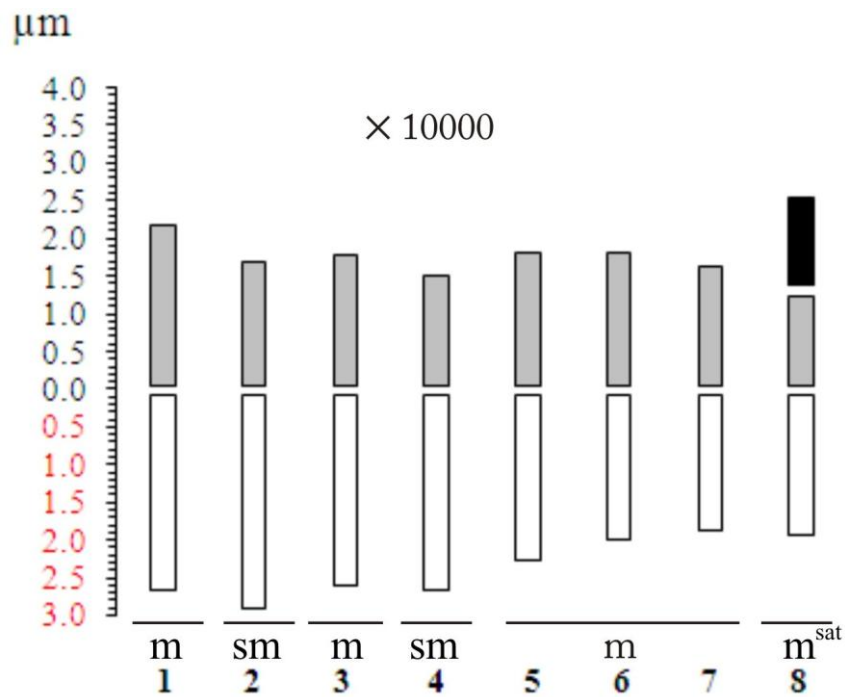
Kromozom 4: $4.07 \pm 0.06 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.81 ± 0.07 'dir ve kol oranına göre submetasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.38'dir.

Kromozom 5: $3.97 \pm 0.02 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.27 ± 0.05 'dir. Kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.08'dir.

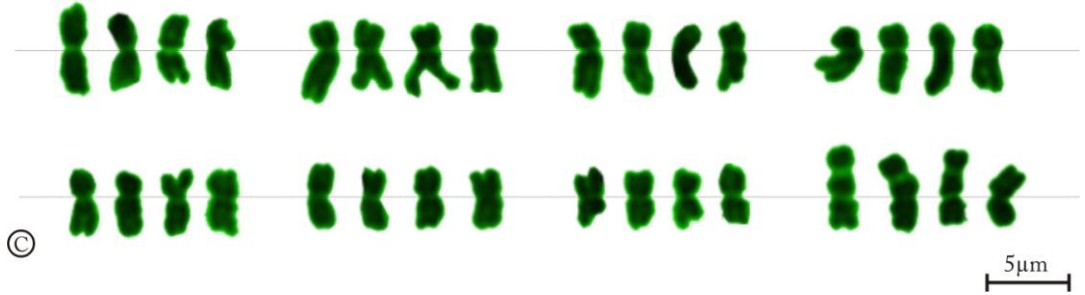
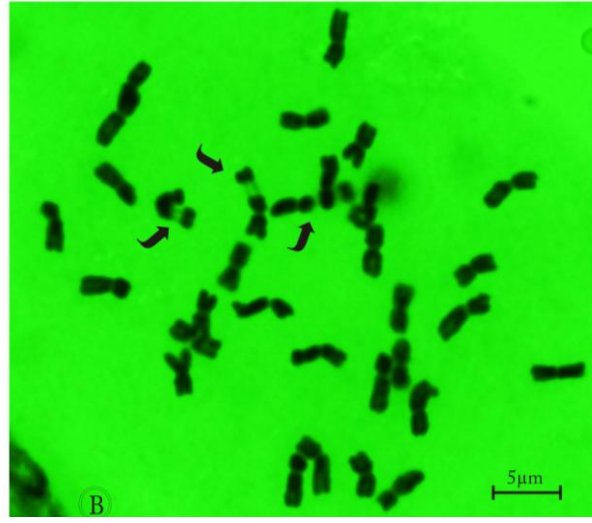
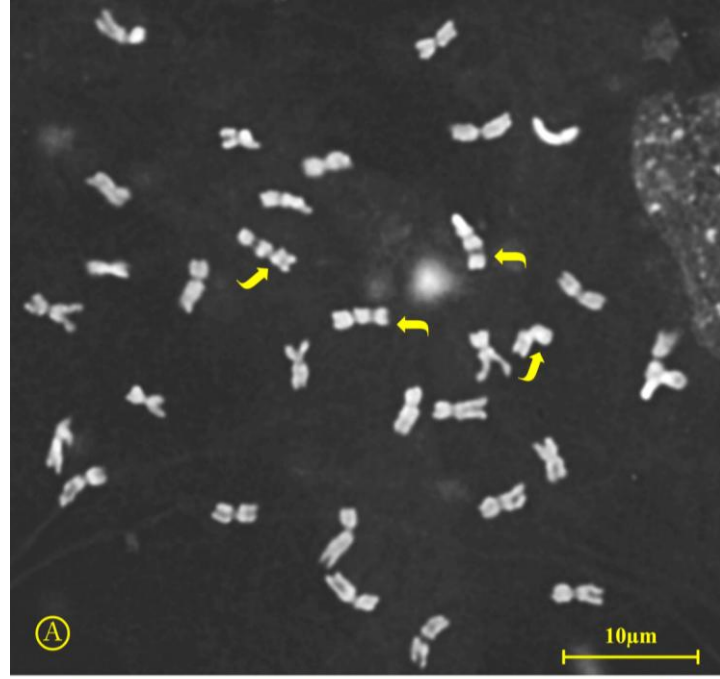
Kromozom 6: Boyu $3.73 \pm 0.04 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı ise 1.09 ± 0.03 'dür ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 11.34'dir.

Kromozom 7: En küçük kromozom boyu $3.38 \pm 0.06 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı 1.15 ± 0.03 'dur ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 10.29'dir.

Kromozom 8: Boyu $4.18 \pm 0.11 \mu\text{m}$ ve kol oranı 1.64 ± 0.13 'dür. Kol oranına bağlı olarak metasentrik veya submetasentrike yakın tipte kromozomdur ve tüm homologların kısa kollarında satellit (NOR) bulunmaktadır ve ortalama satellitin boyu ise $0.82 \mu\text{m}$ 'dir. Nispi boyu **12.71**'dir.



Şekil 4.16 Gelendost-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik



Şekil 4.17 A, B: Gelendost-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, C: karyogram, A plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir

Çizelge 4.9 Gelendost-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip verileri

Çift No	Total (L+S) µm	Uzun kol(L) µm	Kısa kol (S) µm	Kol Oranı (AR=L/S)	CI (S*100/(L+S))	Sat	Tip	L%	S%	RL%
1	4.76± 0.18	2.61± 0.10	2.15± 0.10	1.22± 0.05	45	-	m	7.94	6.54	14.48
2	4.51± 0.10	2.85± 0.11	1.67± 0.03	1.72± 0.08	37	-	sm	8.67	5.07	13.73
3	4.27± 0.05	2.53± 0.10	1.73± 0.07	1.49± 0.12	41	-	m	7.70	5.28	12.98
4	4.07± 0.06	2.61± 0.06	1.46± 0.04	1.81± 0.07	36	-	sm	7.95	4.43	12.38
5	3.97± 0.02	2.21± 0.04	1.76± 0.04	1.27± 0.05	44	-	m	6.73	5.35	12.08
6	3.73± 0.04	1.94± 0.01	1.78± 0.04	1.09± 0.03	48	-	m	5.91	5.42	11.34
7	3.38± 0.06	1.80± 0.03	1.58± 0.04	1.15± 0.03	47	-	m	5.49	4.81	10.29
8	4.18± 0.11	1.87± 0.05	1.20± 0.11	1.64± 0.13	29	1.15	~sm	5.67	7.13	12.71
Ortalama	4.11± 0.06	2.30± 0.05	1.67± 0.04	1.42± 0.04						
Toplam (TC)	32.88							56.07	44.02	

Kromozom formülü: $2n=4x=32= 20m + 8sm + 4\sim sm^{sat}$, SC= 2B, $A_1= 0.264$, $A_2= 0.111$

L: Kromozom uzun kol uzunluğu (µm), **S:** Kromozomun kısa kol uzunluğu (µm), **CI:** Sentromer indeksi, (**m:** Metasentrik, **sm :** Submetasentrik); **Levan vd. (1964)**'a göre sentromer tipi, **Sat:** Satelit, SC= Simetri sınıflaması (**Stebbins (1971)** 2A, Asimetri indeksi: $A_1= 0.264$ ve $A_2=0.111$, **Romero-Zarco (1986)**'ya göre, **N:** Karyotip belirlemede kullanılan mitotik metafaz sayısı, **L%** ve **S%:** Her bir kromozom için her kolun ne oranda olduğunu gösteren indeksler, **RL%:** Göreli kromozom boyları 10.29- 14.48 arasında değişmekte.

4.1.9 Gelendost-3 populasyonunun karyotip özellikleri

Gelendost-3 bölgesinden toplanan yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip analizinde, kromozom sayısı $2n=4x=32$ olarak tespit edilmiştir (Şekil 4.19). Temel kromozom sayısı veya genomu $x=8$ ve autotetraploid olduğundan dolayı karyotipi dörtlü homolog kromozom (8 tetrat kromozom) şeklinde biçimlendirilmiştir. En küçük kromozom $3.31 \pm 0.11 \mu\text{m}$, en büyük kromozom ise $4.44 \pm 0.14 \mu\text{m}$ uzunluğundadır. 8. Kromozomda dört satellit veya Nükleer Organizatör Bölgesine sahip oldukları net bir şekilde belirlenmiştir (Şekil 4.18, 4.19). Haploit kromozom uzunluğu $32.03 \mu\text{m}$ 'dir. Kromozom 2 ve 4 submetasentrik tipinde ve diğerleri ise metasentriktir. Kromozomların nispi boyları 10.34- 13.89 arasında değişmektedir ve ortalama kromozom uzunluğu bu populasyonunda $4.00 \pm 0.06 \mu\text{m}$ 'dir (Çizelge 4.10). Her kromozom için ayrıntılı bilgiler aşağıda verilmiştir.

Kromozom 1: En uzun kromozom olarak boyu $4.44 \pm 0.14 \mu\text{m}$ ve kol oranı $1.37 \pm 0.06 \mu\text{m}$ 'dir. Sentromerin yerine bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 13.86'dir.

Kromozom 2: $4.45 \pm 0.13 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.72 ± 0.06 ' dir ve buna bağlı olarak submetasentrik tipinde bir kromozomdur. Nispi boyu ise 13.89' dir.

Kromozom 3: $4.14 \pm 0.13 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.24 ± 0.05 'dir ve kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.91'dir.

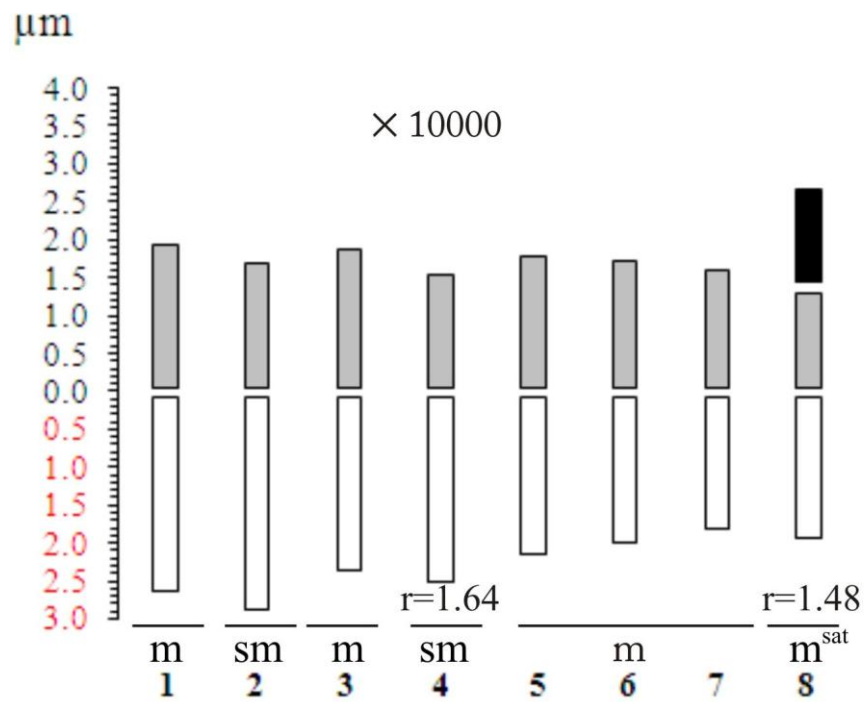
Kromozom 4: $3.93 \pm 0.10 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.64 ± 0.05 'dir ve kol oranına göre metasentrik veya submetasentrike yakın tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.28'dir.

Kromozom 5: $3.80 \pm 0.11 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.22 ± 0.05 'dir. Kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 11.86'dir.

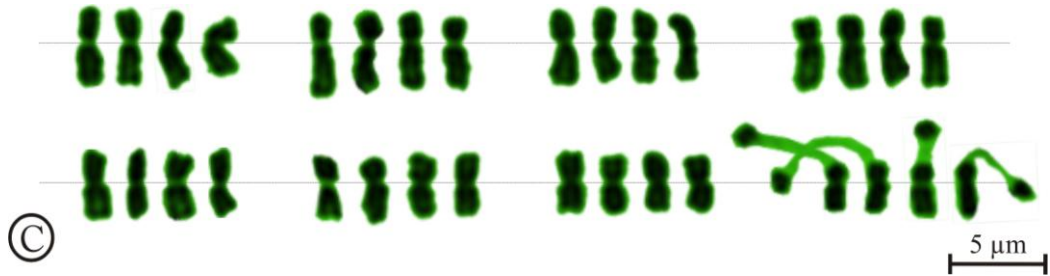
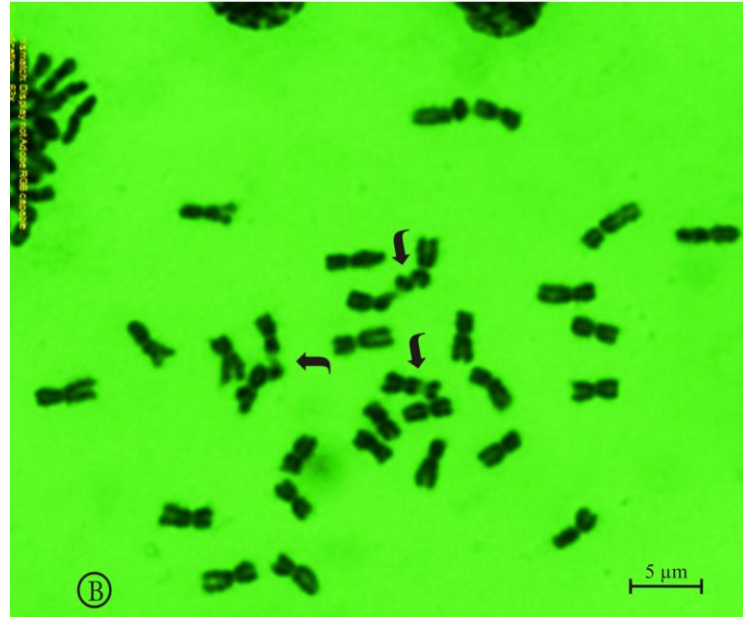
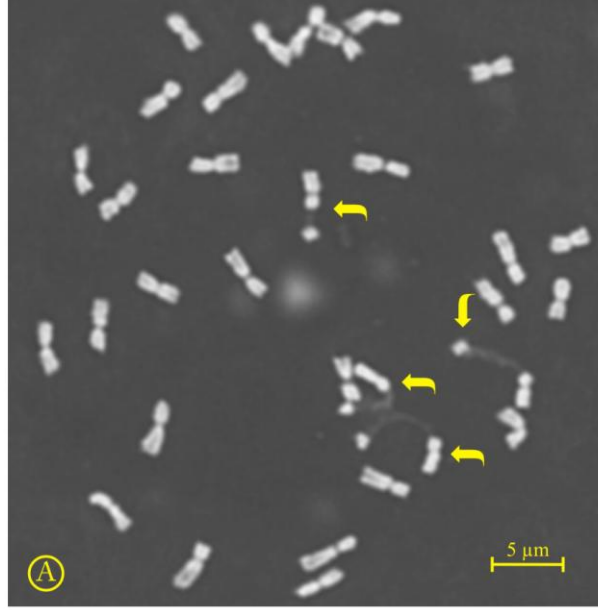
Kromozom 6: Boyu $3.63 \pm 0.11 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı ise 1.16 ± 0.05 'dür ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 11.33'dir.

Kromozom 7: En küçük kromozom boyu $3.31 \pm 0.11 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı 1.12 ± 0.04 'dur ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 10.34'dir.

Kromozom 8: Boyu $4.34 \pm 0.14 \mu\text{m}$ ve kol oranı 1.48 ± 0.06 'dür. Kol oranına bağlı olarak metasentrik tipinde kromozomdur ve tüm homologların kısa kollarında satelit (NOR) bulunmaktadır ve satelitinin ortalama boyu ise $1.21 \mu\text{m}$ 'dir. Nispi boyu **13.54**'dir.



Şekil 4.18 Gelendost-3 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik



Şekil 4.19 A, B: Gelendost-3 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, C: karyogram, A plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir

Çizelge 4.10 Gelendost-3 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip verileri

Çift No	Total (L+S) µm	Uzun kol(L) µm	Kısa kol (S) µm	Kol Oranı (AR=L/S)	CI (S*100/(L+S))	Sat	Tip	L%	S%	RL%
1	4.44± 0.14	2.56± 0.11	1.88± 0.06	1.37± 0.06	43	-	m	7.99	5.87	13.86
2	4.45± 0.13	2.80± 0.09	1.64± 0.05	1.72± 0.06	37	-	sm	8.75	5.13	13.89
3	4.14± 0.13	2.29± 0.10	1.84± 0.04	1.24± 0.05	45	-	m	7.16	5.75	12.91
4	3.93± 0.10	2.44± 0.06	1.50± 0.05	1.64± 0.05	38	-	~sm	7.61	4.67	12.28
5	3.80± 0.11	2.07± 0.06	1.73± 0.07	1.22± 0.05	45	-	m	6.47	5.39	11.86
6	3.63± 0.11	1.94± 0.06	1.69± 0.07	1.16± 0.05	46	-	m	6.06	5.27	11.33
7	3.31± 0.11	1.75± 0.07	1.57± 0.05	1.12± 0.04	47	-	m	5.45	4.89	10.34
8	4.34± 0.14	1.86± 0.08	1.26± 0.05	1.48± 0.06	29	1.21	m	5.82	7.72	13.54
Ortalama	4.00± 0.06	2.22± 0.05	1.64± 0.03	1.37± 0.03						
Toplam (TC)	32.03							55.31	44.70	

Kromozom formülü: $2n=4x=32= 20m + 4sm+ 4\sim sm + 4m^{sat}$, $SC= 2B$, $A_1= 0.247$, $A_2= 0.103$

L: Kromozom uzun kol uzunluğu (µm), **S:** Kromozomun kısa kol uzunluğu (µm), **CI:** Sentromer indeksi, (**m:** Metasentrik, **sm :** Submetasentrik); **Levan vd. (1964)**'a göre sentromer tipi, **Sat:** Satelit, SC= Simetri sınıflaması (**Stebbins (1971)** 2A, Asimetri indeksi: $A_1= 0.247$ ve $A_2=0.103$, **Romero-Zarco (1986)**'ya göre, **N:** Karyotip belirlemede kullanılan mitotik metafaz sayısı, **L%** ve **S%**: Her bir kromozom için her kolun ne oranda olduğunu gösteren indeksler, **RL%:** Görelî kromozom boyları 10.34- 13.89 arasında değişmekte.

4.1.10 Ş. Karaağaç-2 populasyonunun karyotip özellikleri

Ş. Karaağaç-2 bölgesinden toplanan yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip analizinde, kromozom sayısı $2n=4x=32$ olarak tespit edilmiştir (Şekil 4.21). Temel kromozom sayısı veya genomu $x=8$ ve autotetraploid olduğundan dolayı karyotipi dörtlü homolog kromozom (8 tetrat kromozom) şeklinde biçimlendirilmiştir. En küçük kromozom 2.51 ± 0.11 μm , en büyük kromozom ise 3.37 ± 0.16 μm uzunluğundadır ve dört satellit veya Nükleer Organizatör Bölgesine sahip oldukları net bir şekilde belirlenmiştir (Şekil 4.20, 4.21). Haploit kromozom uzunluğu 23.79 μm 'dir. Tüm kromozomlar, metasentrik tipindedir. Kromozomların nispi boyları 10.45 - 14.16 arasında değişmektedir ve ortalama kromozom uzunluğu bu populasyonunda 2.97 ± 0.06 μm 'dir (Çizelge 4.11). Her kromozom için ayrıntılı bilgiler aşağıda verilmiştir.

Kromozom 1: Boyu 3.28 ± 0.15 μm ve kol oranı 1.34 ± 0.05 μm 'dir. Sentromerin yerine bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 13.80 'dir.

Kromozom 2: 3.15 ± 0.17 μm boyundadır. Kol oranı 1.51 ± 0.06 'dir ve buna bağlı olarak metasentrik tipinde bir kromozomdur. Nispi boyu ise 13.23 'dir.

Kromozom 3: 3.05 ± 0.15 μm boyundadır. Kol oranı 1.35 ± 0.06 'dir ve kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.81 'dir.

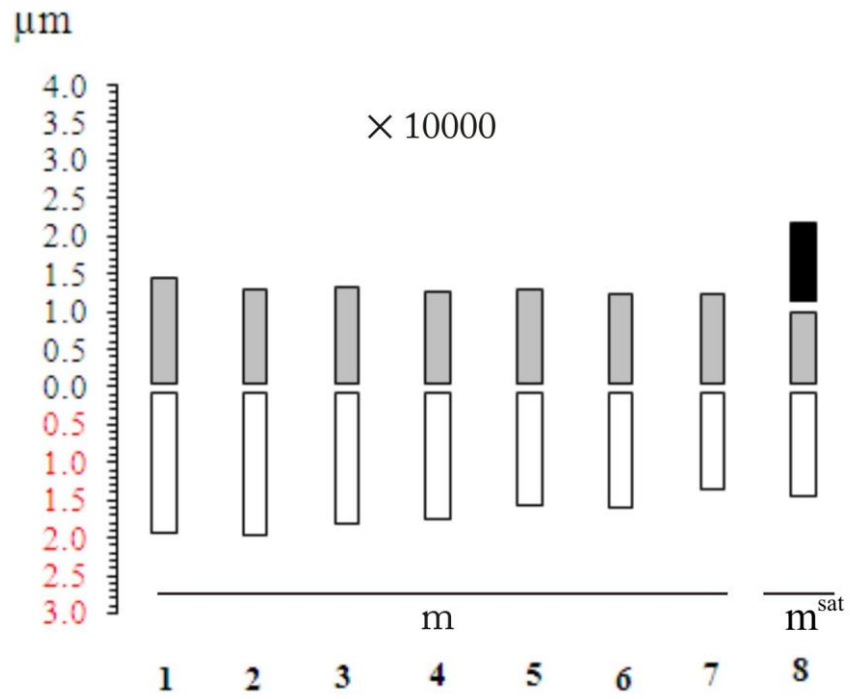
Kromozom 4: 2.92 ± 0.13 μm boyundadır. Kol oranı 1.39 ± 0.06 'dir ve kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.28 'dir.

Kromozom 5: 2.79 ± 0.12 μm boyundadır. Kol oranı 1.20 ± 0.04 'dir. Kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 11.71 'dir.

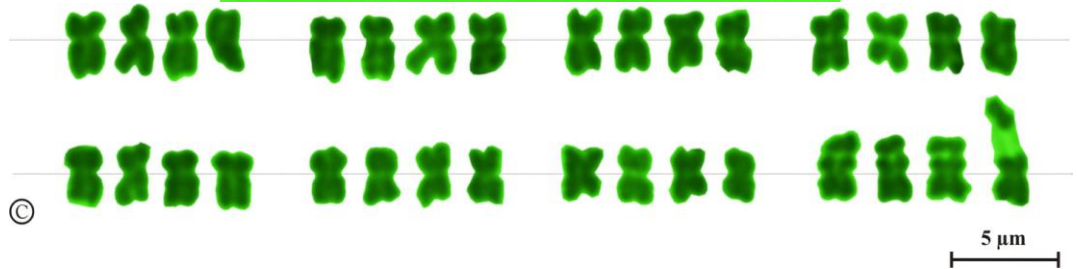
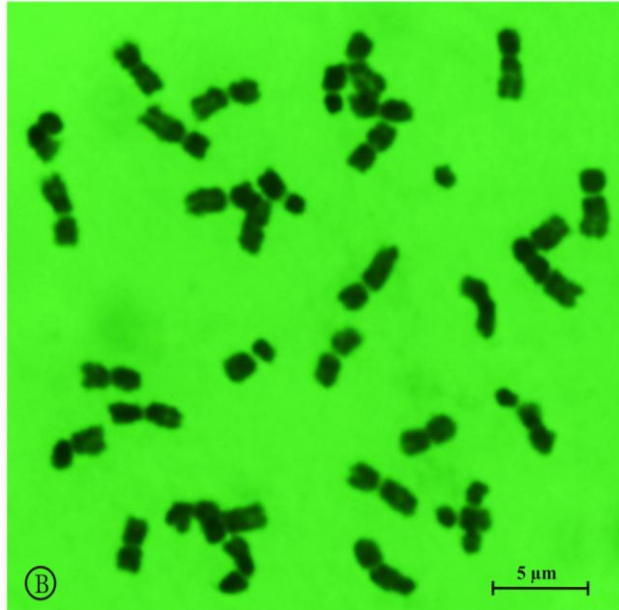
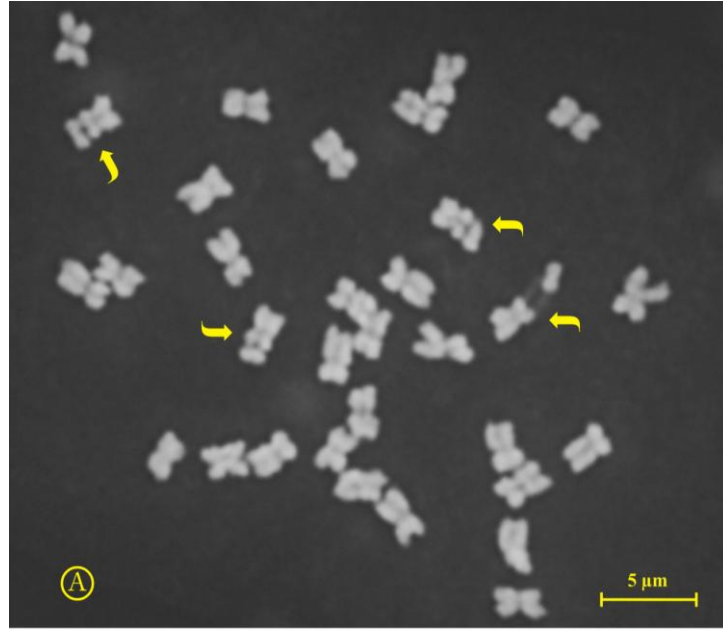
Kromozom 6: Boyu 2.72 ± 0.13 μm 'dir. Kol oranı ise 1.32 ± 0.07 'dir ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 11.45 'dir.

Kromozom 7: En küçük kromozom boyu 2.51 ± 0.11 μm 'dir. Kol oranı 1.09 ± 0.02 'dir ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 10.54 'dir.

Kromozom 8: En uzun kromozom olarak boyu $3.37 \pm 0.16 \mu\text{m}$ ve kol oranı 1.44 ± 0.03 'dür. Kol oranına bağlı olarak metasentrik tipinde kromozomdur ve tüm homologların kısa kollarında satelit (NOR) bulunmaktadır ve ortalama satelitin boyu ise $1.03 \mu\text{m}$ 'dir. Nispi boyu 14.16'dır.



Şekil 4.20 Ş. Karağaç-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik



Şekil 4.21 A, B: Ş. Karaağaç-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, C: karyogram, A plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satellitli kromozom oklarla gösterilmektedir

Çizelge 4.11 Ş. Karaağaç-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip verileri

Çift No	Total (L+S) µm	Uzun kol(L) µm	Kısa kol (S) µm	Kol Oranı (AR=L/S)	CI (S*100/(L+S))	Sat	Tip	L%	S%	RL%
1	3.28± 0.15	1.87± 0.09	1.41± 0.06	1.34± 0.05	43	-	m	7.88	5.92	13.80
2	3.15± 0.17	1.89± 0.13	1.25± 0.05	1.51± 0.06	40	-	m	7.96	5.27	13.23
3	3.05± 0.15	1.75± 0.11	1.30± 0.05	1.35± 0.06	43	-	m	7.37	5.45	12.81
4	2.92± 0.13	1.69± 0.09	1.23± 0.06	1.39± 0.06	42	-	m	7.12	5.16	12.28
5	2.79± 0.12	1.52± 0.08	1.27± 0.05	1.20± 0.04	46	-	m	6.39	5.32	11.71
6	2.72± 0.13	1.54± 0.08	1.19± 0.07	1.32± 0.07	44	-	m	6.46	4.98	11.45
7	2.51± 0.11	1.30± 0.05	1.20± 0.06	1.09± 0.02	48	-	m	5.47	5.06	10.54
8	3.37± 0.16	1.38± 0.07	0.96± 0.05	1.44± 0.03	28	1.03	m	5.80	8.36	14.16
Ortalama	2.97± 0.06	1.62± 0.04	1.23± 0.02	1.33± 0.02						
Toplam (TC)	23.79							54.45	45.53	

Kromozom formülü: $2n=4x=32= 28m + 4m^{sat}$, SC= 2B, $A_1= 0.237$, $A_2= 0.097$

L: Kromozom uzun kol uzunluğu (µm), **S:** Kromozomun kısa kol uzunluğu (µm), **CI:** Sentromer indeksi, (**m:** Metasentrik, **sm :** Submetasentrik); **Levan vd. (1964)**'a göre sentromer tipi, **Sat:** Satelit, SC= Simetri sınıflaması (**Stebbins (1971)** 2A, Asimetri indeksi: $A_1= 0.237$ ve $A_2=0.097$, **Romero-Zarco (1986)**'ya göre, **N:** Karyotip belirlemede kullanılan mitotik metafaz sayısı, **L%** ve **S%:** Her bir kromozom için her kolun ne oranda olduğunu gösteren indeksler, **RL%:** Göreli kromozom boyları 10.54- 14.16 arasında değişmekte.

4.1.11 Hüyük-2 populasyonunun karyotip özellikleri

Hüyük-2 bölgesinden toplanan yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip analizinde, kromozom sayısı $2n=4x=32$ olarak tespit edilmiştir (Şekil 4.23). Temel kromozom sayısı veya genomu $x=8$ ve autotetraploid olduğundan dolayı karyotipi dörtlü homolog kromozom (8 tetrat kromozom) şeklinde biçimlendirilmiştir. En küçük kromozom $2.65 \pm 0.15 \mu\text{m}$, en büyük kromozom ise $4.10 \pm 0.27 \mu\text{m}$ uzunluğundadır ve dört satellit veya Nükleer Organizatör Bölgesine sahip oldukları net bir şekilde belirlenmiştir ve bir kromozomun satellitinin boyu kısa kolun boyuna göre daha uzun görülmektedir (Şekil 4.22, 4.23, 4.24). Haploit kromozom uzunluğu $26.50 \mu\text{m}$ 'dir. Kromozom 3 submetasentrik tipinde ve diğerleri ise metasentriktir. Kromozomların nispi boyları 10.00- 15.49 arasında değişmektedir ve ortalama kromozom uzunluğu bu populasyonunda $3.31 \pm 0.08 \mu\text{m}$ 'dir (Çizelge 4.12). Her kromozom için ayrıntılı bilgiler aşağıda verilmiştir.

Bu populasyonun karyotip yapısında iki önemli olgu olduğu görülmüştür. Bunlardan birisi, kısa koldan yaklaşık olarak 2 kat daha uzun olan 8. kromozomun kısa kolunun sonunda büyük bir satellit olmasıdır (Şekil 4.22, 4.23, 4.24). Diğerisi ise, farklı tipte ve büyük olan 1. kromozomun homologlarında heteromorfik kromozomların olmasıdır (Şekil 4.23, 4.24).

Kromozom 1: En uzun kromozom olarak boyu $3.76 \pm 0.25 \mu\text{m}$ ve kol oranı $1.48 \pm 0.07 \mu\text{m}$ 'dir. Sentromerin yerine bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Farklı tipte ve büyük olan homologlardan heteromorfik kromozom görülmektedir (Şekil 4.23, 4.24). Nispi boyu 14.17'dir.

Kromozom 2: $3.49 \pm 0.22 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.26 ± 0.05 ' dir ve buna bağlı olarak metasentrik tipinde bir kromozomdur. Nispi boyu ise 13.17' dir.

Kromozom 3: $3.40 \pm 0.16 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.80 ± 0.06 'dir ve kol oranına göre submetasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.89'dir.

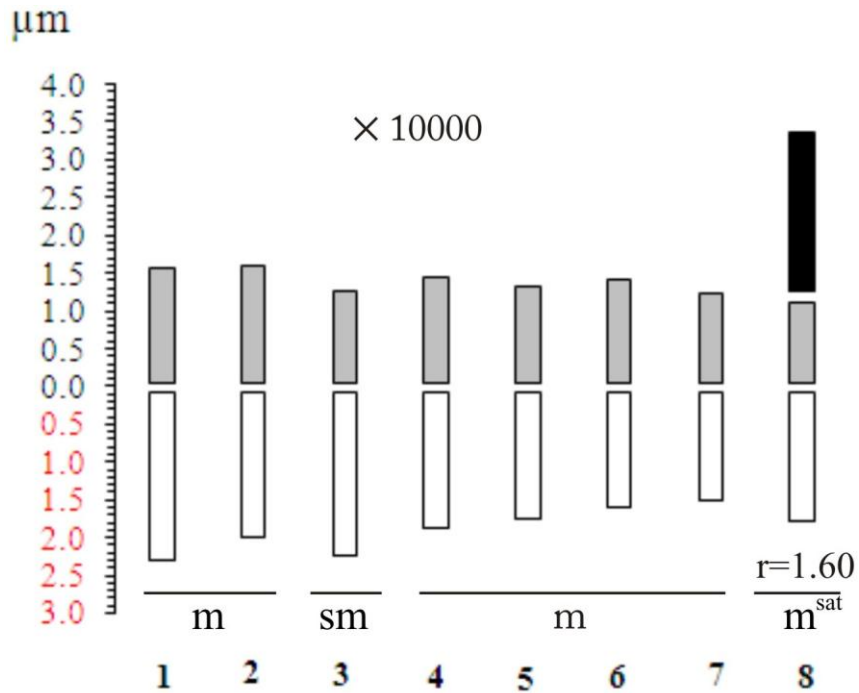
Kromozom 4: $3.21 \pm 0.18 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.30 ± 0.05 'dir ve kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.10'dir.

Kromozom 5: $3.00 \pm 0.16 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.36 ± 0.09 'dir. Kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 11.32'dir.

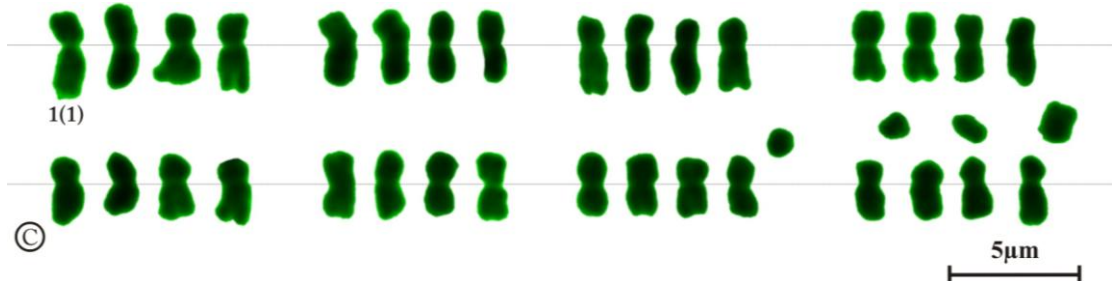
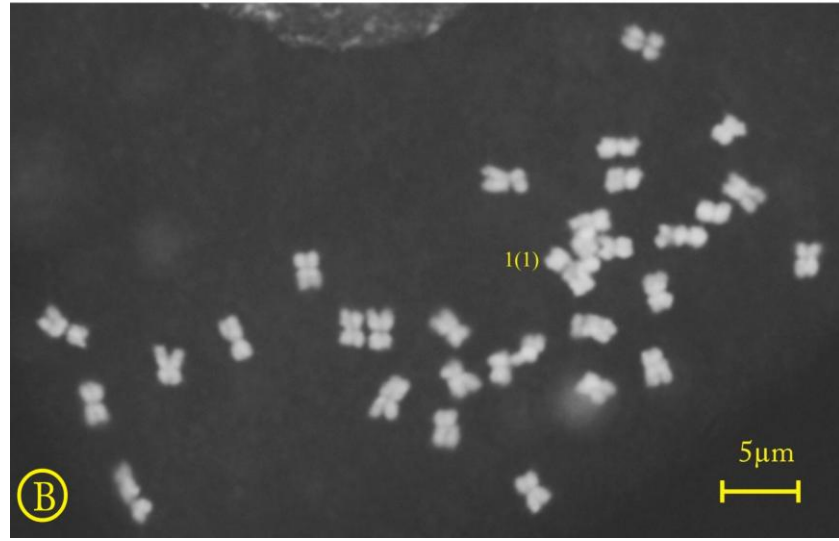
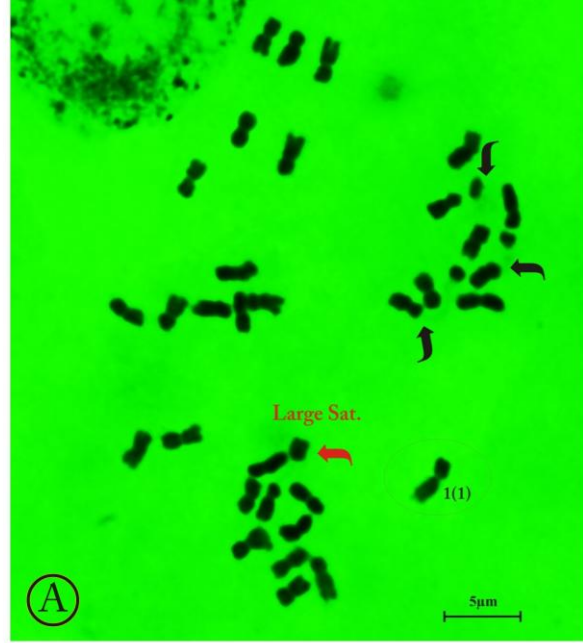
Kromozom 6: Boyu $2.90 \pm 0.14 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı ise 1.12 ± 0.02 'dür ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 10.93'dir.

Kromozom 7: En küçük kromozom boyu $2.65 \pm 0.15 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı 1.21 ± 0.06 'dur ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 10.00'dir.

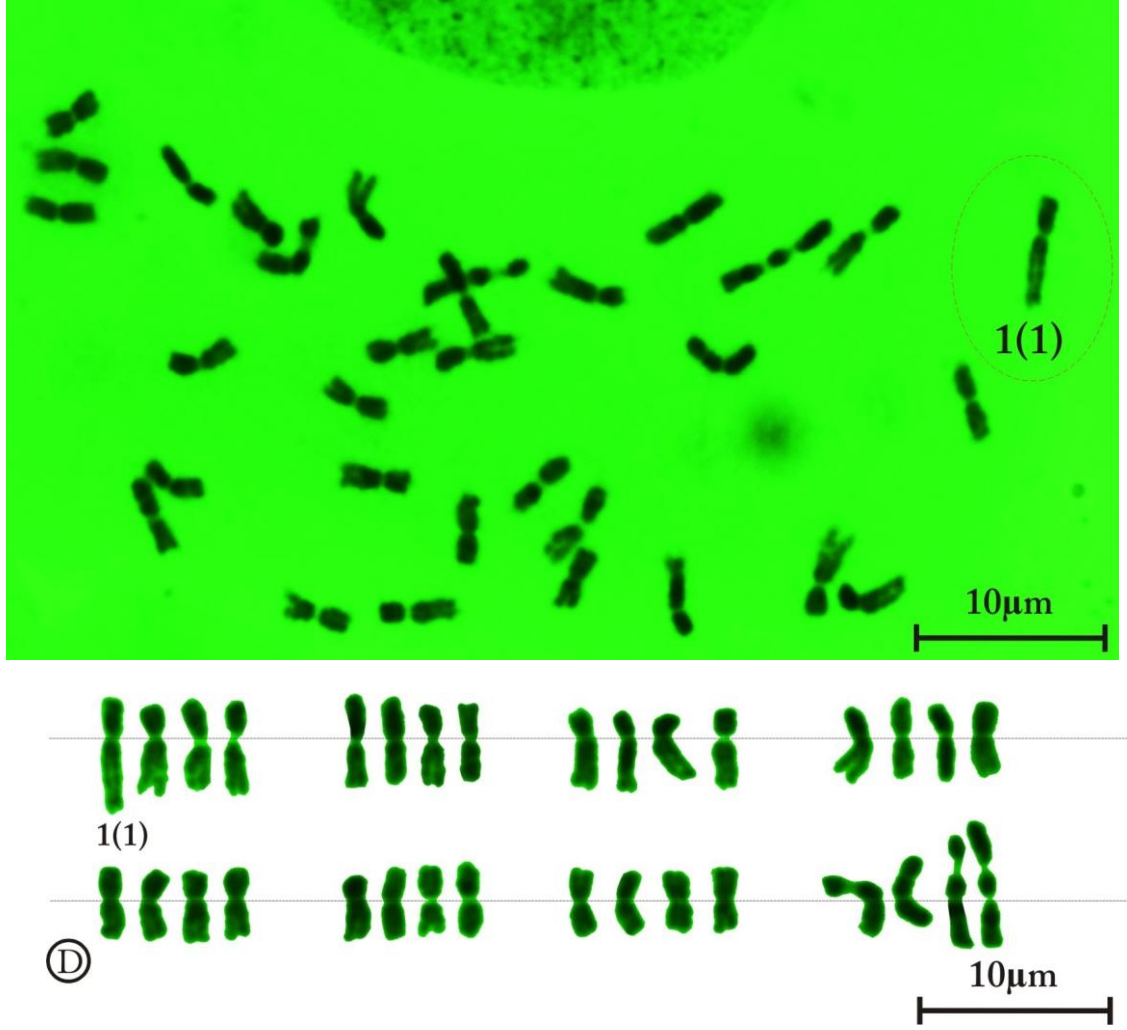
Kromozom 8: Boyu $4.10 \pm 0.27 \mu\text{m}$ ve kol oranı 1.60 ± 0.05 'dür. Kol oranına bağlı olarak metasentrik veya submetasentrike yakın tipte kromozomdur ve tüm homologların kısa kollarında satellit (NOR) bulunmaktadır ve satellitin ortalama boyu ise kısa



Şekil 4.22 Hüyük-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik koldan yaklaşık olarak 2 kat daha uzun $2.09 \mu\text{m}$ 'dir. Nispi boyu **15.49**'dir.



Şekil 4.23 A, B: Hüyük-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, C: karyogram, A plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom ve heteromorfik kromozom oklarla gösterilmektedir



Şekil 4.24 D: Hüyük-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun kromozomlarının mitotik metafaz yayılışı, karyogramı ve heteromorfik kromozomun ayrıntıları

Çizelge 4.12 Hüyük-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip verileri

Çift No	Total (L+S) µm	Uzun kol(L) µm	Kısa kol (S) µm	Kol Oranı (AR=L/S)	CI (S*100/(L+S))	Sat	Tip	L%	S%	RL%
1	3.76± 0.25	2.24± 0.18	1.51± 0.09	1.48± 0.07	41	-	m	8.45	5.72	14.17
2	3.49± 0.22	1.93± 0.11	1.56± 0.12	1.26± 0.05	45	-	m	7.27	5.91	13.17
3	3.40± 0.16	2.18± 0.12	1.22± 0.05	1.80± 0.06	36	-	sm	8.24	4.59	12.84
4	3.21± 0.18	1.81± 0.11	1.40± 0.08	1.30± 0.05	44	-	m	6.83	5.27	12.10
5	3.00± 0.16	1.70± 0.08	1.30± 0.10	1.36± 0.09	43	-	m	6.41	4.91	11.32
6	2.90± 0.14	1.53± 0.07	1.37± 0.07	1.12± 0.02	47	-	m	5.77	5.17	10.93
7	2.65± 0.15	1.45± 0.09	1.20± 0.07	1.21± 0.06	45	-	m	5.47	4.54	10.00
8	4.10± 0.27	1.73± 0.12	1.08± 0.05	1.60± 0.05	27	2.09	m	6.55	11.93	15.49
Ortalama	3.31± 0.08	1.82± 0.05	1.33± 0.03	1.39± 0.03						
Toplam (TC)	26.50							54.98	48.02	

Kromozom formülü: $2n=4x=32= 24m+ 4sm+ 4m^{sat}$, $SC= 2C$, $A_1= 0.258$, $A_2= 0.149$

L: Kromozom uzun kol uzunluğu (µm), **S**: Kromozomun kısa kol uzunluğu (µm), **CI**: Sentromer indeksi, (**m**: Metasentrik, **sm** : Submetasentrik); **Levan vd. (1964)**'a göre sentromer tipi, **Sat**: Satelit, $SC=$ Simetri sınıflaması (**Stebbins (1971)** 2A, Asimetri indeksi: $A_1= 0.258$ ve $A_2=0.149$, **Romero-Zarco (1986)**'ya göre, **N**: Karyotip belirlemede kullanılan mitotik metafaz sayısı, **L%** ve **S%**: Her bir kromozom için her kolun ne oranda olduğunu gösteren indeksler, **RL%**: Görelî kromozom boyları 10.00- 15.46 arasında değişmekte.

4.1.12 Yalvaç-3 populasyonunun karyotip özellikleri

Yalvaç-3 bölgesinden toplanan yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip analizinde, kromozom sayısı $2n=4x=32$ olarak tespit edilmiştir (Şekil 4.26). Temel kromozom sayısı veya genomu $x=8$ ve autotetraploid olduğundan dolayı karyotipi dörtlü homolog kromozom (8 tetrat kromozom) şeklinde biçimlendirilmiştir. En küçük kromozom $2.62 \pm 0.14 \mu\text{m}$, en büyük kromozom ise $3.99 \pm 0.21 \mu\text{m}$ uzunluğundadır ve dört satellit veya Nükleer Organizatör Bölgesine sahip oldukları net bir şekilde belirlenmiştir (Şekil 4.25, 4.26). Haploit kromozom uzunluğu $26.21 \mu\text{m}$ 'dir. 8. kromozom submetasentrik tipinde ve diğerleri ise metasentriktir. Kromozomların nispi boyları 10.01- 15.23 arasında değişmektedir ve ortalama kromozom uzunluğu bu populasyonunda $3.28 \pm 0.07 \mu\text{m}$ 'dir (Çizelge 4.13). Her kromozom için ayrıntılı bilgiler aşağıda verilmiştir.

Kromozom 1: Boyu $3.62 \pm 0.20 \mu\text{m}$ ve kol oranı $1.40 \pm 0.05 \mu\text{m}$ 'dir. Sentromerin yerine bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 13.82'dir.

Kromozom 2: $3.42 \pm 0.18 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.68 ± 0.03 ' dir ve buna bağlı olarak metasentrik veya submetasentrike yakın tipte kromozomdur. Nispi boyu ise 13.05' dir.

Kromozom 3: $3.36 \pm 0.14 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.27 ± 0.05 'dir ve kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.82'dir.

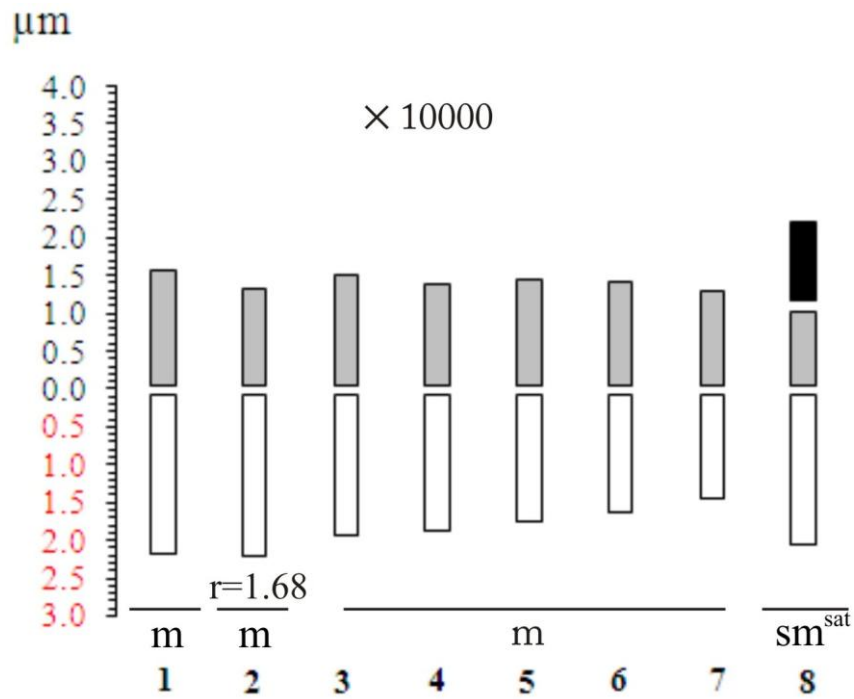
Kromozom 4: $3.16 \pm 0.16 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.37 ± 0.05 'dir ve kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.05'dir.

Kromozom 5: $3.11 \pm 0.14 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.21 ± 0.04 'dir. Kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 11.85'dir.

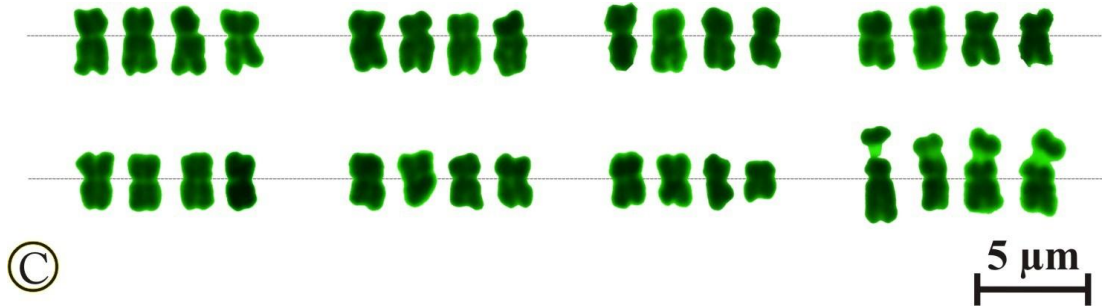
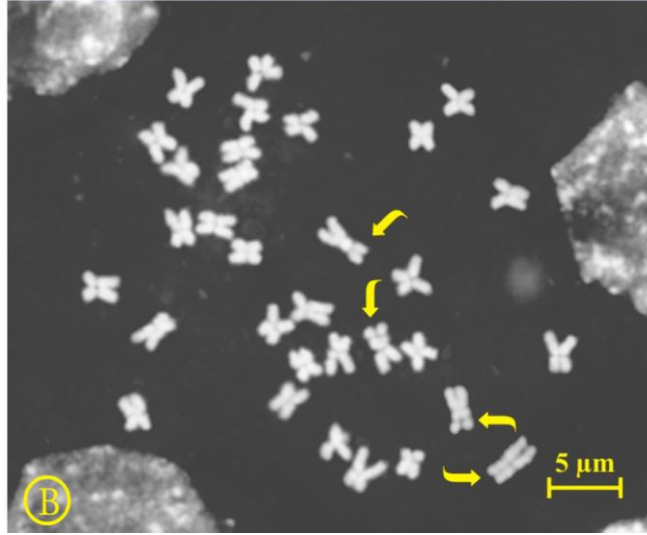
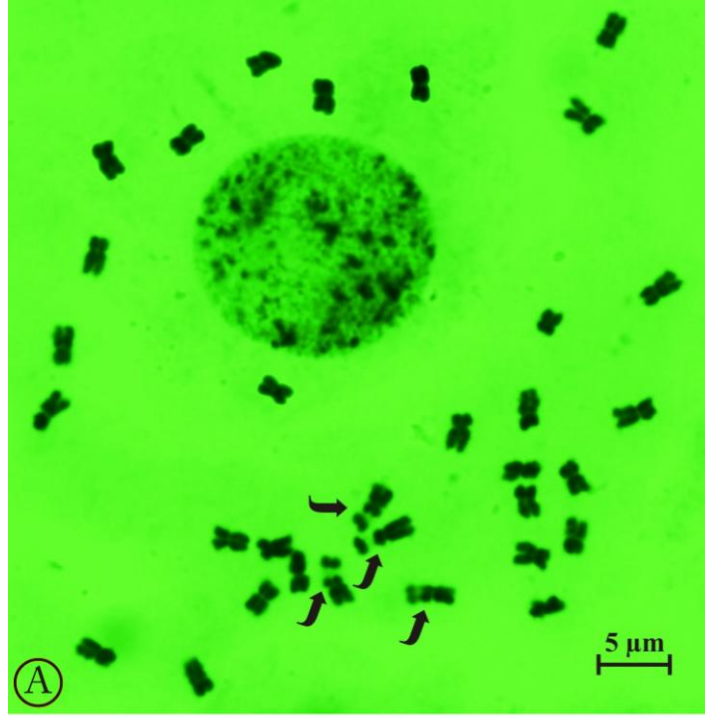
Kromozom 6: Boyu $2.93 \pm 0.14 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı ise 1.15 ± 0.04 'dür ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 11.16'dir.

Kromozom 7: En küçük kromozom boyu $2.62 \pm 0.14 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı 1.11 ± 0.03 'dur ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 10.01'dir.

Kromozom 8: En uzun kromozom olarak boyu $3.99 \pm 0.21 \mu\text{m}$ ve kol oranı 2.02 ± 0.08 'dür. Kol oranına bağlı olarak submetasentrik tipte kromozomdur ve tüm homologların kısa kollarında satellit (NOR) bulunmaktadır ve ortalama satellitin boyu ise kısa kolun uzunluğu kadar $1.02 \mu\text{m}$ 'dir. Nispi boyu **15.23**'dir.



Şekil 4.25 Yalvaç-3 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik



Şekil 4.26 A, B: Yalvaç-3 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, C: karyogram, A plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir

Çizelge 4.13 Yalvaç-3 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip verileri

Çift No	Total (L+S) µm	Uzun kol(L) µm	Kısa kol (S) µm	Kol Orani (AR=L/S)	CI (S*100/(L+S))	Sat	Tip	L%	S%	RL%
1	3.62± 0.20	2.10± 0.12	1.52± 0.09	1.40± 0.05	42	-	m	8.03	5.80	13.82
2	3.42± 0.18	2.15± 0.12	1.27± 0.06	1.68± 0.03	37	-	m	8.19	4.86	13.05
3	3.36± 0.14	1.88± 0.09	1.48± 0.07	1.27± 0.05	44	-	m	7.17	5.66	12.82
4	3.16± 0.16	1.82± 0.10	1.34± 0.07	1.37± 0.05	42	-	m	6.94	5.11	12.05
5	3.11± 0.14	1.69± 0.08	1.41± 0.07	1.21± 0.04	45	-	m	6.46	5.38	11.85
6	2.93± 0.14	1.56± 0.06	1.37± 0.08	1.15± 0.04	47	-	m	5.93	5.23	11.16
7	2.62± 0.14	1.38± 0.07	1.25± 0.07	1.11± 0.03	48	-	m	5.25	4.76	10.01
8	3.99± 0.21	1.99± 0.13	0.99± 0.05	2.02± 0.08	25	1.02	sm	7.58	7.65	15.23
Ortalama	3.28± 0.07	1.82± 0.04	1.33± 0.03	1.40± 0.03						
Toplam (TC)	26.21							55.55	48.45	

Kromozom formülü: $2n=4x=32= 28m+ 4sm^{sat}$, $SC= 2B$, $A_1= 0.255$, $A_2= 0.127$

L: Kromozom uzun kol uzunluğu (µm), **S:** Kromozomun kısa kol uzunluğu (µm), **CI:** Sentromer indeksi, (**m:** Metasentrik, **sm :** Submetasentrik); **Levan vd. (1964)**'a göre sentromer tipi, **Sat:** Satelit, SC= Simetri sınıflaması (**Stebbins (1971)** 2A, Asimetri indeksi: $A_1= 0.255$ ve $A_2=0.127$, **Romero-Zarco (1986)**'ya göre, **N:** Karyotip belirlemede kullanılan mitotik metafaz sayısı, **L%** ve **S%**: Her bir kromozom için her kolun ne oranda olduğunu gösteren indeksler, **RL%:** Görelî kromozom boyları 10.01- 15.23 arasında değişmekte.

4.1.13 Akşehir-2 populasyonunun karyotip özellikleri

Akşehir-2 bölgesinden toplanan yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip analizinde, kromozom sayısı $2n=4x=32$ olarak tespit edilmiştir (Şekil 4.28). Temel kromozom sayısı veya genomu $x=8$ ve autotetraploid olduğundan dolayı karyotipi dörtlü homolog kromozom (8 tetrat kromozom) şeklinde biçimlendirilmiştir. En küçük kromozom $2.39 \pm 0.04 \mu\text{m}$, en büyük kromozom ise $3.47 \pm 0.17 \mu\text{m}$ uzunluğundadır ve dört satellit veya Nükleer Organizatör Bölgesine sahip oldukları net bir şekilde belirlenmiştir (Şekil 4.27, 4.28). Haploit kromozom uzunluğu $22.38 \mu\text{m}$ 'dir. 8. kromozom submetasentrik tipinde ve diğerleri ise metasentriktir. Kromozomların nispi boyları 10.67- 15.50 arasında değişmektedir ve ortalama kromozom uzunluğu bu populasyonunda $3.28 \pm 0.07 \mu\text{m}$ 'dir (Çizelge 4.14). Her kromozom için ayrıntılı bilgiler aşağıda verilmiştir.

Kromozom 1: Boyu $3.07 \pm 0.02 \mu\text{m}$ ve kol oranı $1.46 \pm 0.04 \mu\text{m}$ 'dir. Sentromerin yerine bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 13.71'dir.

Kromozom 2: $2.82 \pm 0.04 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.52 ± 0.05 ' dir ve buna bağlı olarak metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu ise 12.61' dir.

Kromozom 3: $2.77 \pm 0.03 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.26 ± 0.06 'dir ve kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.36'dir.

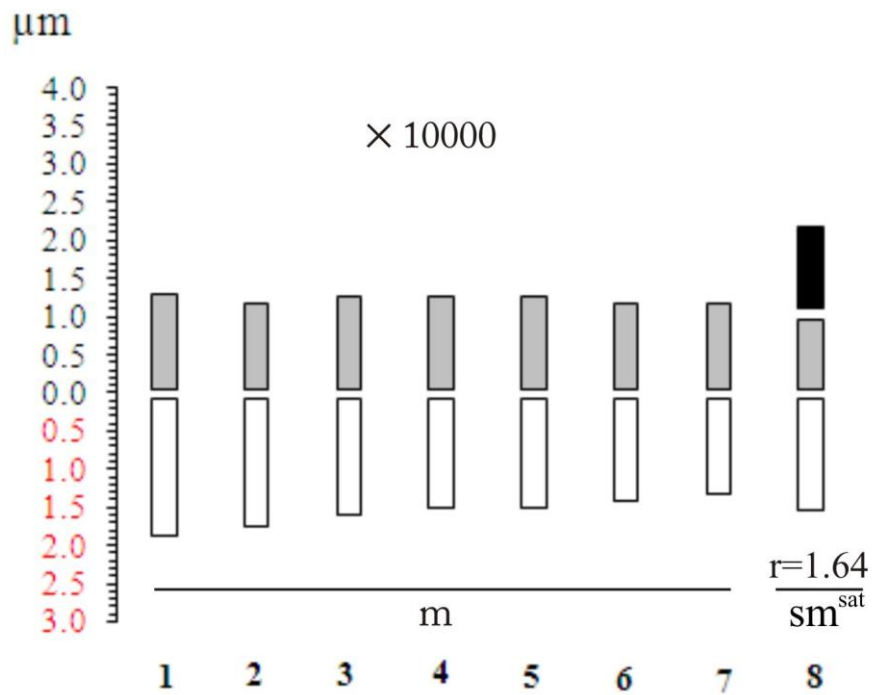
Kromozom 4: $2.69 \pm 0.04 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.17 ± 0.04 'dir ve kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.01'dir.

Kromozom 5: $2.68 \pm 0.03 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.17 ± 0.04 'dir. Kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 11.98'dir.

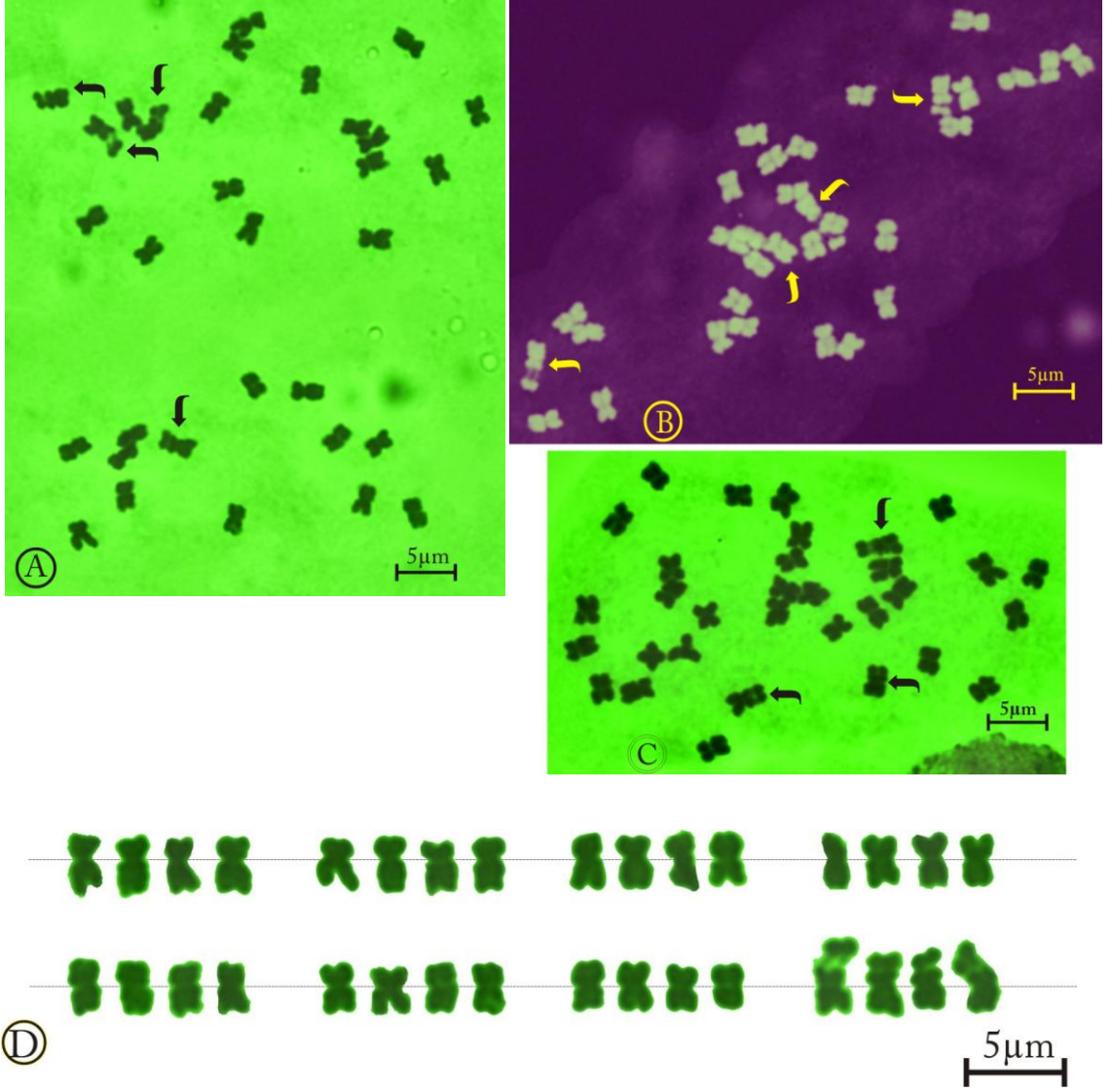
Kromozom 6: Boyu $2.50 \pm 0.02 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı ise 1.20 ± 0.06 'dür ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 11.16'dir.

Kromozom 7: En küçük kromozom boyu $2.39 \pm 0.04 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı 1.11 ± 0.02 'dur ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 10.67'dir.

Kromozom 8: En uzun kromozom olarak boyu $3.47 \pm 0.17 \mu\text{m}$ ve kol oranı 1.64 ± 0.08 'dür. Kol oranına bağlı olarak metasentrik veya submetasentrike yakın tipte kromozomdur ve tüm homologların kısa kollarında satellit (NOR) bulunmaktadır ve satellitin ortalama boyu ise kısa kolun uzunluğu kadar $1.09 \mu\text{m}$ 'dir. Nispi boyu 15.50'dir.



Şekil 4.27 Akşehir-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik



Şekil 4.28 A, B, C: Akşehir-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, D: karyogram, A plakasının kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir

Çizelge 4.14 Akşehir-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip verileri

Çift No	Total (L+S) µm	Uzun kol(L) µm	Kısa kol (S) µm	Kol Oranı (AR=L/S)	CI (S*100/(L+S))	Sat	Tip	L%	S%	RL%
1	3.07± 0.02	1.82± 0.02	1.25± 0.02	1.46± 0.04	41	-	m	8.13	5.59	13.71
2	2.82± 0.04	1.70± 0.04	1.13± 0.03	1.52± 0.05	40	-	m	7.58	5.03	12.61
3	2.77± 0.03	1.53± 0.04	1.23± 0.04	1.26± 0.06	45	-	m	6.85	5.51	12.36
4	2.69± 0.04	1.45± 0.03	1.24± 0.03	1.17± 0.04	46	-	m	6.47	5.54	12.01
5	2.68± 0.03	1.44± 0.03	1.24± 0.02	1.17± 0.04	46	-	m	6.44	5.54	11.98
6	2.50± 0.02	1.36± 0.03	1.14± 0.03	1.20± 0.06	46	-	m	6.08	5.08	11.16
7	2.39± 0.04	1.26± 0.02	1.13± 0.03	1.11± 0.02	47	-	m	5.62	5.05	10.67
8	3.47± 0.17	1.47± 0.05	0.91± 0.05	1.64± 0.08	26	1.09	~sm	6.56	8.93	15.50
Ortalama	2.80± 0.05	1.50± 0.02	1.16± 0.02	1.32± 0.03						
Toplam (TC)	22.38							53.73	46.26	

Kromozom formülü: $2n=4x=32= 28m+ 4\sim sm^{sat}$, $SC= 2A$, $A_1= 0.222$, $A_2= 0.130$

L: Kromozom uzun kol uzunluğu (µm), **S:** Kromozomun kısa kol uzunluğu (µm), **CI:** Sentromer indeksi, (**m:** Metasentrik, **sm :** Submetasentrik); **Levan vd. (1964)**'a göre sentromer tipi, **Sat:** Satelit, SC= Simetri sınıflaması (**Stebbins (1971)** 2A, Asimetri indeksi: $A_1= 0.222$ ve $A_2=0.130$, **Romero-Zarco (1986)**'ya göre, **N:** Karyotip belirlemede kullanılan mitotik metafaz sayısı, **L%** ve **S%:** Her bir kromozom için her kolun ne oranda olduğunu gösteren indeksler, **RL%:** Göreli kromozom boyları 10.67- 15.50 arasında değişmekte.

4.1.14 Keçiborlu-3 populasyonunun karyotip özellikleri

Keçiborlu-3 bölgesinden toplanan yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip analizinde, kromozom sayısı $2n=4x=32$ olarak tespit edilmiştir (Şekil 4.30). Temel kromozom sayısı veya genomu $x=8$ ve autotetraploid olduğundan dolayı karyotipi dörtlü homolog kromozom (8 tetrat kromozom) şeklinde biçimlendirilmiştir. En küçük kromozom $2.69 \pm 0.12 \mu\text{m}$, en büyük kromozom ise $3.55 \pm 0.09 \mu\text{m}$ uzunluğundadır ve dört satellit veya Nükleer Organizatör Bölgesine sahip oldukları net bir şekilde belirlenmiştir (Şekil 4.29, 4.30). Haploit kromozom uzunluğu $25.25 \mu\text{m}$ 'dir. Kromozom 1 ve 8 submetasentrik tipinde ve diğerleri ise metasentriktir. Kromozomların nispi boyları 10.64- 14.08 arasında değişmektedir ve ortalama kromozom uzunluğu bu populasyonunda $3.15 \pm 0.05 \mu\text{m}$ 'dir (Çizelge 4.15). Her kromozom için ayrıntılı bilgiler aşağıda verilmiştir.

Kromozom 1: Boyu $3.41 \pm 0.16 \mu\text{m}$ ve kol oranı 1.76 ± 0.03 μm 'dir. Sentromerin yerine bağlı olarak submetasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 13.52'dir.

Kromozom 2: $3.38 \pm 0.13 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.33 ± 0.06 ' dir ve buna bağlı olarak metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu ise 13.40' dir.

Kromozom 3: $3.24 \pm 0.13 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.31 ± 0.04 'dir ve kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.83'dir.

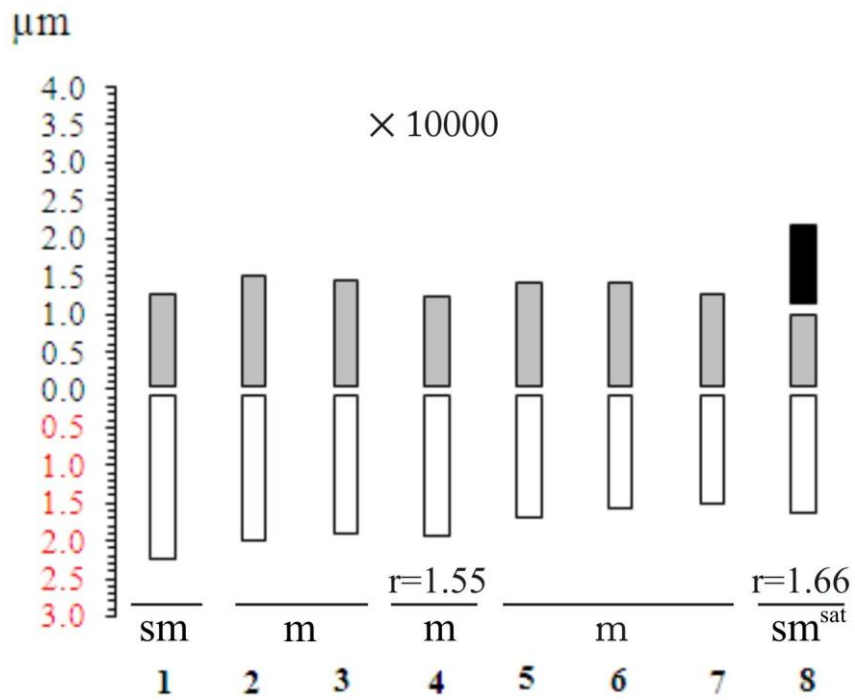
Kromozom 4: $3.08 \pm 0.13 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.55 ± 0.06 'dir ve kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.21'dir.

Kromozom 5: $3.01 \pm 0.14 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.20 ± 0.06 'dir. Kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 11.94'dir.

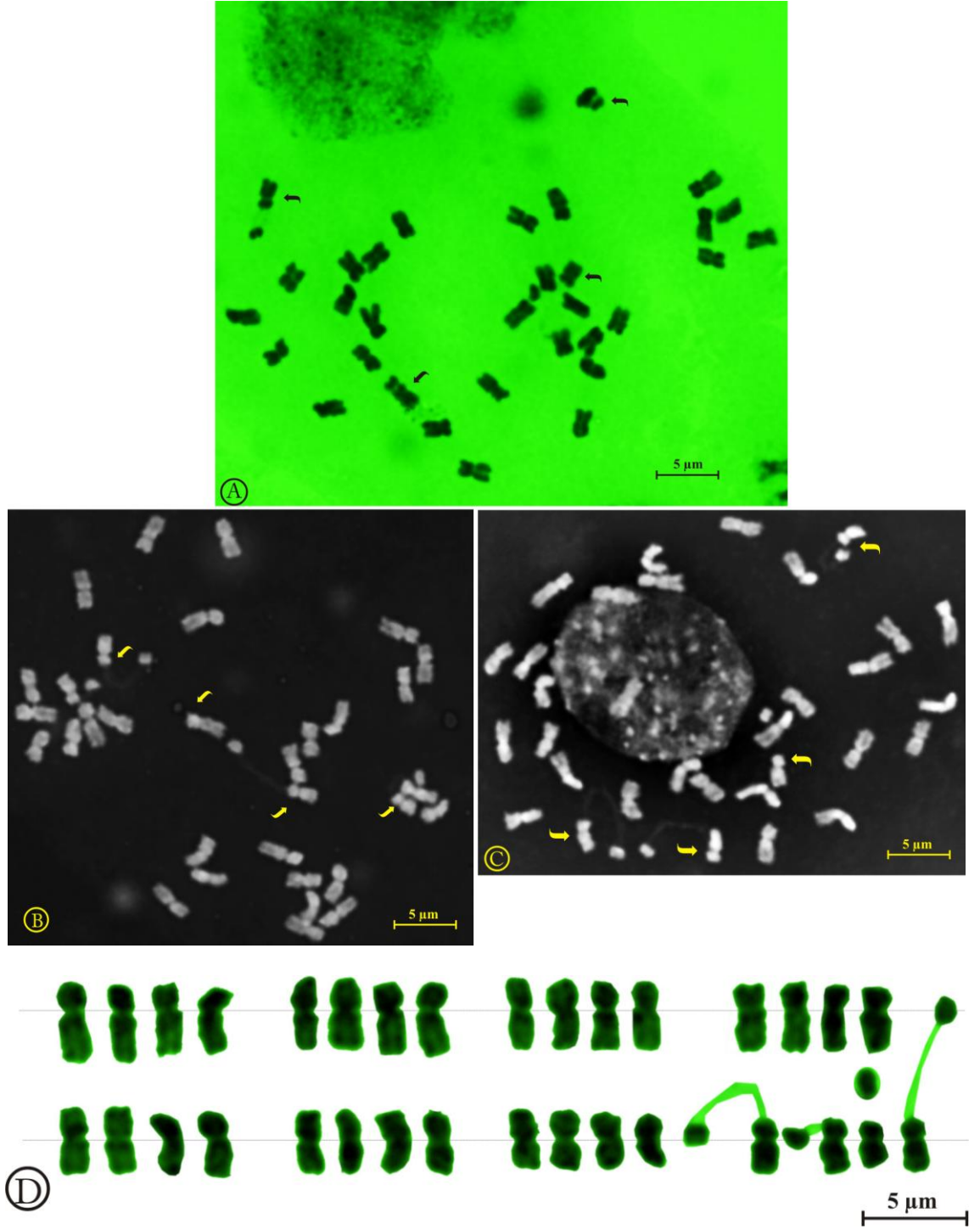
Kromozom 6: Boyu $2.88 \pm 0.12 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı ise 1.11 ± 0.03 'dür ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 11.40'dir.

Kromozom 7: En küçük kromozom boyu $2.69 \pm 0.12 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı 1.20 ± 0.05 'dur ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 10.64'dir.

Kromozom 8: En uzun kromozom olarak boyu $3.55 \pm 0.09 \mu\text{m}$ ve kol oranı 1.66 ± 0.08 'dür. Kol oranına bağlı olarak metasentrik veya submetasentrike yakın tipte kromozomdur ve tüm homologların kısa kollarında satellit (NOR) bulunmaktadır ve ortalama satellitin boyu ise kısa kolun uzunluğu kadar $1.01 \mu\text{m}$ 'dir. Nispi boyu 14.80'dir.



Şekil 4.29 Keçiborlu-3 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik



Şekil 4.30 A, B, C: Keçiborlu-3 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, D: karyogram, B plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir

Çizelge 4.15 Keçiborlu-3 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip verileri

Çift No	Total (L+S) µm	Uzun kol(L) µm	Kısa kol (S) µm	Kol Orani (AR=L/S)	CI (S*100/(L+S))	Sat	Tip	L%	S%	RL%
1	3.41± 0.16	2.18± 0.10	1.24± 0.06	1.76± 0.03	36	-	sm	8.62	4.91	13.52
2	3.38± 0.13	1.93± 0.09	1.46± 0.05	1.33± 0.06	43	-	m	7.64	5.77	13.40
3	3.24± 0.13	1.83± 0.09	1.40± 0.06	1.31± 0.04	43	-	m	7.27	5.56	12.83
4	3.08± 0.13	1.87± 0.10	1.21± 0.04	1.55± 0.06	40	-	m	7.42	4.78	12.21
5	3.01± 0.14	1.63± 0.08	1.38± 0.07	1.20± 0.06	46	-	m	6.47	5.47	11.94
6	2.88± 0.12	1.51± 0.06	1.37± 0.07	1.11± 0.03	47	-	m	5.98	5.42	11.40
7	2.69± 0.12	1.46± 0.07	1.23± 0.07	1.20± 0.05	46	-	m	5.77	4.86	10.64
8	3.55± 0.09	1.58± 0.05	0.97± 0.04	1.66± 0.08	27	1.01	~sm	6.25	7.83	14.08
Ortalama	3.15± 0.05	1.75± 0.04	1.28± 0.02	1.39± 0.03						
Toplam (TC)	25.25							55.42	44.60	

Kromozom formülü: $2n=4x=32= 24m+ 4sm+ 4\sim sm^{sat}$, SC= 2B, $A_1= 0.257$, $A_2= 0.096$

L: Kromozom uzun kol uzunluğu (µm), **S:** Kromozomun kısa kol uzunluğu (µm), **CI:** Sentromer indeksi, (**m:** Metasentrik, **sm :** Submetasentrik); **Levan vd. (1964)**'a göre sentromer tipi, **Sat:** Satelit, SC= Simetri sınıflaması (**Stebbins (1971)** 2A, Asimetri indeksi: $A_1= 0.257$ ve $A_2=0.096$, **Romero-Zarco (1986)**'ya göre, **N:** Karyotip belirlemede kullanılan mitotik metafaz sayısı, **L%** ve **S%**: Her bir kromozom için her kolun ne oranda olduğunu gösteren indeksler, **RL%:** Görelî kromozom boyları 10.64- 14.08 arasında değişmekte.

4.1.15 Uluborlu-1 populasyonunun karyotip özellikleri

Uluborlu-1 bölgesinden toplanan yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip analizinde, kromozom sayısı $2n=4x=32$ olarak tespit edilmiştir (Şekil 4.32). Temel kromozom sayısı veya genomu $x=8$ ve autotetraploid olduğundan dolayı karyotipi dörtlü homolog kromozom (8 tetrat kromozom) şeklinde biçimlendirilmiştir. En küçük kromozom $3.45 \pm 0.13 \mu\text{m}$, en büyük kromozom ise $4.67 \pm 0.15 \mu\text{m}$ uzunluğundadır ve dört satellit veya Nükleer Organizatör Bölgesine sahip oldukları net bir şekilde belirlenmiştir (Şekil 4.31, 4.32). Haploit kromozom uzunluğu $32.62 \mu\text{m}$ 'dir. Kromozom 2, 4 ve 8 submetasentrik tipinde ve diğerleri ise metasentriktir. Kromozomların nispi boyları 10.58- 14.33 arasında değişmektedir ve ortalama kromozom uzunluğu bu populasyonunda $4.08 \pm 0.07 \mu\text{m}$ 'dir (Çizelge 4.16). Her kromozom için ayrıntılı bilgiler aşağıda verilmiştir.

Bu populasyonun karyotip yapısında farklı tipte olan 8. kromozomun homologlarında heteromorfik kromozom belirlenmiştir (Şekil 4.32 A,B).

Kromozom 1: Boyu $4.64 \pm 0.15 \mu\text{m}$ ve kol oranı $1.41 \pm 0.08 \mu\text{m}$ 'dir. Sentromerin yerine bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 14.24'dir.

Kromozom 2: $4.31 \pm 0.12 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.73 ± 0.08 ' dir ve buna bağlı olarak submetasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu ise 13.20' dir.

Kromozom 3: $4.15 \pm 0.16 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.26 ± 0.08 'dir ve kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.73'dir.

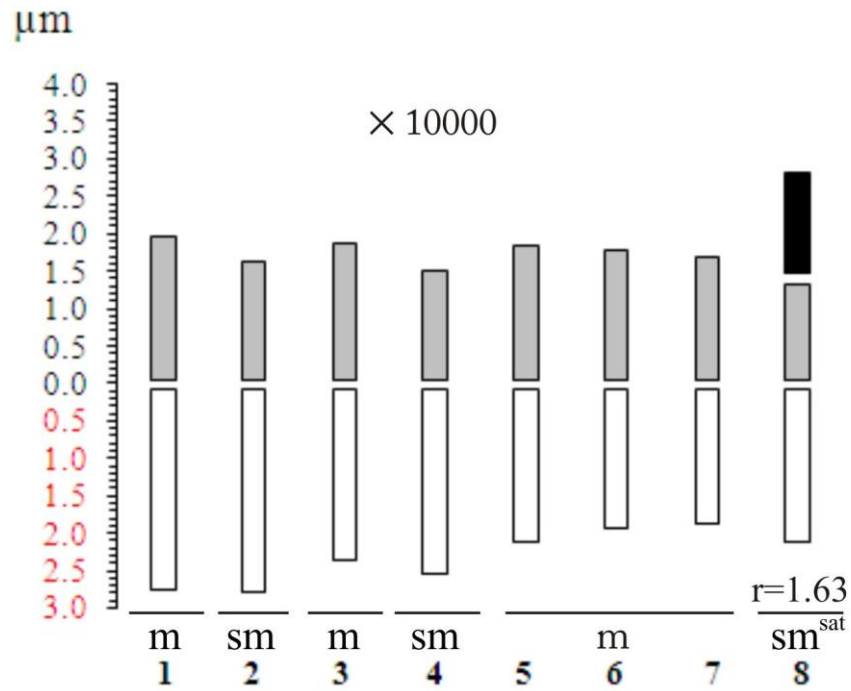
Kromozom 4: $3.93 \pm 0.12 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.70 ± 0.08 'dir ve kol oranına göre submetasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.06'dir.

Kromozom 5: $3.84 \pm 0.15 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.14 ± 0.02 'dir. Kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 11.79'dir.

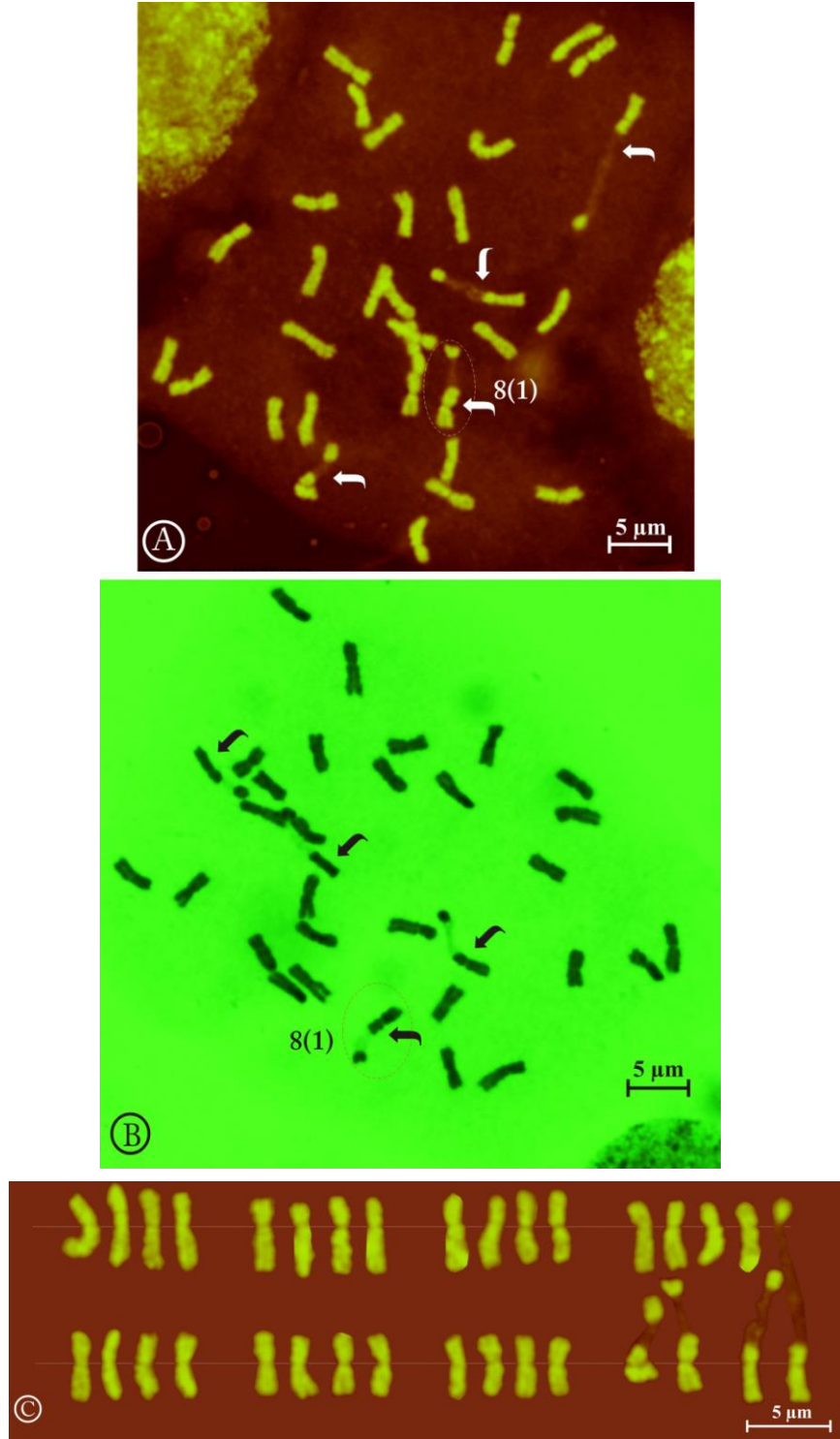
Kromozom 6: Boyu $3.61 \pm 0.11 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı ise 1.08 ± 0.02 'dür ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 11.06'dır.

Kromozom 7: En küçük kromozom boyu $3.45 \pm 0.13 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı 1.09 ± 0.03 'dur ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 10.58'dir.

Kromozom 8: En uzun kromozom olarak boyu $4.67 \pm 0.15 \mu\text{m}$ ve kol oranı 1.63 ± 0.12 'dür. Kol oranına bağlı olarak metasentrik veya submetasentrike yakın tipte kromozomdur ve tüm homologların kısa kollarında satellit (NOR) bulunmaktadır ve ortalama satellitin boyu ise kısa kolun uzunluğu kadar $1.32 \mu\text{m}$ 'dir. Nispi boyu **14.33**'dir. Bu kromozomun homologlarında metasentrik tipinde bir heteromorfik kromozom görülmüştür ve 8(1) ile gösterilmiş (Şekil 4.32 A,B).



Şekil 4.31 Uluborlu-1 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik



Şekil 4.32 A, B: Uluborlu-1 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, C: karyogram, A plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom ve heteromorfik kromozom oklarla gösterilmektedir

Çizelge 4.16 Uluborlu-1 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip verileri

Çift No	Total (L+S) µm	Uzun kol(L) µm	Kısa kol (S) µm	Kol Oranı (AR=L/S)	CI (S*100/(L+S))	Sat	Tip	L%	S%	RL%
1	4.64± 0.15	2.71± 0.13	1.94± 0.06	1.41± 0.08	42	-	m	8.30	5.93	14.24
2	4.31± 0.12	2.72± 0.08	1.59± 0.07	1.73± 0.08	37	-	sm	8.34	4.86	13.20
3	4.15± 0.16	2.31± 0.12	1.85± 0.08	1.26± 0.08	45	-	m	7.07	5.66	12.73
4	3.93± 0.12	2.47± 0.10	1.46± 0.05	1.70± 0.08	37	-	sm	7.57	4.49	12.06
5	3.84± 0.15	2.04± 0.08	1.80± 0.07	1.14± 0.02	47	-	m	6.27	5.52	11.79
6	3.61± 0.11	1.88± 0.06	1.73± 0.06	1.08± 0.02	48	-	m	5.75	5.31	11.06
7	3.45± 0.13	1.80± 0.09	1.65± 0.04	1.09± 0.03	48	-	m	5.52	5.06	10.58
8	4.67± 0.15	2.05± 0.08	1.30± 0.08	1.63± 0.12	28	1.32	~sm	6.30	8.04	14.33
Ortalama	4.08± 0.07	2.25± 0.05	1.66± 0.03	1.38± 0.04						
Toplam (TC)	32.62							55.12	44.87	

Kromozom formülü: $2n=4x=32= 20m+ 8sm+ 4\sim sm^{sat}$, SC= 2B, $A_1= 0.242$, $A_2= 0.109$

L: Kromozom uzun kol uzunluğu (µm), **S:** Kromozomun kısa kol uzunluğu (µm), **CI:** Sentromer indeksi, (**m:** Metasentrik, **sm :** Submetasentrik); **Levan vd. (1964)**'a göre sentromer tipi, **Sat:** Satelit, **SC=** Simetri sınıflaması (**Stebbins (1971)** 2A, Asimetri indeksi: $A_1= 0.242$ ve $A_2=0.109$, **Romero-Zarco (1986)**'ya göre, **N:** Karyotip belirlemede kullanılan mitotik metafaz sayısı, **L%** ve **S%:** Her bir kromozom için her kolun ne oranda olduğunu gösteren indeksler, **RL%:** Görelî kromozom boyları 10.58- 14.33 arasında değişmekte.

4.1.16 Uluborlu-2 populasyonunun karyotip özellikleri

Uluborlu-2 bölgesinden toplanan yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip analizinde, kromozom sayısı $2n=4x=32$ olarak tespit edilmiştir (Şekil 4.34). Temel kromozom sayısı veya genomu $x=8$ ve autotetraploid olduğundan dolayı karyotipi dörtlü homolog kromozom (8 tetrat kromozom) şeklinde biçimlendirilmiştir. En küçük kromozom $2.99 \pm 0.05 \mu\text{m}$, en büyük kromozom ise $4.31 \pm 0.05 \mu\text{m}$ uzunluğundadır. 8. kromozomda dört satellit veya Nükleer Organizatör Bölgesine sahip oldukları net bir şekilde belirlenmiştir (Şekil 4.33, 4.34). Haploit kromozom uzunluğu $29.92 \mu\text{m}$ 'dir. Kromozom 2, 4 ve 8 submetasentrik tipinde ve diğerleri ise metasentriktir. Kromozomların nispi boyları 10.01- 14.40 arasında değişmektedir ve ortalama kromozom uzunluğu bu populasyonda $3.74 \pm 0.06 \mu\text{m}$ 'dir (Çizelge 4.17). Her kromozom için ayrıntılı bilgiler aşağıda verilmiştir.

Kromozom 1: En uzun kromozom olarak boyu $4.31 \pm 0.05 \mu\text{m}$ ve kol oranı 1.43 ± 0.05 μm 'dir. Sentromerin yerine bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 14.40'dir.

Kromozom 2: $4.03 \pm 0.06 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.61 ± 0.12 ' dir ve buna bağlı olarak metasentrik veya submetasentrike yakın tipte kromozomdur. Nispi boyu ise 13.48' dir.

Kromozom 3: $3.92 \pm 0.05 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.17 ± 0.03 'dir ve kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 13.11'dir.

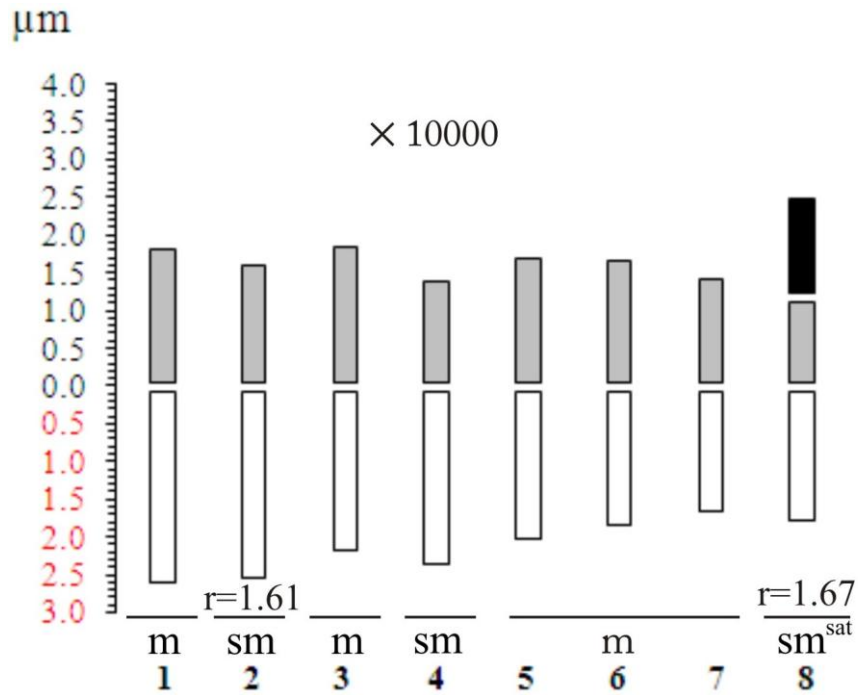
Kromozom 4: $3.64 \pm 0.05 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.70 ± 0.05 'dir ve kol oranına göre submetasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.18'dir.

Kromozom 5: $3.60 \pm 0.05 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.20 ± 0.06 'dir. Kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.05'dir.

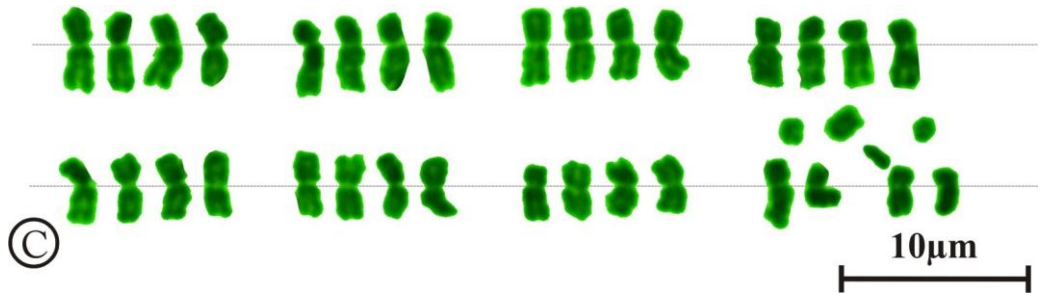
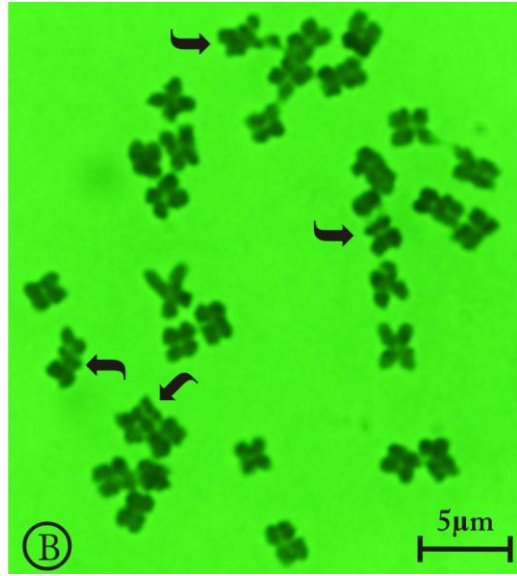
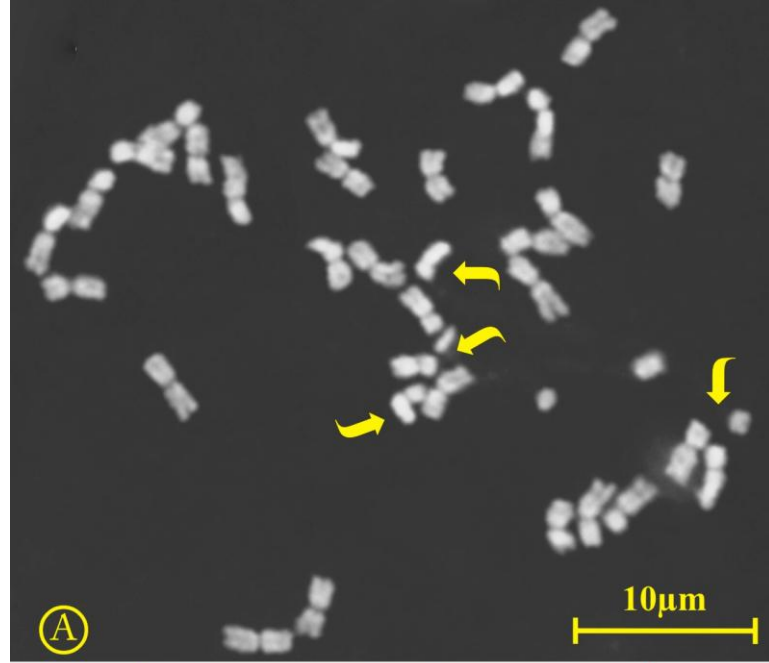
Kromozom 6: Boyu $3.39 \pm 0.06 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı ise 1.09 ± 0.02 'dür ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 11.35'dir.

Kromozom 7: En küçük kromozom boyu $2.99 \pm 0.05 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı 1.17 ± 0.08 'dur ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 10.01'dir.

Kromozom 8: Boyu $4.02 \pm 0.26 \mu\text{m}$ ve kol oranı 1.67 ± 0.11 'dür. Kol oranına bağlı olarak metasentrik veya submetasentrike yakın tipte kromozomdur ve tüm homologların kısa kollarında satellit (NOR) bulunmaktadır ve ortalama satellitin boyu ise kısa kolun uzunluğundan uzun, $1.23 \mu\text{m}$ 'dir. Nispi boyu **13.42**'dir.



Şekil 4.33 Uluborlu-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik



Şekil 4.34 A, B: Uluborlu-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, C: karyogram, A plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir

Çizelge 4.17 Uluborlu-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip verileri

Çift No	Total (L+S) µm	Uzun kol(L) µm	Kısa kol (S) µm	Kol Oranı (AR=L/S)	CI (S*100/(L+S))	Sat	Tip	L%	S%	RL%
1	4.31± 0.05	2.53± 0.05	1.78± 0.04	1.43± 0.05	41	-	m	8.45	5.95	14.40
2	4.03± 0.06	2.47± 0.09	1.57± 0.07	1.61± 0.12	39	-	~sm	8.25	5.23	13.48
3	3.92± 0.05	2.11± 0.03	1.81± 0.04	1.17± 0.03	46	-	m	7.05	6.05	13.11
4	3.64± 0.05	2.29± 0.04	1.35± 0.03	1.70± 0.05	37	-	sm	7.66	4.52	12.18
5	3.60± 0.05	1.96± 0.07	1.65± 0.03	1.20± 0.06	46	-	m	6.54	5.50	12.05
6	3.39± 0.06	1.77± 0.04	1.62± 0.02	1.09± 0.02	48	-	m	5.92	5.43	11.35
7	2.99± 0.05	1.60± 0.05	1.39± 0.05	1.17± 0.08	46	-	m	5.36	4.65	10.01
8	4.02± 0.26	1.73± 0.10	1.06± 0.08	1.67± 0.11	26	1.23	~sm	5.78	7.64	13.42
Ortalama	3.74± 0.06	2.06± 0.05	1.53± 0.03	1.38± 0.04						
Toplam (TC)	29.92							55.01	44.97	

Kromozom formülü: $2n=4x=32= 20m+ 4sm+ 4\sim sm+ 4\sim sm^{sat}$, **SC**= 2B, **A**₁= 0.245, **A**₂= 0.110

L: Kromozom uzun kol uzunluğu (µm), **S**: Kromozomun kısa kol uzunluğu (µm), **CI**: Sentromer indeksi, (**m**: Metasentrik, **sm** : Submetasentrik); **Levan vd. (1964)**'a göre sentromer tipi, **Sat**: Satelit, **SC**= Simetri sınıflaması (**Stebbins (1971)** 2A, Asimetri indeksi: **A**₁= 0.245 ve **A**₂=0.110, **Romero-Zarco (1986)**'ya göre, **N**: Karyotip belirlemede kullanılan mitotik metafaz sayısı, **L%** ve **S%**: Her bir kromozom için her kolun ne oranda olduğunu gösteren indeksler, **RL%**: Görelî kromozom boyları 10.01- 14.40 arasında değişmekte.

4.1.17 Senirkent-2 populasyonunun karyotip özellikleri

Senirkent-2 bölgesinden toplanan yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip analizinde, kromozom sayısı $2n=4x=32$ olarak tespit edilmiştir (Şekil 4.36). Temel kromozom sayısı veya genomu $x=8$ ve autotetraploid olduğundan dolayı karyotipi dörtlü homolog kromozom (8 tetrat kromozom) şeklinde biçimlendirilmiştir. En küçük kromozom $2.67 \pm 0.15 \mu\text{m}$, en büyük kromozom ise $3.59 \pm 0.21 \mu\text{m}$ uzunluğundadır ve dört satellit veya Nükleer Organizatör Bölgesine sahip oldukları net bir şekilde belirlenmiştir (Şekil 4.35, 4.36). Haploit kromozom uzunluğu $25.02 \mu\text{m}$ 'dir. Kromozom 8 submetasentrik tipinde ve diğerleri ise metasentriktir. Kromozomların nispi boyları 10.67- 14.33 arasında değişmektedir ve ortalama kromozom uzunluğu bu populasyonunda $3.13 \pm 0.07 \mu\text{m}$ 'dir (Çizelge 4.18). Her kromozom için ayrıntılı bilgiler aşağıda verilmiştir.

Kromozom 1: Boyu $3.51 \pm 0.19 \mu\text{m}$ ve kol oranı $1.45 \pm 0.08 \mu\text{m}$ 'dir. Sentromerin yerine bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 14.04'dir.

Kromozom 2: $3.25 \pm 0.19 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.26 ± 0.04 ' dir ve buna bağlı olarak metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu ise 12.98' dir.

Kromozom 3: $3.22 \pm 0.18 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.47 ± 0.03 'dir ve kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.86'dir.

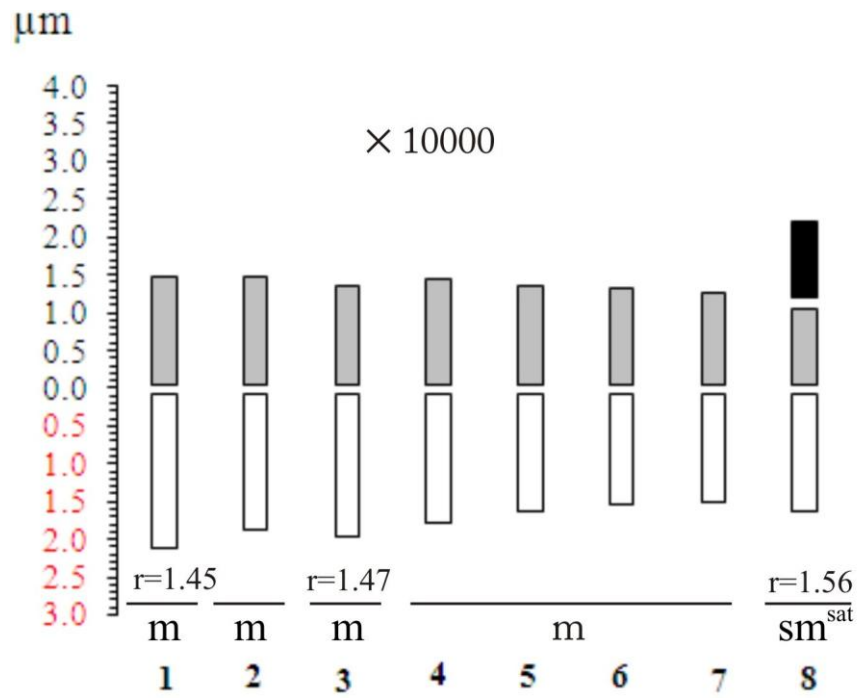
Kromozom 4: $3.14 \pm 0.20 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.23 ± 0.03 'dir ve kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.53'dir.

Kromozom 5: $2.88 \pm 0.19 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.23 ± 0.04 'dir. Kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 11.51'dir.

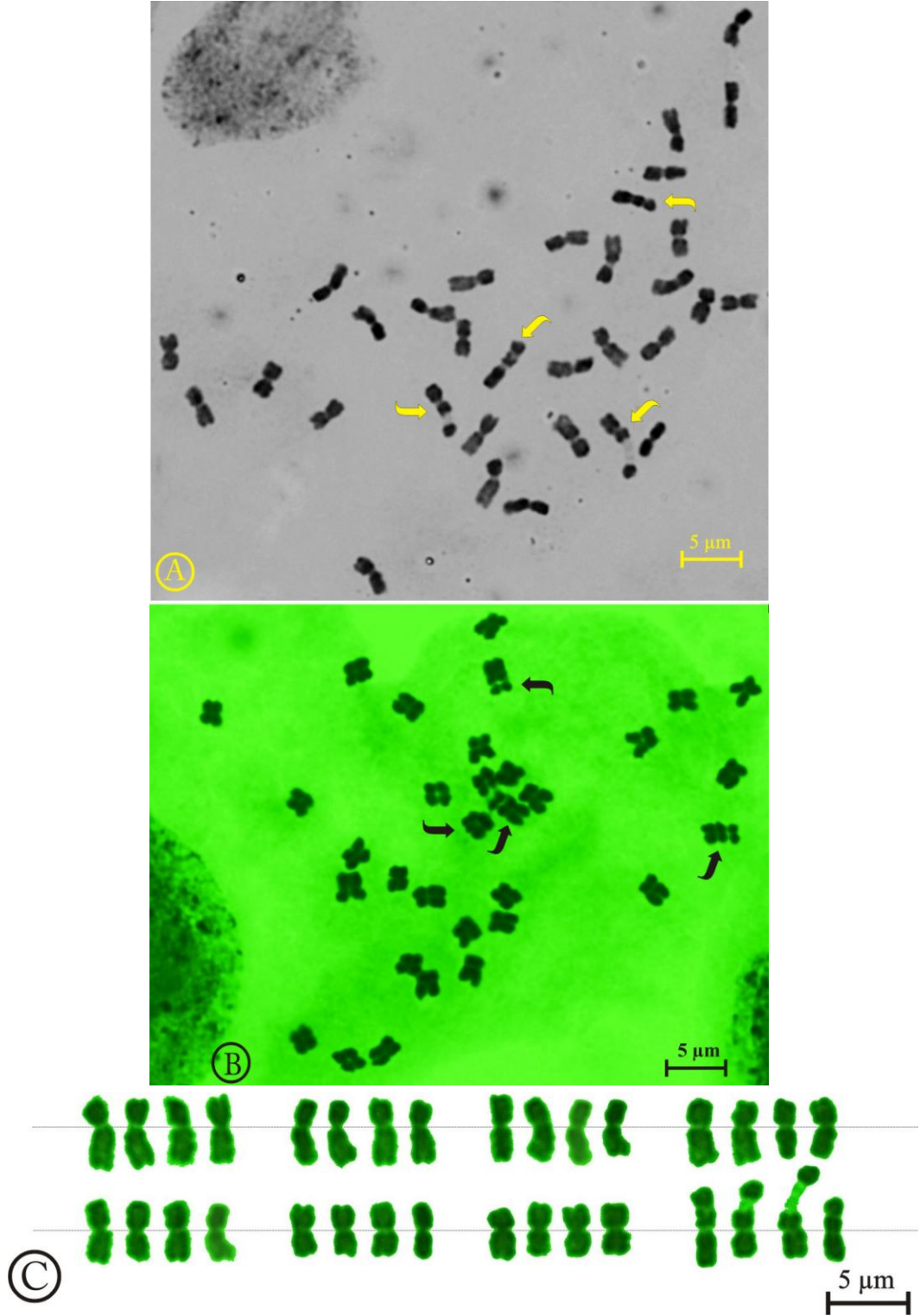
Kromozom 6: Boyu $2.77 \pm 0.16 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı ise 1.14 ± 0.04 'dür ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 11.07'dir.

Kromozom 7: En küçük kromozom boyu $2.67 \pm 0.15 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı 1.19 ± 0.05 'dur ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 10.67'dir.

Kromozom 8: En uzun kromozom olarak boyu $3.59 \pm 0.21 \mu\text{m}$ ve kol oranı 1.56 ± 0.05 'dür. Kol oranına bağlı olarak metasentrik veya submetasentrike yakın tipte kromozomdur ve tüm homologların kısa kollarında satellit (NOR) bulunmaktadır ve ortalama satellitin boyu ise kısa kolun uzunluğu kadar $1.02 \mu\text{m}$ 'dir. Nispi boyu 14.33'dir.



Şekil 4.35 Senirkent-2 yonca (*Medicago sativa* L.) popülasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik



Şekil 4.36 A, B: Senirkent-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, C: karyogram, A plakanın kromozomlarından yapılmış (2n=4x=32), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir

Çizelge 4.18 Senirkent-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip verileri

Çift No	Total (L+S) µm	Uzun kol(L) µm	Kısa kol (S) µm	Kol Oranı (AR=L/S)	CI (S*100/(L+S))	Sat	Tip	L%	S%	RL%
1	3.51± 0.19	2.07± 0.13	1.45± 0.09	1.45± 0.08	41	-	m	8.27	5.78	14.04
2	3.25± 0.19	1.81± 0.11	1.44± 0.09	1.26± 0.04	44	-	m	7.23	5.75	12.98
3	3.22± 0.18	1.91± 0.11	1.31± 0.07	1.47± 0.03	41	-	m	7.64	5.22	12.86
4	3.14± 0.20	1.73± 0.12	1.41± 0.09	1.23± 0.03	45	-	m	6.90	5.63	12.53
5	2.88± 0.19	1.58± 0.09	1.30± 0.10	1.23± 0.04	45	-	m	6.31	5.21	11.51
6	2.77± 0.16	1.47± 0.08	1.30± 0.08	1.14± 0.04	47	-	m	5.87	5.20	11.07
7	2.67± 0.15	1.44± 0.09	1.23± 0.08	1.19± 0.05	46	-	m	5.77	4.90	10.67
8	3.59± 0.21	1.56± 0.09	1.01± 0.06	1.56± 0.05	28	1.02	~sm	6.23	8.10	14.33
Ortalama	3.13± 0.07	1.70± 0.04	1.30± 0.03	1.32± 0.02						
Toplam (TC)	25.02							54.22	45.78	

Kromozom formülü: $2n=4x=32= 28m+ 4\sim sm^{sat}$, $SC= 2B$, $A_1= 0.224$, $A_2= 0.107$

L: Kromozom uzun kol uzunluğu (µm), **S:** Kromozomun kısa kol uzunluğu (µm), **CI:** Sentromer indeksi, (**m:** Metasentrik, **sm :** Submetasentrik); **Levan vd. (1964)**'a göre sentromer tipi, **Sat:** Satelit, **SC=** Simetri sınıflaması (**Stebbins (1971)** 2A, Asimetri indeksi: $A_1= 0.224$ ve $A_2=0.107$, **Romero-Zarco (1986)**'ya göre, **N:** Karyotip belirlemede kullanılan mitotik metafaz sayısı, **L%** ve **S%:** Her bir kromozom için her kolun ne oranda olduğunu gösteren indeksler, **RL%:** Görelî kromozom boyları 10.67- 14.33 arasında değişmekte.

4.1.18 Sandıklı-3 populasyonunun karyotip özellikleri

Sandıklı-3 bölgesinden toplanan yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip analizinde, kromozom sayısı $2n=4x=32$ olarak tespit edilmiştir (Şekil 4.38). Temel kromozom sayısı veya genomu $x=8$ ve autotetraploid olduğundan dolayı karyotipi dörtlü homolog kromozom (8 tetrat kromozom) şeklinde biçimlendirilmiştir. En küçük kromozom $3.21 \pm 0.27 \mu\text{m}$, en büyük kromozom ise $4.45 \pm 0.49 \mu\text{m}$ uzunluğundadır. 8. kromozomda dört satellit veya Nükleer Organizatör Bölgesine sahip oldukları net bir şekilde belirlenmiştir (Şekil 4.37, 4.38). Haploit kromozom uzunluğu $30.88 \mu\text{m}$ 'dir. Kromozom 2 ve 8 submetasentrik tipinde ve diğerleri ise metasentriktir. Kromozomların nispi boyları 10.40- 14.41 arasında değişmektedir ve ortalama kromozom uzunluğu bu populasyonunda $3.86 \pm 0.13 \mu\text{m}$ 'dir (Çizelge 4.19). Her kromozom için ayrıntılı bilgiler aşağıda verilmiştir.

Kromozom 1: En uzun kromozom olarak boyu $4.45 \pm 0.49 \mu\text{m}$ ve kol oranı $1.39 \pm 0.04 \mu\text{m}$ 'dir. Sentromerin yerine bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 14.41'dir.

Kromozom 2: $4.17 \pm 0.42 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.70 ± 0.05 ' dir ve buna bağlı olarak submetasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu ise 13.52' dir.

Kromozom 3: $3.99 \pm 0.39 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.41 ± 0.04 'dir ve kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.91'dir.

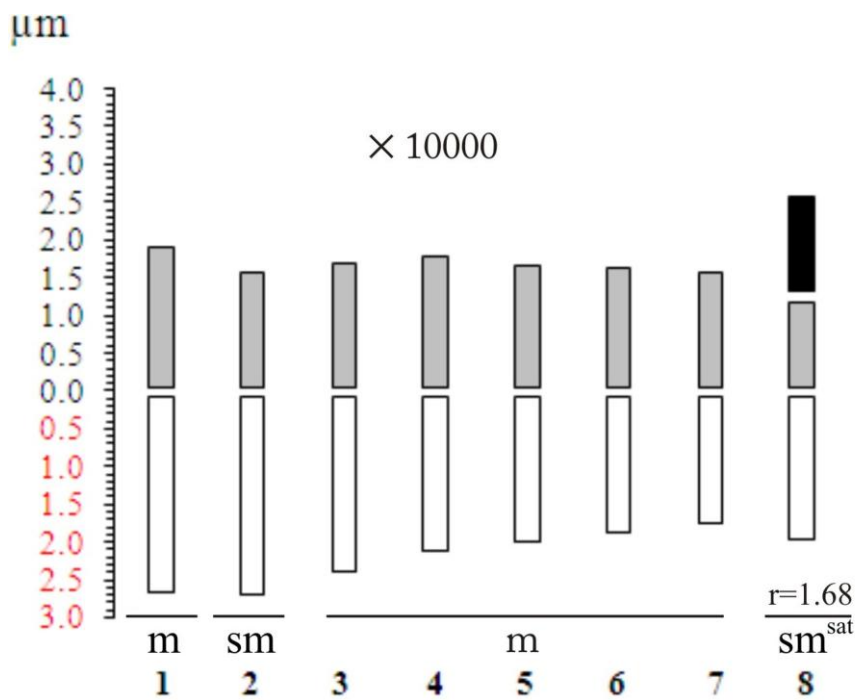
Kromozom 4: $3.78 \pm 0.33 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.18 ± 0.05 'dir ve kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.23'dir.

Kromozom 5: $3.56 \pm 0.32 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.20 ± 0.06 'dir. Kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 11.54'dir.

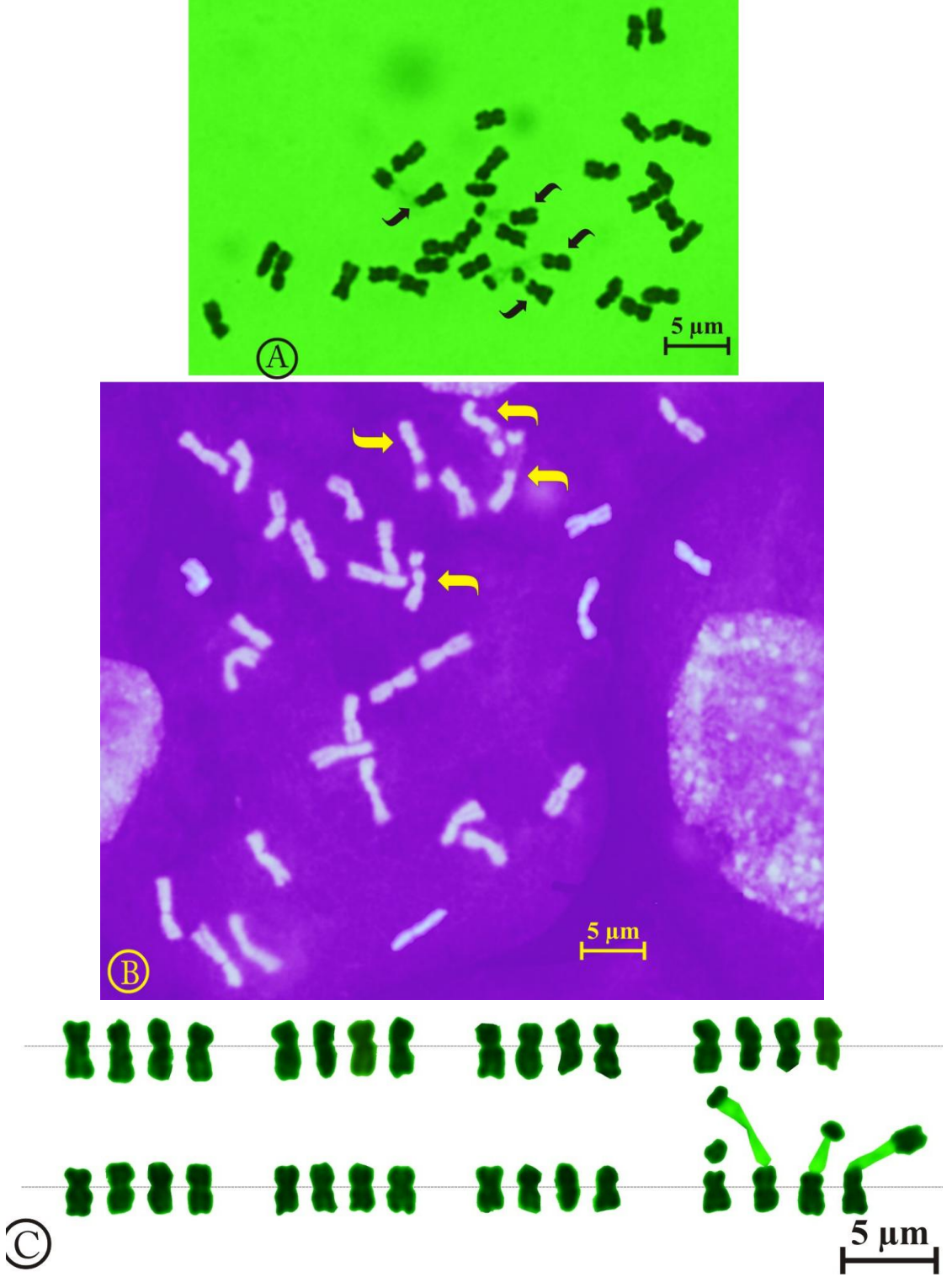
Kromozom 6: Boyu $3.41 \pm 0.31 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı ise 1.14 ± 0.04 'dür ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 11.05'dir.

Kromozom 7: En küçük kromozom boyu $3.21 \pm 0.27 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı 1.11 ± 0.03 'dur ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 10.40'dir.

Kromozom 8: Boyu $4.30 \pm 0.28 \mu\text{m}$ ve kol oranı 1.68 ± 0.11 'dür. Kol oranına bağlı olarak metasentrik veya submetasentrike yakın tipte kromozomdur ve tüm homologların kısa kollarında satellit (NOR) bulunmaktadır ve ortalama satellitin boyu ise kısa kolun uzunluğu kadar veya uzun olarak $1.26 \mu\text{m}$ 'dir. Nispi boyu **13.94**'dir.



Şekil 4.37 Sandıklı-3 yonca (*Medicago sativa* L.) popülasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik



Şekil 4.38 A, B: Sandıklı-3 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, C: karyogram, A plakının kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir

Çizelge 4.19 Sandıklı-3 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip verileri

Çift No	Total (L+S) µm	Uzun kol(L) µm	Kısa kol (S) µm	Kol Oranı (AR=L/S)	CI (S*100/(L+S))	Sat	Tip	L%	S%	RL%
1	4.45± 0.49	2.59± 0.30	1.86± 0.19	1.39± 0.04	42	-	m	8.40	6.01	14.41
2	4.17± 0.42	2.64± 0.29	1.53± 0.13	1.70± 0.05	37	-	sm	8.56	4.96	13.52
3	3.99± 0.39	2.33± 0.23	1.65± 0.17	1.41± 0.04	41	-	m	7.55	5.36	12.91
4	3.78± 0.33	2.04± 0.19	1.73± 0.15	1.18± 0.05	46	-	m	6.62	5.61	12.23
5	3.56± 0.32	1.93± 0.17	1.63± 0.16	1.20± 0.06	46	-	m	6.26	5.27	11.54
6	3.41± 0.31	1.81± 0.16	1.60± 0.15	1.14± 0.04	47	-	m	5.87	5.18	11.05
7	3.21± 0.27	1.68± 0.13	1.53± 0.14	1.11± 0.03	47	-	m	5.45	4.95	10.40
8	4.30± 0.28	1.91± 0.18	1.14± 0.08	1.68± 0.11	27	1.26	~sm	6.18	7.75	13.94
Ortalama	3.86± 0.13	2.12± 0.08	1.58± 0.06	1.35± 0.03						
Toplam (TC)	30.88							54.88	45.10	

Kromozom formülü: $2n=4x=32= 24m+ 4sm+ 4\sim sm^{sat}$, SC= 2B, $A_1= 0.239$, $A_2= 0.114$

L: Kromozom uzun kol uzunluğu (µm), **S:** Kromozomun kısa kol uzunluğu (µm), **CI:** Sentromer indeksi, (**m:** Metasentrik, **sm** : Submetasentrik); **Levan vd. (1964)**'a göre sentromer tipi, **Sat:** Satelit, SC= Simetri sınıflaması (**Stebbins (1971)** 2A, Asimetri indeksi: $A_1= 0.239$ ve $A_2=0.114$, **Romero-Zarco (1986)**'ya göre, **N:** Karyotip belirlemede kullanılan mitotik metafaz sayısı, **L%** ve **S%:** Her bir kromozom için her kolun ne oranda olduğunu gösteren indeksler, **RL%:** Görelî kromozom boyları 10.40- 14.41 arasında değişmekte.

4.1.19 Dinar-1 populasyonunun karyotip özellikleri

Dinar-1 bölgesinden toplanan yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip analizinde, kromozom sayısı $2n=4x=32$ olarak tespit edilmiştir (Şekil 4.40). Temel kromozom sayısı veya genomu $x=8$ ve autotetraploid olduğundan dolayı karyotipi dörtlü homolog kromozom (8 tetrat kromozom) şeklinde biçimlendirilmiştir. En küçük kromozom $3.15 \pm 0.07 \mu\text{m}$, en büyük kromozom ise $4.51 \pm 0.16 \mu\text{m}$ uzunluğundadır ve dört satellit veya Nükleer Organizatör Bölgesine sahip oldukları net bir şekilde belirlenmiştir (Şekil 4.39, 4.40). Haploit kromozom uzunluğu $30.33 \mu\text{m}$ 'dir. Kromozom 2, 4 ve 8 submetasentrik tipinde ve diğerleri ise metasentriktir. Kromozomların nispi boyları 10.39- 14.88 arasında değişmektedir ve ortalama kromozom uzunluğu bu populasyonunda $3.79 \pm 0.06 \mu\text{m}$ 'dir (Çizelge 4.20). Her kromozom için ayrıntılı bilgiler aşağıda verilmiştir.

Kromozom 1: Boyu $4.15 \pm 0.06 \mu\text{m}$ ve kol oranı $1.24 \pm 0.05 \mu\text{m}$ 'dir. Sentromerin yerine bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 13.67'dir.

Kromozom 2: $3.93 \pm 0.05 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.71 ± 0.05 'dir ve buna bağlı olarak submetasentrik tipinde bir kromozomdur. Nispi boyu ise 12.96'dir.

Kromozom 3: $3.81 \pm 0.08 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.31 ± 0.06 'dir ve kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.56'dir.

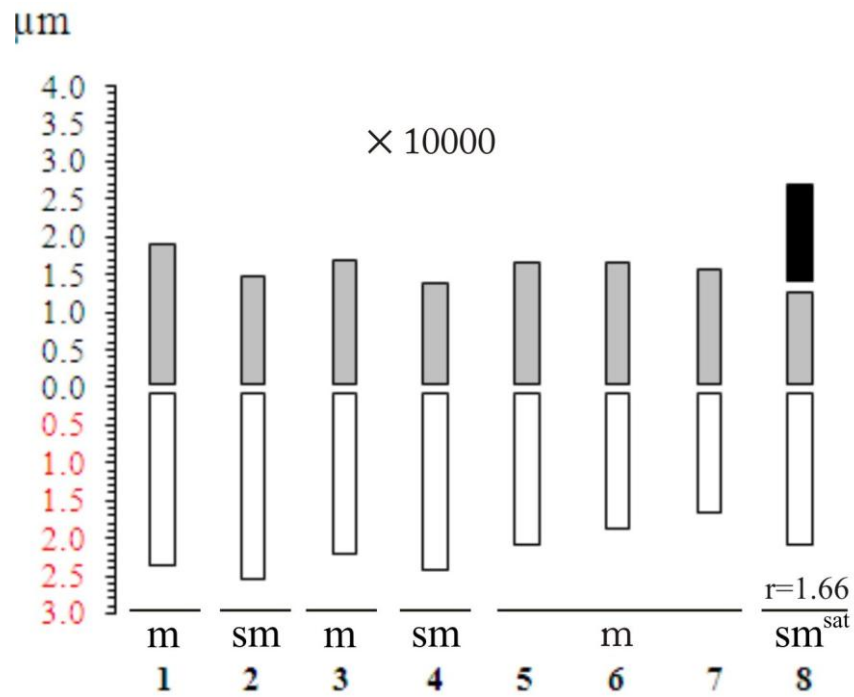
Kromozom 4: $3.70 \pm 0.05 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.78 ± 0.08 'dir ve kol oranına göre submetasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.20'dir.

Kromozom 5: $3.63 \pm 0.07 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.26 ± 0.06 'dir. Kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 11.97'dir.

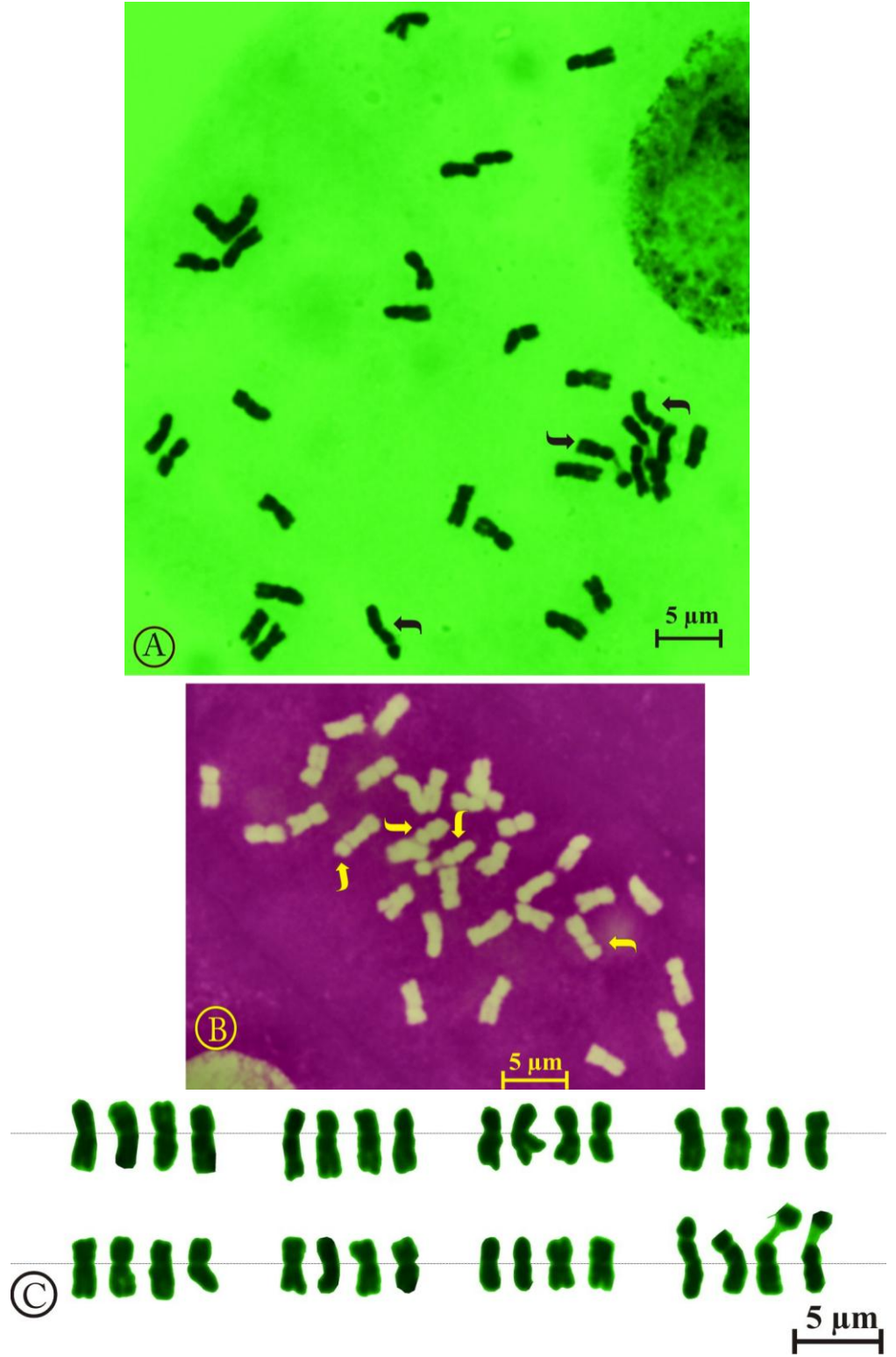
Kromozom 6: Boyu $3.44 \pm 0.08 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı ise 1.12 ± 0.04 'dür ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 11.35'dir.

Kromozom 7: En küçük kromozom boyu $3.15 \pm 0.07 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı 1.05 ± 0.02 'dur ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 10.39'dir.

Kromozom 8: En uzun kromozom olarak boyu $4.51 \pm 0.16 \mu\text{m}$ ve kol oranı 1.66 ± 0.09 'dür. Kol oranına bağlı olarak metasentrik veya submetasentrike yakın tipte kromozomdur ve tüm homologların kısa kollarında satellit (NOR) bulunmaktadır ve ortalama satellitin boyu ise kısa kolun uzunluğu kadar $1.26 \mu\text{m}$ 'dir. Nispi boyu **14.88**'dir.



Şekil 4.39 Dinar-1 yonca (*Medicago sativa* L.) popülasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik



Şekil 4.40 A, B: Dinar-1 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, C: karyogram, A plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir

Çizelge 4.20 Dinar-1 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip verileri

Çift No	Total (L+S) µm	Uzun kol(L) µm	Kısa kol (S) µm	Kol Oranı (AR=L/S)	CI (S*100/(L+S))	Sat	Tip	L%	S%	RL%
1	4.15± 0.06	2.29± 0.06	1.86± 0.04	1.24± 0.05	45	-	m	7.54	6.12	13.67
2	3.93± 0.05	2.48± 0.04	1.45± 0.03	1.71± 0.05	37	-	sm	8.17	4.79	12.96
3	3.81± 0.08	2.16± 0.08	1.65± 0.03	1.31± 0.06	43	-	m	7.11	5.45	12.56
4	3.70± 0.05	2.37± 0.05	1.33± 0.04	1.78± 0.08	36	-	sm	7.80	4.40	12.20
5	3.63± 0.07	2.01± 0.04	1.62± 0.07	1.26± 0.06	45	-	m	6.63	5.34	11.97
6	3.44± 0.08	1.81± 0.04	1.63± 0.05	1.12± 0.04	47	-	m	5.98	5.37	11.35
7	3.15± 0.07	1.61± 0.04	1.54± 0.03	1.05± 0.02	49	-	m	5.32	5.07	10.39
8	4.51± 0.16	2.02± 0.09	1.24± 0.07	1.66± 0.09	27	1.26	~sm	6.65	8.23	14.88
Ortalama	3.79± 0.06	2.09± 0.04	1.54± 0.03	1.39± 0.04						
Toplam (TC)	30.33							55.22	44.77	

Kromozom formülü: $2n=4x=32= 20m+ 8sm+ 4\sim sm^{sat}$, SC= 2B, $A_1= 0.250$, $A_2= 0.109$

L: Kromozom uzun kol uzunluğu (µm), **S:** Kromozomun kısa kol uzunluğu (µm), **CI:** Sentromer indeksi, (**m:** Metasentrik, **sm :** Submetasentrik); **Levan vd. (1964)**'a göre sentromer tipi, **Sat:** Satelit, SC= Simetri sınıflaması (**Stebbins (1971)** 2A, Asimetri indeksi: $A_1= 0.250$ ve $A_2=0.109$, **Romero-Zarco (1986)**'ya göre, **N:** Karyotip belirlemede kullanılan mitotik metafaz sayısı, **L%** ve **S%:** Her bir kromozom için her kolun ne oranda olduğunu gösteren indeksler, **RL%:** Görelî kromozom boyları 10.39- 14.88 arasında değişmekte.

4.1.20 Dinar-2 populasyonunun karyotip özellikleri

Dinar-2 bölgesinden toplanan yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip analizinde, kromozom sayısı $2n=4x=32$ olarak tespit edilmiştir (Şekil 4.42). Temel kromozom sayısı veya genomu $x=8$ ve autotetraploid olduğundan dolayı karyotipi dörtlü homolog kromozom (8 tetrat kromozom) şeklinde biçimlendirilmiştir. En küçük kromozom $2.51 \pm 0.14 \mu\text{m}$, en büyük kromozom ise $3.55 \pm 0.25 \mu\text{m}$ uzunluğundadır ve dört satellit veya Nükleer Organizatör Bölgesine sahip oldukları net bir şekilde belirlenmiştir (Şekil 4.41, 4.42). Haploit kromozom uzunluğu $23.96 \mu\text{m}$ 'dir. Kromozom 1 ve 4 submetasentrik tipinde ve diğerleri ise metasentriktir. Kromozomların nispi boyları 10.48- 14.80 arasında değişmektedir ve ortalama kromozom uzunluğu bu populasyonunda $3.00 \pm 0.08 \mu\text{m}$ 'dir (Çizelge 4.21). Her kromozom için ayrıntılı bilgiler aşağıda verilmiştir.

Kromozom 1: Boyu $3.27 \pm 0.24 \mu\text{m}$ ve kol oranı 1.68 ± 0.04 μm 'dir. Sentromerin yerine bağlı olarak submetasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 13.65'dir.

Kromozom 2: $3.22 \pm 0.22 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.20 ± 0.06 ' dir ve buna bağlı olarak metasentrik tipinde bir kromozomdur. Nispi boyu ise 13.45' dir.

Kromozom 3: $2.96 \pm 0.20 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.24 ± 0.04 'dir ve kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.34'dir.

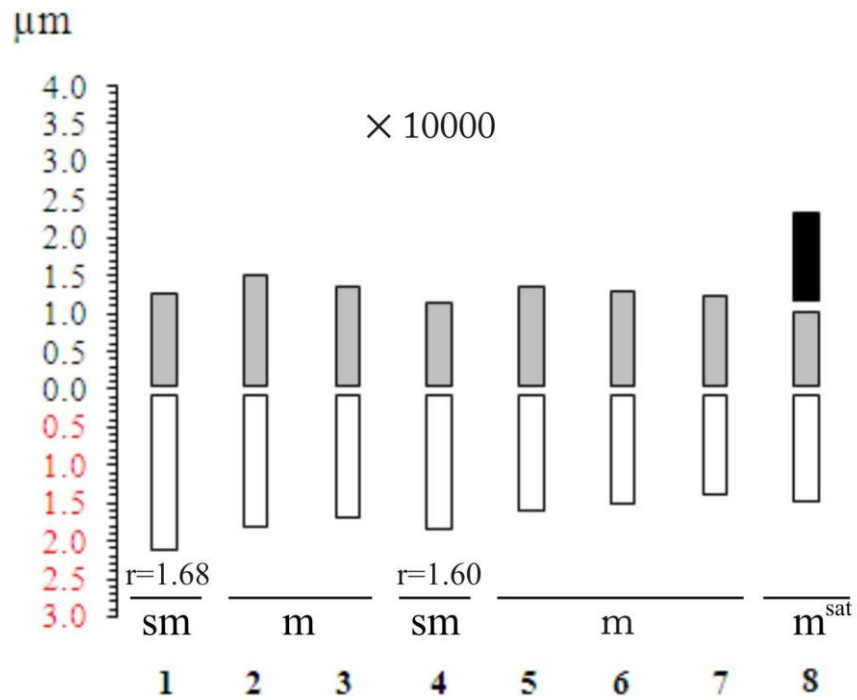
Kromozom 4: $2.90 \pm 0.23 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.60 ± 0.05 'dir ve kol oranına göre submetasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.09'dir.

Kromozom 5: $2.86 \pm 0.19 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.18 ± 0.04 'dir. Kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 11.95'dir.

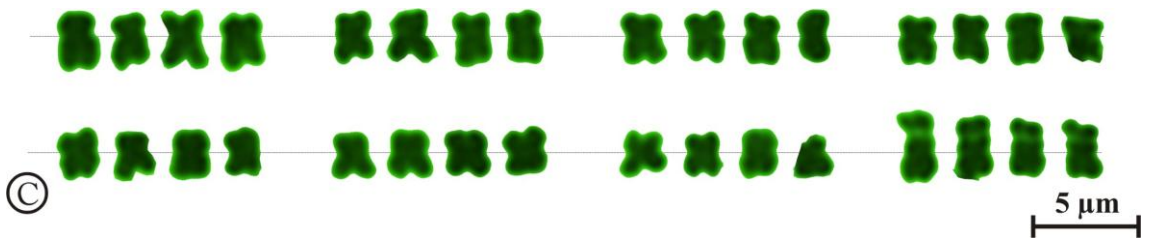
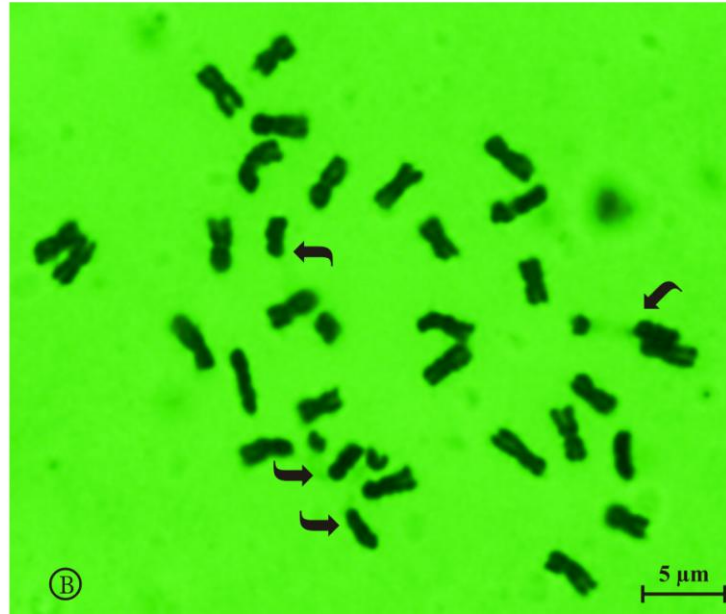
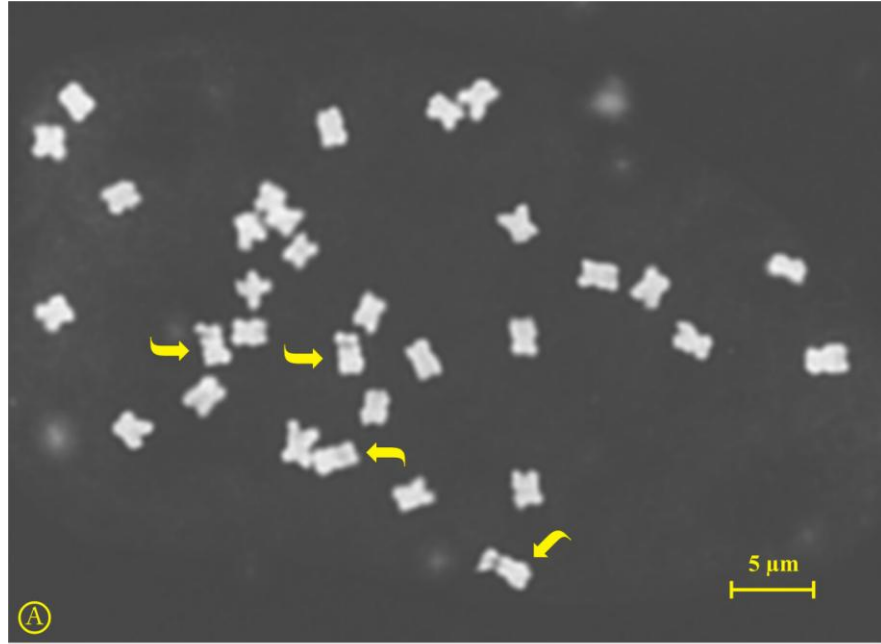
Kromozom 6: Boyu $2.69 \pm 0.17 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı ise 1.14 ± 0.03 'dür ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 11.24'dir.

Kromozom 7: En küçük kromozom boyu $2.51 \pm 0.14 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı 1.13 ± 0.04 'dur ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 10.48'dir.

Kromozom 8: En uzun kromozom olarak boyu $3.55 \pm 0.25 \mu\text{m}$ ve kol oranı 1.41 ± 0.06 'dür. Kol oranına bağlı olarak metasentrik tipte kromozomdur ve tüm homologların kısa kollarında satellit (NOR) bulunmaktadır ve ortalama satellitin boyu ise kısa kolun uzunluğu kadar $1.16 \mu\text{m}$ 'dir. Nispi boyu **14.80**'dir.



Şekil 4.41 Dinar-2 yonca (*Medicago sativa* L.) popülasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik



Şekil 4.42 A, B: Dinar-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, C: karyogram, A plakasının kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir

Çizelge 4.21 Dinar-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip verileri

Çift No	Total (L+S) µm	Uzun kol(L) µm	Kısa kol (S) µm	Kol Oranı (AR=L/S)	CI (S*100/(L+S))	Sat	Tip	L%	S%	RL%
1	3.27± 0.24	2.06± 0.17	1.21± 0.08	1.68± 0.04	37	-	sm	8.59	5.06	13.65
2	3.22± 0.22	1.75± 0.12	1.47± 0.11	1.20± 0.06	46	-	m	7.31	6.14	13.45
3	2.96± 0.20	1.64± 0.11	1.32± 0.09	1.24± 0.04	45	-	m	6.83	5.51	12.34
4	2.90± 0.23	1.78± 0.15	1.11± 0.09	1.60± 0.05	39	-	sm	7.44	4.65	12.09
5	2.86± 0.19	1.55± 0.11	1.31± 0.09	1.18± 0.04	46	-	m	6.47	5.48	11.95
6	2.69± 0.17	1.43± 0.09	1.26± 0.09	1.14± 0.03	47	-	m	5.97	5.27	11.24
7	2.51± 0.14	1.32± 0.06	1.19± 0.09	1.13± 0.04	47	-	m	5.51	4.97	10.48
8	3.55± 0.25	1.40± 0.12	0.99± 0.06	1.41± 0.06	28	1.16	m	5.85	8.95	14.80
Ortalama	3.00± 0.08	1.62± 0.05	1.23± 0.03	1.32± 0.03						
Toplam (TC)	23.96							53.98	46.02	

Kromozom formülü: $2n=4x=32= 20m+ 8sm+ 4m^{sat}$, SC= 2B, $A_1= 0.225$, $A_2= 0.113$

L: Kromozom uzun kol uzunluğu (µm), **S:** Kromozomun kısa kol uzunluğu (µm), **CI:** Sentromer indeksi, (**m:** Metasentrik, **sm :** Submetasentrik); **Levan vd. (1964)**'a göre sentromer tipi, **Sat:** Satelit, SC= Simetri sınıflaması (**Stebbins (1971)** 2A, Asimetri indeksi: $A_1= 0.225$ ve $A_2=0.113$, **Romero-Zarco (1986)**'ya göre, **N:** Karyotip belirlemede kullanılan mitotik metafaz sayısı, **L%** ve **S%:** Her bir kromozom için her kolun ne oranda olduğunu gösteren indeksler, **RL%:** Görelî kromozom boyları 10.48- 14.80 arasında değişmekte.

4.1.21 Şuhut-2 populasyonunun karyotip özellikleri

Şuhut-2 bölgesinden toplanan yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip analizinde, kromozom sayısı $2n=4x=32$ olarak tespit edilmiştir (Şekil 4.44). Temel kromozom sayısı veya genomu $x=8$ ve autotetraploid olduğundan dolayı karyotipi dörtlü homolog kromozom (8 tetrat kromozom) şeklinde biçimlendirilmiştir. En küçük kromozom $2.72 \pm 0.06 \mu\text{m}$, en büyük kromozom ise $3.96 \pm 0.16 \mu\text{m}$ uzunluğundadır ve dört satellit veya Nükleer Organizatör Bölgesine sahip oldukları net bir şekilde belirlenmiştir (Şekil 4.43, 4.44). Haploit kromozom uzunluğu $25.72 \mu\text{m}$ 'dir. Kromozom 2 ve 8 submetasentrik tipinde ve diğerleri ise metasentriktir. Kromozomların nispi boyları 10.58- 15.41 arasında değişmektedir ve ortalama kromozom uzunluğu bu populasyonunda $3.22 \pm 0.05 \mu\text{m}$ 'dir (Çizelge 4.22). Her kromozom için ayrıntılı bilgiler aşağıda verilmiştir.

Kromozom 1: Boyu $3.47 \pm 0.11 \mu\text{m}$ ve kol oranı $1.32 \pm 0.07 \mu\text{m}$ 'dir. Sentromerin yerine bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 13.48'dir.

Kromozom 2: $3.31 \pm 0.09 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.69 ± 0.02 'dir ve buna bağlı olarak submetasentrik tipinde bir kromozomdur. Nispi boyu ise 12.88'dir.

Kromozom 3: $3.20 \pm 0.06 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.44 ± 0.05 'dir ve kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.45'dir.

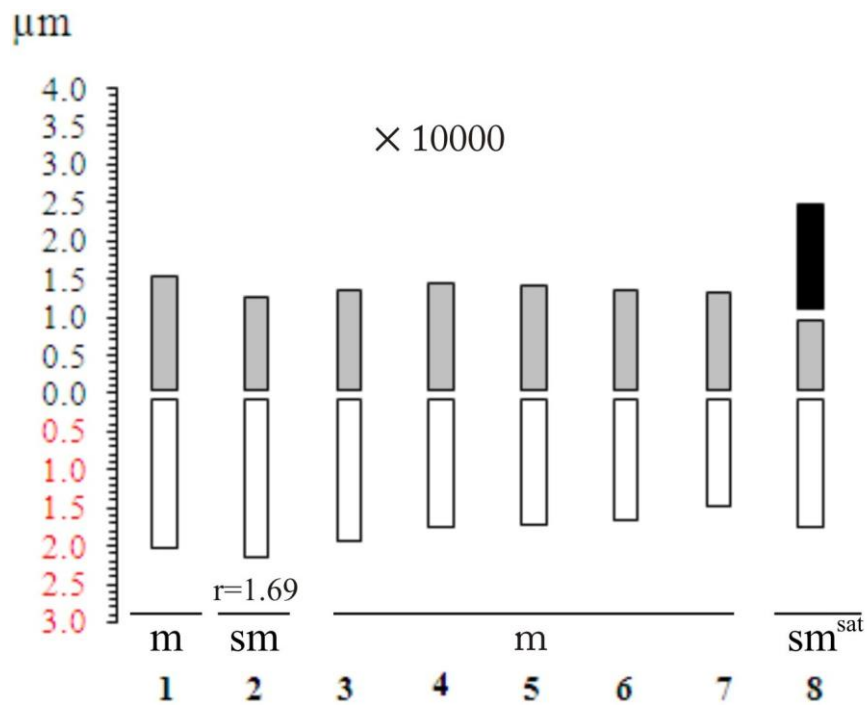
Kromozom 4: $3.11 \pm 0.07 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.21 ± 0.04 'dir ve kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.08'dir.

Kromozom 5: $3.02 \pm 0.07 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.21 ± 0.03 'dir. Kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 11.74'dir.

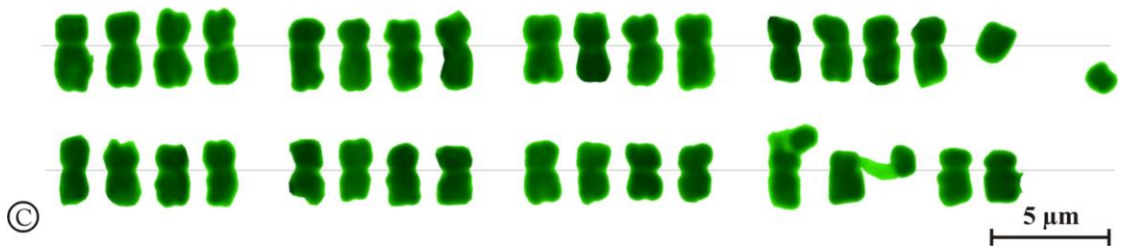
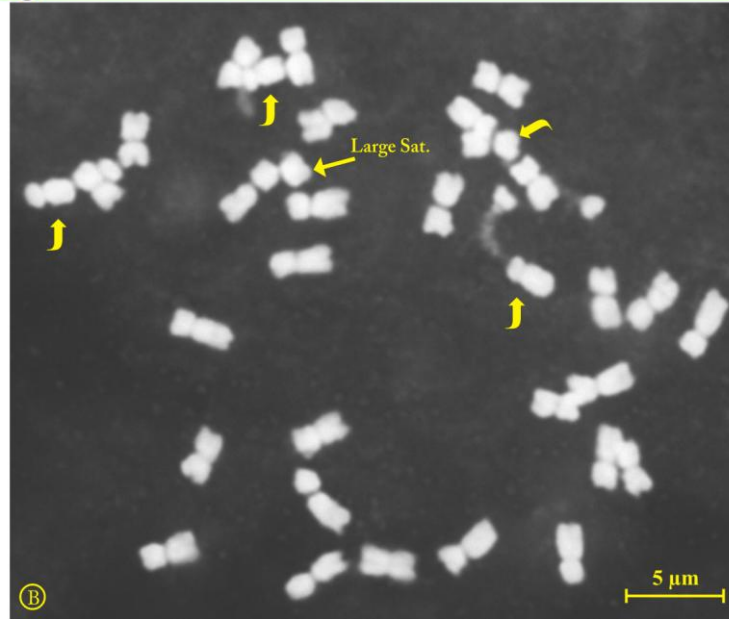
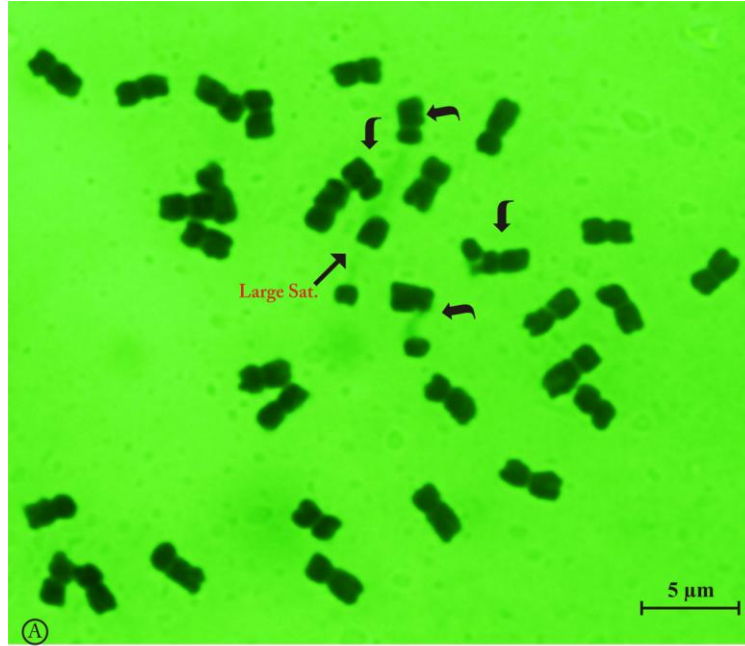
Kromozom 6: Boyu $2.93 \pm 0.08 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı ise 1.22 ± 0.05 'dir ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 11.38'dir.

Kromozom 7: En küçük kromozom boyu $2.72 \pm 0.06 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı 1.11 ± 0.03 'dur ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 10.58'dir.

Kromozom 8: En uzun kromozom olarak boyu $3.96 \pm 0.16 \mu\text{m}$ ve kol oranı 1.85 ± 0.09 'dür. Kol oranına bağlı olarak submetasentrik tipte kromozomdur ve tüm homologların kısa kollarında satellit (NOR) bulunmaktadır ve ortalama satellitin boyu ise kısa kolun boyundan **daha uzun** $1.36 \mu\text{m}$ 'dir. Nispi boyu **15.41**'dir.



Şekil 4.43 Şuhut-2 yonca (*Medicago sativa* L.) popülasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik



Şekil 4.44 A, B: Şuhut-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, C: karyogram, A plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir

Çizelge 4.22 Şuhut-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonun karyotip verileri

Çift No	Total (L+S) µm	Uzun kol(L) µm	Kısa kol (S) µm	Kol Oranı (AR=L/S)	CI (S*100/(L+S))	Sat	Tip	L%	S%	RL%
1	3.47± 0.11	1.96± 0.07	1.50± 0.07	1.32± 0.07	43	-	m	7.63	5.85	13.48
2	3.31± 0.09	2.08± 0.06	1.23± 0.03	1.69± 0.02	37	-	sm	8.09	4.79	12.88
3	3.20± 0.06	1.88± 0.04	1.32± 0.04	1.44± 0.05	41	-	m	7.32	5.13	12.45
4	3.11± 0.07	1.70± 0.05	1.41± 0.04	1.21± 0.04	45	-	m	6.60	5.48	12.08
5	3.02± 0.07	1.65± 0.04	1.37± 0.04	1.21± 0.03	45	-	m	6.41	5.33	11.74
6	2.93± 0.08	1.61± 0.05	1.32± 0.05	1.22± 0.05	45	-	m	6.24	5.14	11.38
7	2.72± 0.06	1.43± 0.02	1.29± 0.04	1.11± 0.03	47	-	m	5.55	5.02	10.58
8	3.96± 0.16	1.69± 0.07	0.92± 0.03	1.85± 0.09	23	1.36	sm	6.57	8.85	15.41
Ortalama	3.22± 0.05	1.75± 0.03	1.30± 0.03	1.38± 0.04						
Toplam (TC)	25.72							54.41	45.59	

Kromozom formülü: $2n=4x=32= 24m+ 4sm+ 4sm^{sat}$, $SC= 2B$, $A_1= 0.251$, $A_2= 0.116$

L: Kromozom uzun kol uzunluğu (µm), **S:** Kromozomun kısa kol uzunluğu (µm), **CI:** Sentromer indeksi, (**m:** Metasentrik, **sm :** Submetasentrik); **Levan vd. (1964)**'a göre sentromer tipi, **Sat:** Satelit, **SC=** Simetri sınıflaması (**Stebbins (1971)** 2A, Asimetri indeksi: $A_1= 0.251$ ve $A_2=0.116$, **Romero-Zarco (1986)**'ya göre, **N:** Karyotip belirlemede kullanılan mitotik metafaz sayısı, **L%** ve **S%:** Her bir kromozom için her kolun ne oranda olduğunu gösteren indeksler, **RL%:** Görelî kromozom boyları 10.58- 15.41 arasında değişmekte.

4.1.22 Çay-2 populasyonunun karyotip özellikleri

Çay-2 bölgesinden toplanan yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip analizinde, kromozom sayısı $2n=4x=32$ olarak tespit edilmiştir (Şekil 4.46). Temel kromozom sayısı veya genomu $x=8$ ve autotetraploid olduğundan dolayı karyotipi dörtlü homolog kromozom (8 tetrat kromozom) şeklinde biçimlendirilmiştir. En küçük kromozom $3.11 \pm 0.17 \mu\text{m}$, en büyük kromozom ise $4.40 \pm 0.23 \mu\text{m}$ uzunluğundadır ve dört satellit veya Nükleer Organizatör Bölgesine sahip oldukları net bir şekilde belirlenmiştir (Şekil 4.45, 4.46). Haploit kromozom uzunluğu $29.90 \mu\text{m}$ 'dir. 2. kromozom submetasentrik tipinde ve diğerleri ise metasentriktir. Kromozomların nispi boyları 10.41- 14.71 arasında değişmektedir ve ortalama kromozom uzunluğu bu populasyonunda $3.74 \pm 0.08 \mu\text{m}$ 'dir (Çizelge 4.23). Her kromozom için ayrıntılı bilgiler aşağıda verilmiştir.

Kromozom 1: Boyu $4.17 \pm 0.28 \mu\text{m}$ ve kol oranı $1.34 \pm 0.07 \mu\text{m}$ 'dir. Sentromerin yerine bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 13.95'dir.

Kromozom 2: $3.93 \pm 0.22 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.70 ± 0.03 ' dir ve buna bağlı olarak submetasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu ise **13.14**' dir.

Kromozom 3: $3.80 \pm 0.21 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.31 ± 0.05 'dir ve kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.70'dir.

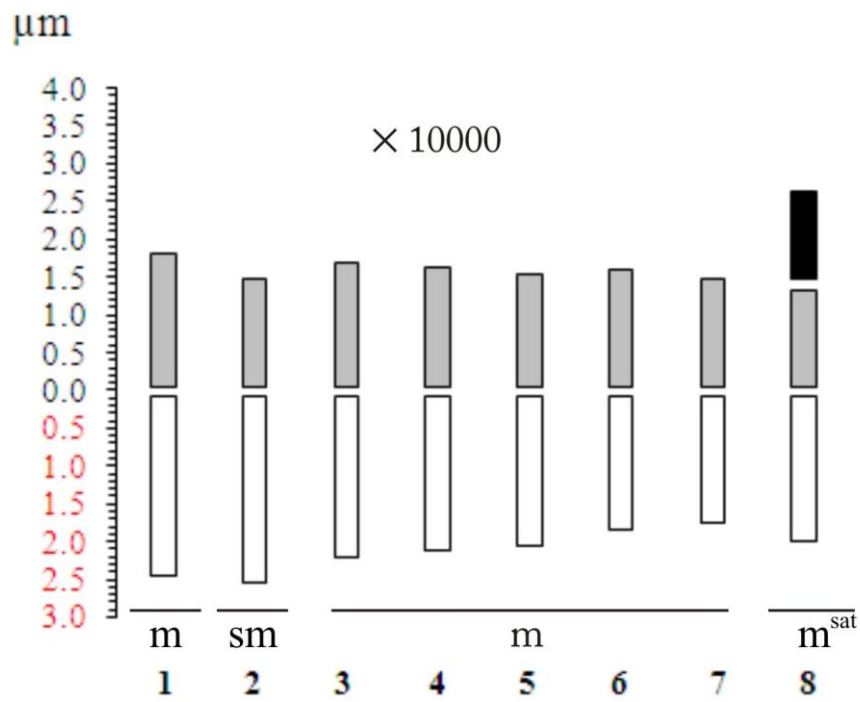
Kromozom 4: $3.67 \pm 0.18 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.29 ± 0.05 'dir ve kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.26'dir.

Kromozom 5: $3.50 \pm 0.18 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.32 ± 0.07 'dir. Kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 11.72'dir.

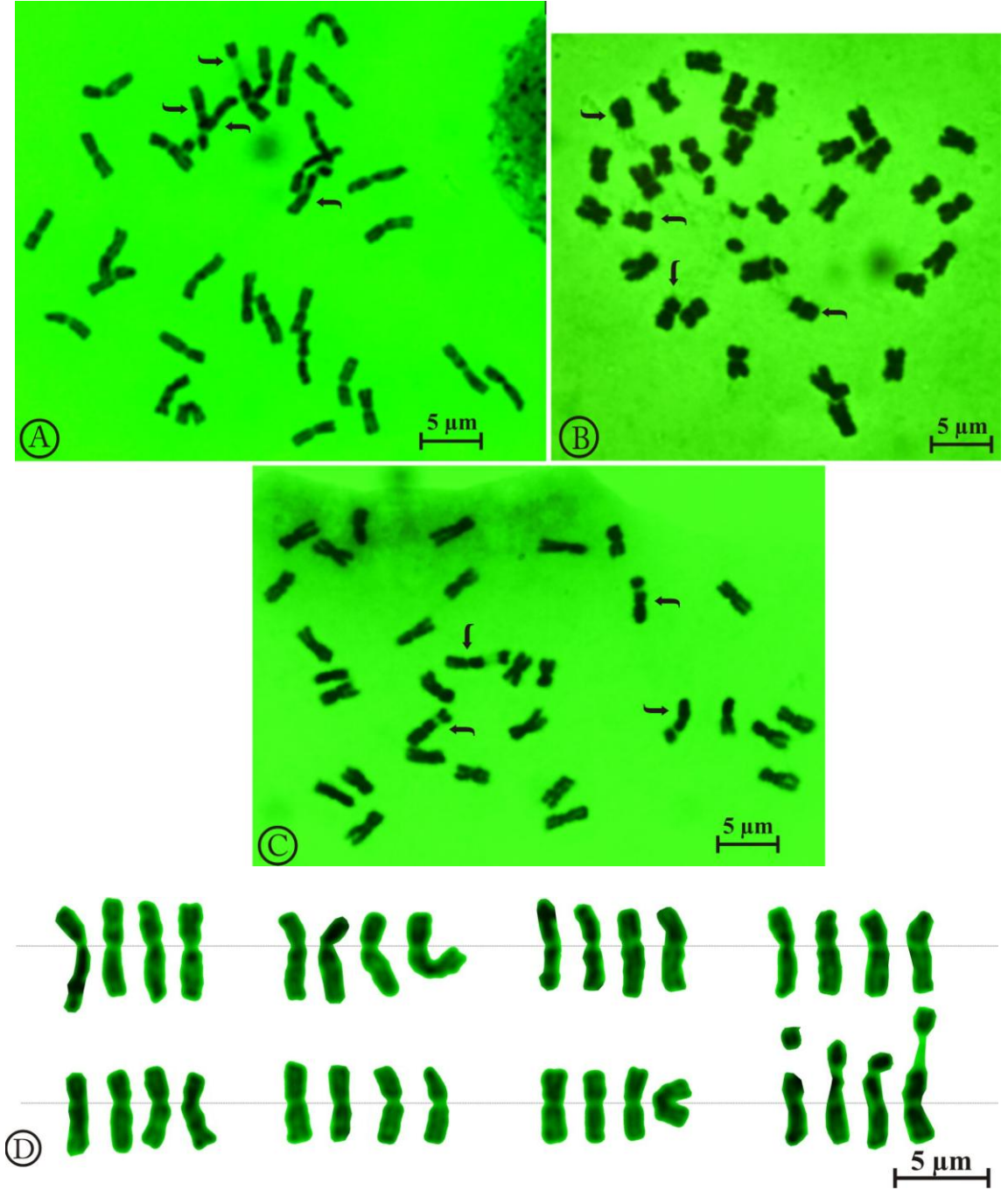
Kromozom 6: Boyu $3.33 \pm 0.19 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı ise 1.17 ± 0.04 'dür ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 11.12'dir.

Kromozom 7: En küçük kromozom boyu $3.11 \pm 0.17 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı 1.17 ± 0.07 'dur ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 10.41'dir.

Kromozom 8: En uzun kromozom olarak boyu $4.40 \pm 0.23 \mu\text{m}$ ve kol oranı 1.55 ± 0.07 'dür. Kol oranına bağlı olarak metasentrik tipte kromozomdur ve tüm homologların kısa kollarında satellit (NOR) bulunmaktadır ve ortalama satellitin boyu ise kısa kolun uzunluğu kadar $1.18 \mu\text{m}$ 'dir. Nispi boyu **14.71**'dir.



Şekil 4.45 Çay-2 yonca (*Medicago sativa* L.) popülasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik



Şekil 4.46 A, B, C: Çay-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, D: karyogram, A plakanın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir

Çizelge 4.23 Çay-2 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip verileri

Çift No	Total (L+S) µm	Uzun kol(L) µm	Kısa kol (S) µm	Kol Oranı (AR=L/S)	CI (S*100/(L+S))	Sat	Tip	L%	S%	RL%
1	4.17± 0.28	2.38± 0.19	1.79± 0.11	1.34± 0.07	43	-	m	7.98	5.97	13.95
2	3.93± 0.22	2.48± 0.15	1.45± 0.07	1.70± 0.03	37	-	sm	8.29	4.85	13.14
3	3.80± 0.21	2.13± 0.11	1.66± 0.12	1.31± 0.05	44	-	m	7.13	5.56	12.70
4	3.67± 0.18	2.07± 0.13	1.60± 0.06	1.29± 0.05	44	-	m	6.92	5.35	12.26
5	3.50± 0.18	1.99± 0.14	1.51± 0.06	1.32± 0.07	43	-	m	6.67	5.05	11.72
6	3.33± 0.19	1.78± 0.09	1.55± 0.10	1.17± 0.04	46	-	m	5.95	5.17	11.12
7	3.11± 0.17	1.68± 0.11	1.44± 0.07	1.17± 0.07	46	-	m	5.60	4.81	10.41
8	4.40± 0.23	1.93± 0.10	1.28± 0.09	1.55± 0.07	29	1.18	m	6.47	8.23	14.71
Ortalama	3.74± 0.08	2.06± 0.05	1.53± 0.03	1.36± 0.03						
Toplam (TC)	29.90							55.02	44.99	

Kromozom formülü: $2n=4x=32= 24m+ 4sm+ 4m^{sat}$, SC= 2B, $A_1= 0.245$, $A_2= 0.115$

L: Kromozom uzun kol uzunluğu (µm), **S:** Kromozomun kısa kol uzunluğu (µm), **CI:** Sentromer indeksi, (**m:** Metasentrik, **sm :** Submetasentrik); **Levan vd. (1964)**'a göre sentromer tipi, **Sat:** Satelit, SC= Simetri sınıflaması (**Stebbins (1971)** 2A, Asimetri indeksi: $A_1= 0.245$ ve $A_2=0.115$, **Romero-Zarco (1986)**'ya göre, **N:** Karyotip belirlemede kullanılan mitotik metafaz sayısı, **L%** ve **S%:** Her bir kromozom için her kolun ne oranda olduğunu gösteren indeksler, **RL%:** Görelî kromozom boyları 10.41- 14.71 arasında değişmekte.

4.1.23 Sultandağı-1 populasyonunun karyotip özellikleri

Sultandağı-1 bölgesinden toplanan yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip analizinde, kromozom sayısı $2n=4x=32$ olarak tespit edilmiştir (Şekil 4.48). Temel kromozom sayısı veya genomu $x=8$ ve autotetraploid olduğundan dolayı karyotipi dörtlü homolog kromozom (8 tetrat kromozom) şeklinde biçimlendirilmiştir. En küçük kromozom $3.36 \pm 0.28 \mu\text{m}$, en büyük kromozom ise $4.58 \pm 0.31 \mu\text{m}$ uzunluğundadır ve dört satellit veya Nükleer Organizatör Bölgesine sahip oldukları net bir şekilde belirlenmiştir (Şekil 4.47, 4.48). Haploit kromozom uzunluğu $31.95 \mu\text{m}$ 'dir. 2. kromozom submetasentrik tipinde ve diğerleri ise metasentriktir. Kromozomların nispi boyları 10.52- 14.34 arasında değişmektedir ve ortalama kromozom uzunluğu bu populasyonunda $3.99 \pm 0.12 \mu\text{m}$ 'dir (Çizelge 4.24). Her kromozom için ayrıntılı bilgiler aşağıda verilmiştir.

Bu populasyonun karyotip yapısında Hüyük-2 populasyonu gibi 8. Kromozomun sadece bir homolog kromozomun kısa kolunun sonunda büyük (yaklaşık olarak 2 kat daha uzun) bir satellitin olduğu görülmüştür (Şekil 4.48).

Kromozom 1: Boyu $4.41 \pm 0.39 \mu\text{m}$ ve kol oranı $1.66 \pm 0.05 \mu\text{m}$ 'dir. Sentromerin yerine bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 13.81'dir.

Kromozom 2: $4.35 \pm 0.37 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.44 ± 0.04 ' dir ve buna bağlı olarak metasentrik tipinde bir kromozomdur. Nispi boyu ise 13.61' dir.

Kromozom 3: $4.02 \pm 0.33 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.18 ± 0.05 'dir ve kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.58'dir.

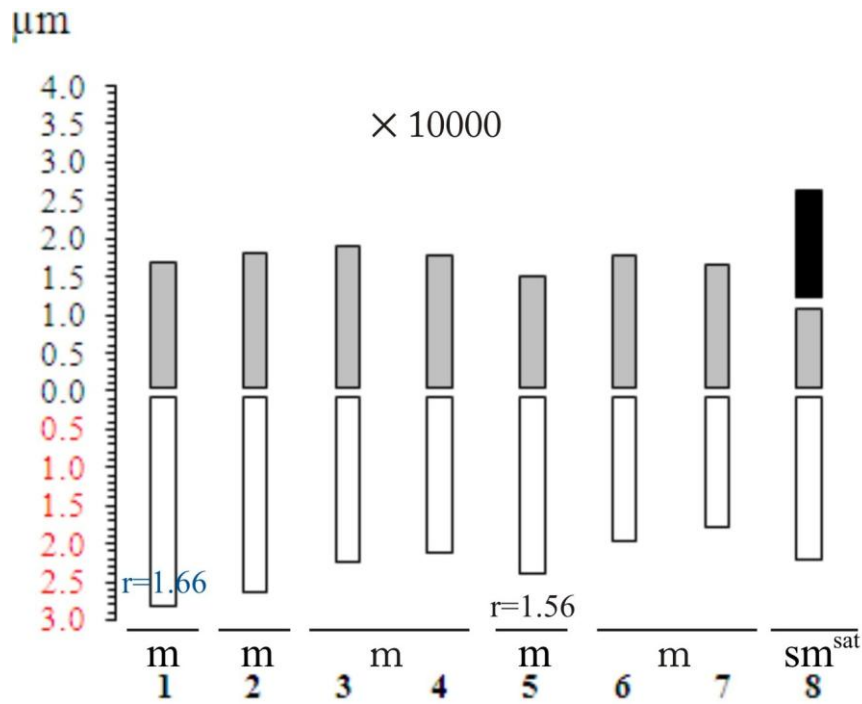
Kromozom 4: $3.79 \pm 0.33 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.17 ± 0.04 'dir ve kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 11.85'dir.

Kromozom 5: $3.79 \pm 0.27 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.59 ± 0.09 'dir. Kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 11.86'dir.

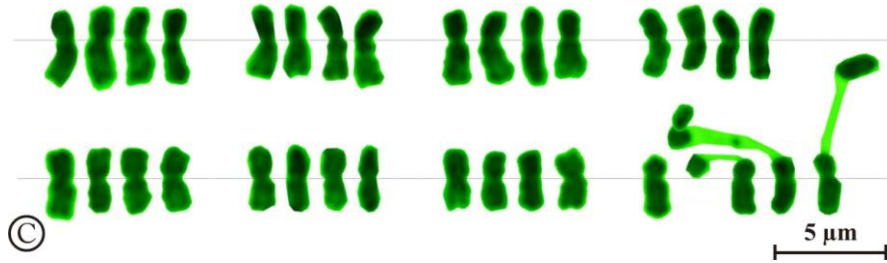
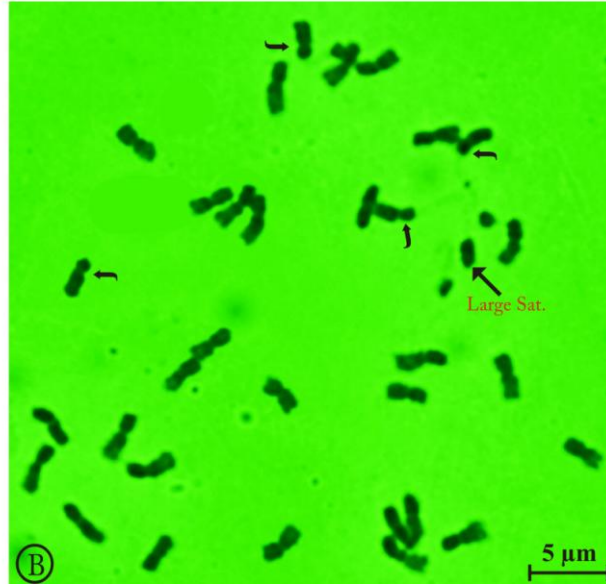
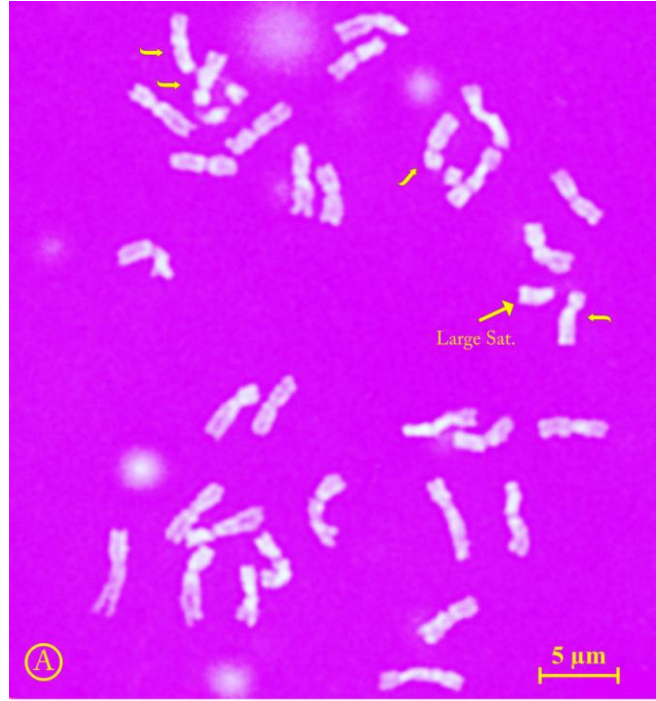
Kromozom 6: Boyu $3.65 \pm 0.27 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı ise 1.08 ± 0.03 'dür ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 11.42'dir.

Kromozom 7: En küçük kromozom boyu $3.36 \pm 0.28 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı 1.07 ± 0.03 'dur ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 10.41'dir.

Kromozom 8: En uzun kromozom olarak boyu $4.58 \pm 0.31 \mu\text{m}$ ve kol oranı 2.06 ± 0.14 'dür. Kol oranına bağlı olarak metasentrik tipte kromozomdur ve tüm homologların kısa kollarında satellit (NOR) bulunmaktadır ve ortalama satellitin boyu ise kısa kolun boyundan **daha uzun** $1.40 \mu\text{m}$ 'dir. Nispi boyu **14.34**'dir.



Şekil 4.47 Sultandağı-1 yonca (*Medicago sativa* L.) popülasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik



Şekil 4.48 A, B: Sultandağı-1 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, C: karyogram, B plakının kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir

Çizelge 4.24 Sultandağı-1 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip verileri

Çift No	Total (L+S) µm	Uzun kol(L) µm	Kısa kol (S) µm	Kol Oranı (AR=L/S)	CI (S*100/(L+S))	Sat	Tip	L%	S%	RL%
1	4.41± 0.39	2.76± 0.27	1.65± 0.12	1.66± 0.05	38	-	m	8.65	5.16	13.81
2	4.35± 0.37	2.56± 0.23	1.79± 0.15	1.44± 0.04	41	-	m	8.02	5.59	13.61
3	4.02± 0.33	2.16± 0.18	1.86± 0.16	1.18± 0.05	46	-	m	6.77	5.81	12.58
4	3.79± 0.33	2.04± 0.19	1.74± 0.14	1.17± 0.04	46	-	m	6.40	5.46	11.85
5	3.79± 0.27	2.33± 0.21	1.46± 0.07	1.59± 0.09	39	-	m	7.30	4.56	11.86
6	3.65± 0.27	1.90± 0.15	1.75± 0.13	1.08± 0.03	48	-	m	5.94	5.48	11.42
7	3.36± 0.28	1.73± 0.13	1.63± 0.15	1.07± 0.03	48	-	m	5.42	5.11	10.52
8	4.58± 0.31	2.15± 0.17	1.04± 0.03	2.06± 0.14	23	1.40	sm	6.73	7.62	14.34
Ortalama	3.99± 0.12	2.21± 0.08	1.61± 0.05	1.40± 0.05						
Toplam (TC)	31.95							55.23	44.78	

Kromozom formülü: $2n=4x=32= 28m+ 4sm^{sat}$, SC= 2B, $A_1= 0.252$, $A_2= 0.105$

L: Kromozom uzun kol uzunluğu (µm), **S:** Kromozomun kısa kol uzunluğu (µm), **CI:** Sentromer indeksi, (**m:** Metasentrik, **sm :** Submetasentrik); **Levan vd. (1964)**'a göre sentromer tipi, **Sat:** Satelit, SC= Simetri sınıflaması (**Stebbins (1971)** 2A, Asimetri indeksi: $A_1= 0.252$ ve $A_2=0.105$, **Romero-Zarco (1986)**'ya göre, **N:** Karyotip belirlemede kullanılan mitotik metafaz sayısı, **L%** ve **S%:** Her bir kromozom için her kolun ne oranda olduğunu gösteren indeksler, **RL%:** Görelî kromozom boyları 10.52- 14.34 arasında değişmekte.

4.1.24 Bolvadin-3 populasyonunun karyotip özellikleri

Bolvadin-3 bölgesinden toplanan yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip analizinde, kromozom sayısı $2n=4x=32$ olarak tespit edilmiştir (Şekil 4.50). Temel kromozom sayısı veya genomu $x=8$ ve autotetraploid olduğundan dolayı karyotipi dörtlü homolog kromozom (8 tetrat kromozom) şeklinde biçimlendirilmiştir. En küçük kromozom $2.43 \pm 0.05 \mu\text{m}$, en büyük kromozom ise $3.66 \pm 0.12 \mu\text{m}$ uzunluğundadır ve dört satellit veya Nükleer Organizatör Bölgesine sahip oldukları net bir şekilde belirlenmiştir (Şekil 4.49, 4.50). Haploit kromozom uzunluğu $24.00 \mu\text{m}$ 'dir. 8. kromozom submetasentrik tipinde ve diğerleri ise metasentriktir. Kromozomların nispi boyları 10.13- 15.26 arasında değişmektedir ve ortalama kromozom uzunluğu bu populasyonunda $2.99 \pm 0.05 \mu\text{m}$ 'dir (Çizelge 4.25). Her kromozom için ayrıntılı bilgiler aşağıda verilmiştir.

Kromozom 1: Boyu $3.43 \pm 0.06 \mu\text{m}$ ve kol oranı 1.51 ± 0.04 μm 'dir. Sentromerin yerine bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu **14.29**'dir.

Kromozom 2: $3.16 \pm 0.03 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.32 ± 0.06 ' dir ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu ise 13.17' dir.

Kromozom 3: $3.03 \pm 0.03 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.38 ± 0.06 'dir ve kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.61'dir.

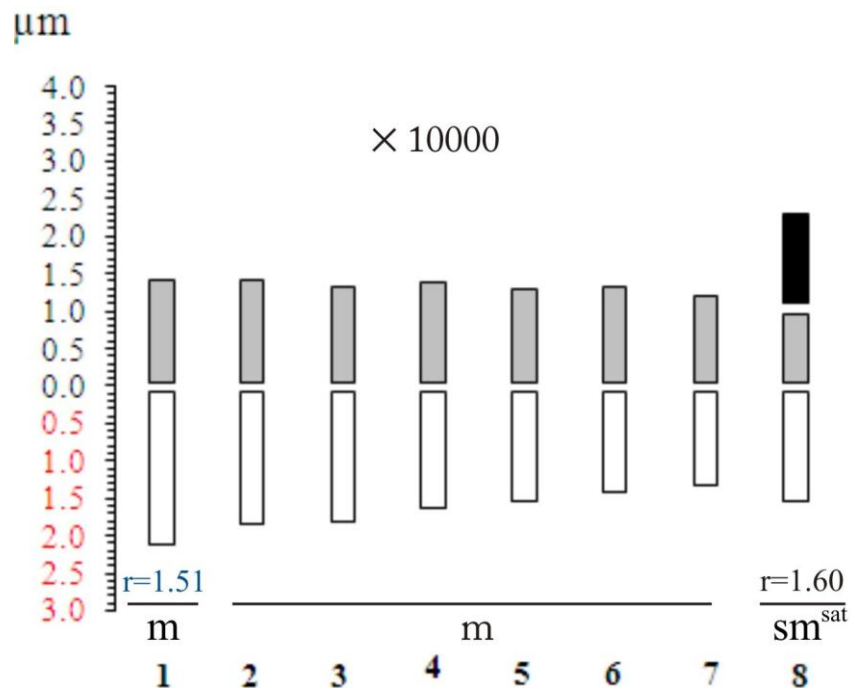
Kromozom 4: $2.91 \pm 0.04 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.19 ± 0.04 'dir ve kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.13'dir.

Kromozom 5: $2.75 \pm 0.03 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.19 ± 0.06 'dir. Kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 11.45'dir.

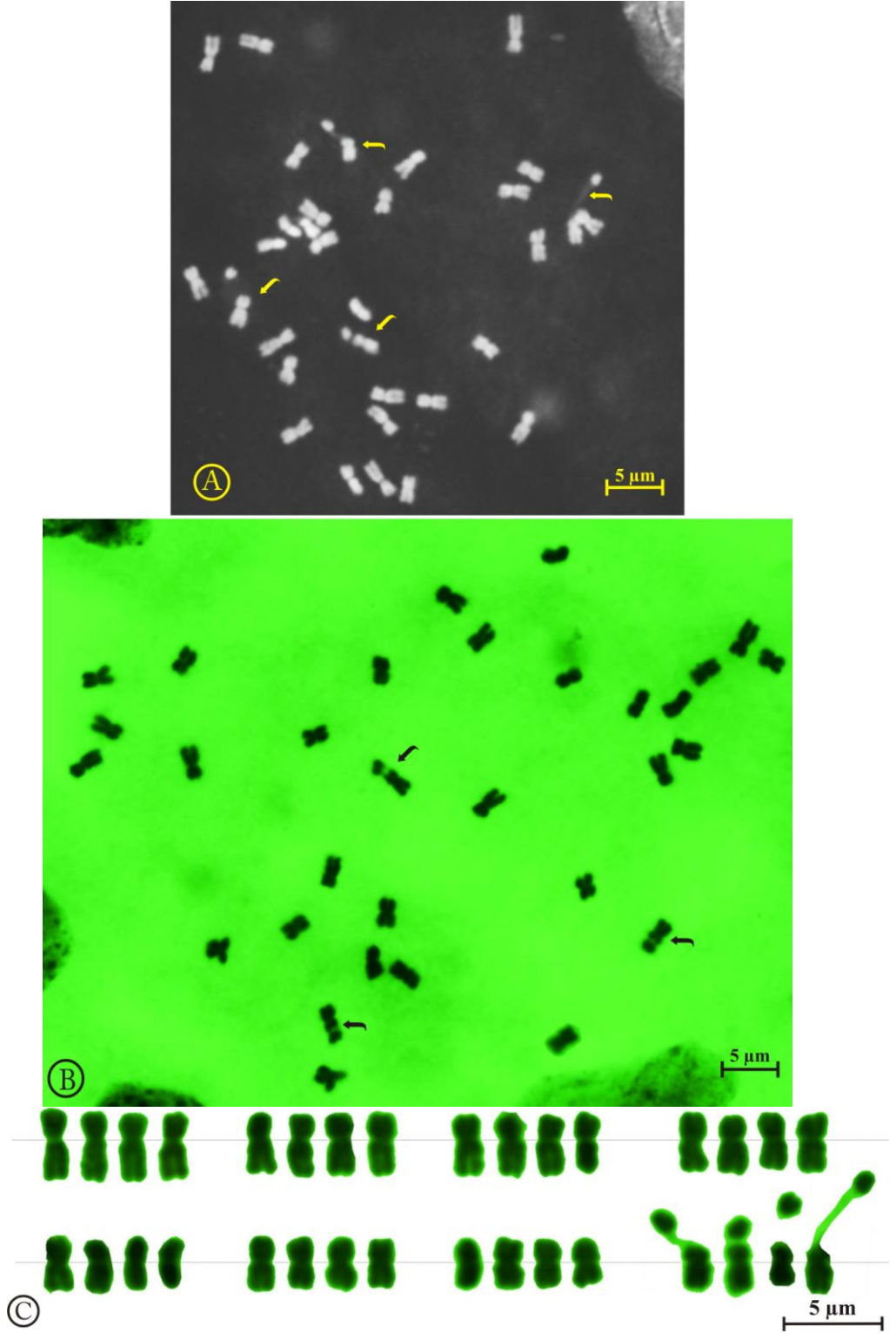
Kromozom 6: Boyu $2.63 \pm 0.04 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı ise 1.05 ± 0.01 'dür ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 10.97'dir.

Kromozom 7: En küçük kromozom boyu $2.43 \pm 0.05 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı 1.10 ± 0.03 'dur ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 10.13'dir.

Kromozom 8: En uzun kromozom olarak boyu $3.66 \pm 0.12 \mu\text{m}$ ve kol oranı 1.60 ± 0.08 'dür. Kol oranına bağlı olarak metasentrik veya submetasentrike yakın tipte kromozomdur ve tüm homologların kısa kollarında satellit (NOR) bulunmaktadır ve ortalama satellitin boyu ise kısa kolun boyundan **daha uzun** $1.19 \mu\text{m}$ 'dir. Nispi boyu **15.26**'dir.



Şekil 4.49 Bolvadin-3 yonca (*Medicago sativa* L.) popülasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik



Şekil 4.50 A, B: Bolvadin-3 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, C: karyogram, A plakının kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir

Çizelge 4.25 Bolvadin-3 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip verileri

Çift No	Total (L+S) µm	Uzun kol(L) µm	Kısa kol (S) µm	Kol Orani (AR=L/S)	CI (S*100/(L+S))	Sat	Tip	L%	S%	RL%
1	3.43± 0.06	2.06± 0.04	1.37± 0.03	1.51± 0.04	40	-	m	8.58	5.71	14.29
2	3.16± 0.03	1.79± 0.04	1.37± 0.04	1.32± 0.06	43	-	m	7.47	5.69	13.17
3	3.03± 0.03	1.75± 0.04	1.28± 0.03	1.38± 0.06	42	-	m	7.28	5.32	12.61
4	2.91± 0.04	1.58± 0.04	1.33± 0.02	1.19± 0.04	46	-	m	6.58	5.55	12.13
5	2.75± 0.03	1.49± 0.03	1.26± 0.04	1.19± 0.06	46	-	m	6.20	5.25	11.45
6	2.63± 0.04	1.35± 0.02	1.29± 0.02	1.05± 0.01	49	-	m	5.61	5.36	10.97
7	2.43± 0.05	1.27± 0.03	1.16± 0.02	1.10± 0.03	48	-	m	5.30	4.82	10.13
8	3.66± 0.12	1.46± 0.04	0.93± 0.06	1.60± 0.08	25	1.19	~sm	6.10	8.84	15.26
Ortalama	2.99± 0.05	1.60± 0.03	1.25± 0.02	1.29± 0.03						
Toplam (TC)	24.00							53.13	46.55	

Kromozom formülü: $2n=4x=32= 28m+ 4\sim sm^{sat}$, $SC= 2B$, $A_1= 0.208$, $A_2= 0.134$

L: Kromozom uzun kol uzunluğu (µm), **S:** Kromozomun kısa kol uzunluğu (µm), **CI:** Sentromer indeksi, (**m:** Metasentrik, **sm :** Submetasentrik); **Levan vd. (1964)**'a göre sentromer tipi, **Sat:** Satelit, SC= Simetri sınıflaması (**Stebbins (1971)** 2A, Asimetri indeksi: $A_1= 0.208$ ve $A_2=0.134$, **Romero-Zarco (1986)**'ya göre, **N:** Karyotip belirlemede kullanılan mitotik metafaz sayısı, **L%** ve **S%:** Her bir kromozom için her kolun ne oranda olduğunu gösteren indeksler, **RL%:** Görelî kromozom boyları 10.13- 15.26 arasında değişmekte.

4.1.25 Beyşehir-1 populasyonunun karyotip özellikleri

Beyşehir-1 bölgesinden toplanan yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun karyotip analizinde, kromozom sayısı $2n=4x=32$ olarak tespit edilmiştir (Şekil 4.52). Temel kromozom sayısı veya genomu $x=8$ ve autotetraploid olduğundan dolayı karyotipi dörtlü homolog kromozom (8 tetrat kromozom) şeklinde biçimlendirilmiştir. En küçük kromozom $2.48 \pm 0.04 \mu\text{m}$, en büyük kromozom ise $3.60 \pm 0.10 \mu\text{m}$ uzunluğundadır ve dört satellit veya Nükleer Organizatör Bölgesine sahip oldukları net bir şekilde belirlenmiştir (Şekil 4.51, 4.52). Haploit kromozom uzunluğu $23.83 \mu\text{m}$ 'dir. Kromozom 4 ve 8 submetasentrik tipinde ve diğerleri ise metasentriktir. Kromozomların nispi boyları 10.39- 15.10 arasında değişmektedir ve ortalama kromozom uzunluğu bu populasyonunda $2.98 \pm 0.04 \mu\text{m}$ 'dir (Çizelge 4.26). Her kromozom için ayrıntılı bilgiler aşağıda verilmiştir.

Kromozom 1: Boyu $3.23 \pm 0.06 \mu\text{m}$ ve kol oranı $1.52 \pm 0.04 \mu\text{m}$ 'dir. Sentromerin yerine bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 13.54'dir.

Kromozom 2: $3.12 \pm 0.06 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.36 ± 0.05 ' dir ve buna bağlı olarak metasentrik tipinde bir kromozomdur. Nispi boyu ise 13.09' dir.

Kromozom 3: $2.98 \pm 0.06 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.26 ± 0.03 'dir ve kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.50'dir.

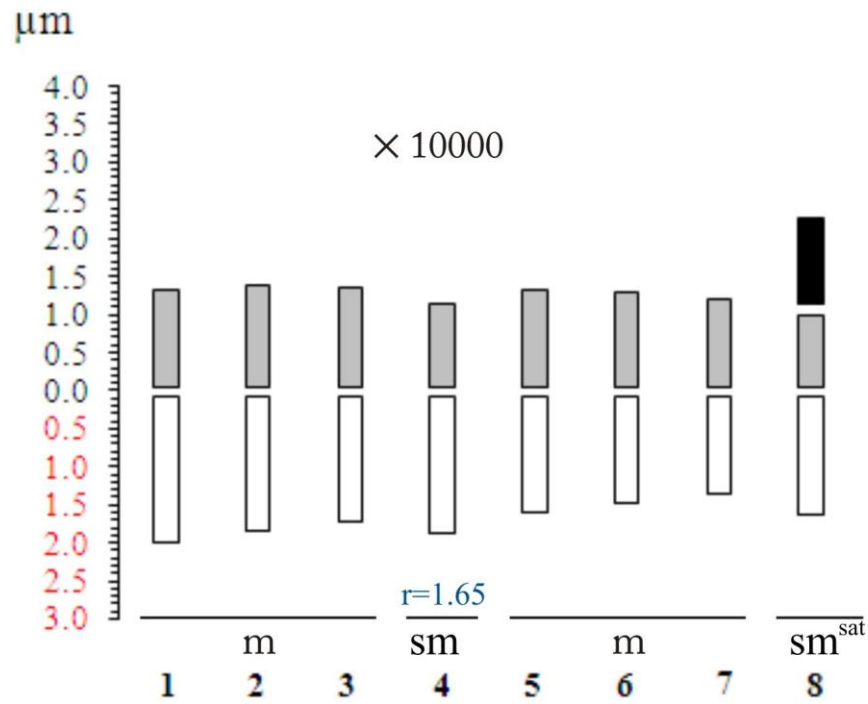
Kromozom 4: $2.91 \pm 0.07 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.65 ± 0.05 'dir ve kol oranına göre metasentrik veya **submetasentrike** yakın tipte kromozomdur. Nispi boyu 12.20'dir.

Kromozom 5: $2.84 \pm 0.06 \mu\text{m}$ boyundadır. Kol oranı 1.20 ± 0.03 'dir. Kol oranına göre metasentrik tipte kromozomdur. Nispi boyu 11.92'dir.

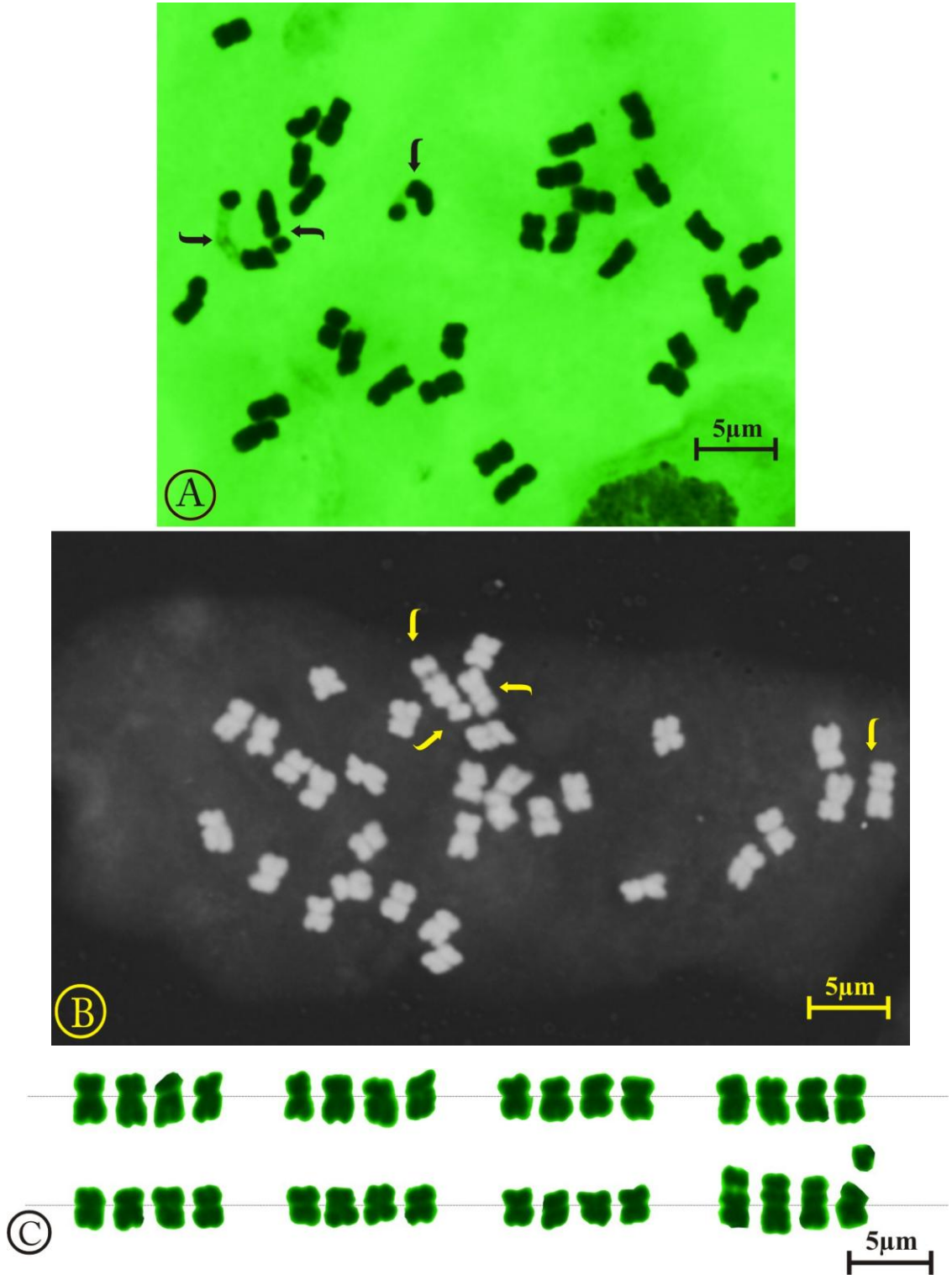
Kromozom 6: Boyu $2.69 \pm 0.06 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı ise 1.13 ± 0.02 'dür ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 11.28'dir.

Kromozom 7: En küçük kromozom boyu $2.48 \pm 0.04 \mu\text{m}$ 'dir. Kol oranı 1.12 ± 0.03 'dur ve buna bağlı olarak metasentrik tipte bir kromozomdur. Nispi boyu 10.39'dir.

Kromozom 8: En uzun kromozom olarak boyu $3.60 \pm 0.10 \mu\text{m}$ ve kol oranı 1.72 ± 0.13 'dür. Kol oranına bağlı olarak submetasentrike tipte kromozomdur ve tüm homologların kısa kollarında satellit (NOR) bulunmaktadır ve ortalama satellitin boyu ise kısa kolun boyundan **daha uzun** $1.13 \mu\text{m}$ 'dir. Nispi boyu **15.10**'dir.



Şekil 4.51 Beyşehir-1 yonca (*Medicago sativa* L.) popülasyonunun haploid idiogramı ($2n=4x=32$), m: Metasentrik, sm: Submetasentrik



Şekil 4.52 A, B: Beyşehir-1 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonunun kromozomlarının mitotik metafazdaki görünümü, C: karyogram, B plakannın kromozomlarından yapılmış ($2n=4x=32$), Tüm metafazlarda dört satelitli kromozom oklarla gösterilmektedir

Çizelge 4.26 Beyşehir-1 yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonun karyotip verileri

Çift No	Total (L+S) µm	Uzun kol(L) µm	Kısa kol (S) µm	Kol Oranı (AR=L/S)	CI (S*100/(L+S))	Sat	Tip	L%	S%	RL%
1	3.23± 0.06	1.94± 0.05	1.28± 0.03	1.52± 0.04	40	-	m	8.15	5.38	13.54
2	3.12± 0.06	1.79± 0.04	1.33± 0.05	1.36± 0.05	43	-	m	7.50	5.59	13.09
3	2.98± 0.06	1.65± 0.04	1.32± 0.03	1.26± 0.03	44	-	m	6.94	5.56	12.50
4	2.91± 0.07	1.80± 0.04	1.11± 0.04	1.65± 0.05	38	-	~sm	7.56	4.64	12.20
5	2.84± 0.06	1.55± 0.04	1.29± 0.03	1.20± 0.03	46	-	m	6.49	5.43	11.92
6	2.69± 0.06	1.42± 0.03	1.26± 0.03	1.13± 0.02	47	-	m	5.98	5.30	11.28
7	2.48± 0.04	1.31± 0.03	1.17± 0.02	1.12± 0.03	47	-	m	5.48	4.91	10.39
8	3.60± 0.10	1.58± 0.06	0.96± 0.04	1.72± 0.13	27	1.13	sm	6.64	8.79	15.10
Ortalama	2.98± 0.04	1.63± 0.02	1.22± 0.02	1.37± 0.03						
Toplam (TC)	23.83							54.74	45.60	

Kromozom formülü: $2n=4x=32= 24m+ 4\sim sm+ 4sm^{sat}$, $SC= 2B$, $A_1= 0.242$, $A_2= 0.115$

L: Kromozom uzun kol uzunluğu (µm), **S:** Kromozomun kısa kol uzunluğu (µm), **CI:** Sentromer indeksi, (**m:** Metasentrik, **sm :** Submetasentrik); **Levan vd. (1964)**'a göre sentromer tipi, **Sat:** Satelit, **SC=** Simetri sınıflaması (**Stebbins (1971)** 2A, Asimetri indeksi: $A_1= 0.242$ ve $A_2=0.115$, **Romero-Zarco (1986)**'ya göre, **N:** Karyotip belirlemede kullanılan mitotik metafaz sayısı, **L%** ve **S%:** Her bir kromozom için her kolun ne oranda olduğunu gösteren indeksler, **RL%:** Göreli kromozom boyları 10.39- 15.10 arasında değişmekte.

5. TARTIŞMA VE SONUÇ

Bitkilerde, sitogenetik analizleri genel olarak genetik, evrim, filojeni, köken ve taksonomi çalışmalarının, yanı sıra, ploidi manipülasyonu yoluyla ıslah stratejilerinin ve direniş genlerinin transferinin belirlenmesinde kullanılır. Bununla birlikte, birçok küçük kromozumlu bitki türlerinde örneğin **yonca** (*Medicago sativa* L.) da kromozom tanımlanması oldukça zordur. Bu nedenle yonca populasyonlarının kromozom morfolojisi çalışmalarında, kromozomlarının birer birer ayırt edilmesi ve daha net kromozom görüntüsü elde etmede, diğer yöntemlere göre (Orseyin, Fulgen ve diğer yöntemler) hemotoxilin yöntemi daha başarılı sonuçlar vermiştir. Bu yöntemin bitkilerin hepsini incelemeye en uygun yöntem olduğu tespit edilmiştir (Zarifi vd. 2005, Agayev Zarifi ve Fernandez 2010). Populasyonlara ait karyotip ayrıntıları, metafaz plakaların resimleri ve ideogramları diğer bölümlerde gösterilmiştir.

Yonca (*M. sativa* ssp. *sativa* (L.) L & L) üzerinde yapılan sitogenetik arařtırmalar ve yoncaya yakın akraba olan diğer türler dört etken nedeniyle diğer ürünlerin gerisinde kalmıştır: 1. Yonca kromozomları çok küçüktür, boyları kök ucu hücrelerinde 2-4 µm arasındadır; 2. kromozomlar morfolojik olarak birbirine çok benzer; 3. Kültürü yapılan yonca çok fazla kromozom sayısına sahiptir ($2n=4x=32$) ve 4. Yonca, genetik analizi karmaşık olan 4 benzer genomlu autotetraploiddir. Yoncanın autotetraploid yapısından dolayı birkaç arařtırmacı diploid çalışmalarını tercih etmişlerdir. Diploid alttür (*Medicago sativa* ssp. *caerulea* (Less, ex Ledeb.). Schmalh.) kültürü yapılan tetraploid yoncanın progenitorü olarak düşünülür çünkü bu alt türün somatik kromozom karyotipi bir çift NOR'lu kromozom (kromozom 8), dört çift submetasentrik kromozom (kromozom 1-4), ve üç çift kısa metasentrik kromozomdan (kromozom 5-7) oluşmaktadır (Bauchan ve Campbell 1994, Bauchan ve Hossain 2001a), bu sonuçlar bizim çalışma ile desteklenmektedir. Kültürü yapılan yonca, diploid alt türlerde meydana geldiği görülen indirgenmemiş gametlerin (2x) eşeyli poliploidleşmesi yoluyla gelişmiştir (McCoy ve Bingham 1988, Pfeiffer ve Bingham 1983). Bingham (1968), Bingham ve Saunders (1974), ve McCoy ve Bingham (1988) ploidi seviyeleri çaprazlamalarında germlasm transferinin mümkün olduğunu ispatlamışlardır.

Çalışmalarda bir fenomen olarak B-kromozomu bulunmuştur. B-kromozomları genellikle A-kromozomlarından daha küçük ve heterokromatiktir. Normal olarak bu kromozomlar buldukları organizmaların yaşamını ve fenotipini etkilemezler, A-kromozomları ile eşleşmezler ve mitotik davranışını gecikme, eliminasyon, polimitoz ya da tercihli dağılım şeklinde etkilerler (Reiger vd. 1991). B- kromozomları sadece bir populasyonda (Bucak-2 bölgesinden toplanan yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonu) net bir şekilde gözlenmiştir (Şekil 4.13 C). Başka populasyonlarda ise B-kromozomu görülmemiş fakat kromozom morfolojisinde çok değişimler gözlenmiştir. *Medicago* cinsinde B-kromozomu fenomeninin varlığı Hossain ve Bauchan (1999) tarafından daha önce rapor edilmiştir.

Tüm kromozomları ayrı ayrı tanımlamak üzere geliştirilmiş ezme tekniği kullanılarak (Zarifi Nazirzadeh ve Güloğlu 2011, Agayev Zarifi ve Fernandez 2010, Zarifi vd. 2005) gerçekleştirdiğimiz yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonlarının sitolojik incelemelerinde, şaşırtıcı bir biçimde populasyonların bir çoğunluğunda tüm metafaz plakalarında heteromorfik kromozomun varlığı tespit edilmiştir. Bu durum daha önceki çalışmalarda belirtilmemektedir. Bu nedenle çalışmamız yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonlarında nadir olarak görülebilecek heteromorfi olgusunu ilk kez göstermektedir. Bu heteromorfik kromozomlar populasyonların karyotipinde 1, 2, 3 ve 4. numaralı homolog kromozomlarda ve bazen satellitli kromozomlarda net bir şekilde gözlemlenmiştir. Bulgularımız populasyonlardaki kromozom tipi değişimlerinin translokasyon, ters dönme, duplikasyon ve delesyonları içeren çeşitli kromozomal evrim mekanizmalarının etkin olabileceğini göstermektedir. Bu çalışmada Hüyük 2 ve Uluborlu-1 populasyonlarında çok net görülen heteromorf kromozomlar şekil 4.23, şekil 4.24 ve şekil 4.32 'de gösterilmiştir ve diğer populasyonlar için kol oranında elde edilen farklı değer (heteromorfik kromozomdan dolayı), kromozom tiplerinin submetasentrike eğimli olduğunu gösteren değerle açıklanmıştır (Şekil 4.3, Şekil 4.9, Şekil 4.11, Şekil 4.14, Şekil 4.18).

Bu çalışmada bir kromozom seviyesinde rastladığımız bir çok rastladığımız farklı olaylar (B-kromozomlar, heteromorfik kromozomlar, tipi ve uzunluğuna göre satellitli kromozomlardaki önemli farklılıklar ve 1., 2., 3. ve 4. kromozomlarda farklı tiplerin olması (özellikle submetasentrik kromozomlar) olmuştur ve buna ek olarak yoncanın

yabani dölleniyesi de populasyonların heterojen olduklarının büyük kanıtı olmuştur ve bu fenomen daha önce [McKersie ve Bowley \(1993\)](#) tarafından açıklanmıştır.

Somatik kromozom sayıları, karyotip formülleri, kromozom uzunlukları ve total karyotip uzunluğu ve asimetri indeksleri (A_1 , A_2) [Romero- Zarco \(1986\)](#)' ya göre belirlenmiştir. Simetri sınıflamaları [Stebbins \(1971\)](#)'e göre yapılmış, tek tek incelenen yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonları için karyomorfolojik parametreler, metafaz kromozomları ve haploid idiyogramlar aşağıda gösterilmiştir. Tüm populasyonların karyogramı ve idiogramı [Bauchan ve Hossain \(2001b\)](#)'e göre yapılmıştır. Yonca germplazmında yer alan 25 populasyona özgü kromozom kimliklendirmesi oluşturulmuş olup, bu çalışma Türkiye'de yerli yonca populasyonları üzerine yapılmış ilk sitolojik araştırma özelliğini taşımaktadır.

5.1 Yonca populasyonlarında karyotip parametrelerin varyans analizi

Populasyonlardan elde edilen karyolojik parametrelerin verilerine ilk olarak normal deneme testi yapılmış daha sonra tesadüf parsellerinde faktöriyel düzende analiz edilmiştir; bu deneyde populasyonlara, İran Marage'den şahit olarak ekstra bir örneğin de eklenmesiyle 26 seviyede, homolog kromozomlara (Tetrat kromozom) ise 8 seviyede analiz yapılmış ve ayrıca bunların interaksiyonları da analizde kullanılmıştır. Varyans analizi sonuçları populasyonlara ait bütün karyolojik parametreler arasında önemli farklılıklar olduğunu göstermektedir ($P<0.01$) ([Çizelge 5.1](#)). Çalışılan populasyonlar arasında istenilen çeşitlilik görülmektedir. TL (Ortalama kromozom uzunluğu) dışında, tüm karakterler için kromozomlar ve populasyonlar arasındaki interaksiyon etkileri önemli derecede farklı olmuştur. Duncan metoduna göre $P<0.01$ önem düzeyine göre populasyonların ortalamaları karşılaştırması [çizelge 5.2](#) de verilmiştir. İnteraksiyon etkilerinin önemli olması kromozomların satelit boyu, kol oranı, kısa kol ve uzun kol uzunluklarındaki farklılıkların bir populasyondan diğerine sabit olmadığını göstermektedir. Bu nedenle populasyonların kromozomlarında meydana gelen evrim sürecinin farklı coğrafik bölgelerde benzer olmadığı düşünülebilir.

Çizelge 5.1 Yonca populasyonlarında kromozomal parametrelerin varyans tablosu; Ortalama Kromozom Uzunluğu (TL), Uzun kol boyu (L), Kısa kol boyu (S), Kol oranı (AR=L/S), Sentromerik indeks (CI) ve Satelit Boyu (SAT)

Varyasyon kaynağı	SD	KO					
		TL	L	S	AR=L/S	CI	SAT
Populasyon	25	22.545**	7.414**	3.659**	0.088**	15.533**	0.654**
Kromozom	7	31.759**	16.651**	5.420**	8.581**	9027.327**	
Populasyon×Kromozom	175	0.172 ^{ns}	0.123**	0.099**	0.205**	66.652**	
Hata	1958	0.248	0.093	0.048	0.035	10.267	0.109
Genel	2166						
CV%		14.99%	16.84%	11.97%	13.75%	7.96%	24.27%

ns: Önemli olmayan; *, **: Önemli P<0.05, P<0.01 sırasıyla

İncelenen populasyonlar arasında en uzun TL (Ortalama Kromozom Uzunluğu) (4.58 µm, 4.27 µm), uzun kol boyu (2.57 µm, 2.35 µm) ve kısa kol boyu (1.85 µm, 1.79 µm) sırasıyla, İran marageh ve tefenni-2 populasyonlarında, ve en uzun haploid kompleman toplam kromozom boyu (TC) (34.19± 0.640 µm) tefenni-2 populasyonunda gözlenmiştir (Çizelge 5.3). Bu karakterler içerisinde en düşük değer in Eğirdir-2 (haploid kompleman toplam kromozom boyu (TC) 18.88± 0.284 µm) populasyonuna ait olduğu gözlenmiştir (Çizelge 5.3). En uzun satellitli kromozom Hüyük-2 populasyonunda belirlenmiştir. Boyu kısa koldan hemen hemen 2 kat daha uzun olarak belirlenmiştir (Çizelge 5.3).

Kromozomların morfolojik özellikleri Çizelge 5.3 da gösterilmiştir. Populasyonların karyotipleri incelendiğinde çoğunlukla metasentrik (m) ve submetasentrik (sm) olmak üzere 2 tip kromozom tespit edilmiştir ve metasentrik (m) tipinde olan kromozomlar daha baskın olmuştur. Kromozomların boyunda ve onlara ait kol oranlarında önemli farklılıkların olması, populasyonların çeşitlenmesi sırasında kromatin (DNA) maddesinde kantitatif değişikliklerin meydana geldiğini göstermektedir. Populasyonlardaki metasentrik kromozomların sayısına göre populasyonlar 3 grupta sınıflandırılmıştır: 1. Karyotiplerinde 20 adet metasentrik kromozom (20m) (%32) içeren populasyonlar 2. Karyotiplerinde 24 adet metasentrik (24m) (%36) kromozom içeren populasyonlar 3. Karyotiplerinde 28 adet metasentrik (28m) (%32) kromozom içeren populasyonlar (Çizelge 5.3).

Çizelge 5.2 Yonca populasyonlarının Duncan yöntemi kullanılarak kromozom ortalamalarının karşılaştırılması; Ortalama Kromozom Uzunluğu (TL), Uzun kol boyu (L), Kısa kol boyu (S), Kol oranı (AR =L/S), Sentromerik indeks (CI) ve Satelit Boyu (SAT)

Populasyon	TL (µm)		Populasyon	Uzun kol(L) µm		Populasyon	Kısa kol (S) µm	
Marageh Iran	4.58	A	Marageh Iran	2.57	A	Tefenni-2	1.79	A
Tefenni-2	4.27	B	Tefenni-2	2.35	B	Marageh Iran	1.85	A
Gelendost-2	4.11	C	Gelendost-2	2.3	BC	Gelendost-2	1.67	B
Gelendost-3	4.00	C	Uluborlu-1	2.25	BC	Gelendost-3	1.64	B
Uluborlu-1	4.08	C	Gelendost-3	2.21	C	Uluborlu-1	1.66	B
Sultandağı-1	3.99	C	Sultandağı-1	2.21	C	Sultandağı-1	1.61	B
Karamanlı-1	3.69	D	Karamanlı-1	2.06	D	Karamanlı-1	1.53	C
Dinar-1	3.79	D	Dinar-1	2.09	D	Sandıklı-3	1.46	C
Çay-2	3.74	D	Çay-2	2.06	D	Dinar-1	1.54	C
Sandıklı-3	3.86	E	Sandıklı-3	1.93	E	Çay-2	1.53	C
Ağlasun-2	3.54	EF	Ağlasun-2	1.91	EF	Ağlasun-2	1.39	D
Uluborlu-2	3.74	EFG	Uluborlu-2	1.84	EFG	Uluborlu-2	1.38	D
Hüyük-2	3.31	FGH	Hüyük-2	1.82	FG	Hüyük-2	1.33	DE
Yalvaç-3	3.28	FGHI	Yalvaç-3	1.82	FG	Yalvaç-3	1.33	DE
Şuhut-2	3.22	GHI	Keçiborlu-3	1.75	GH	Bucak-2	1.3	EF
Keçiborlu-3	3.15	HIJ	Şuhut-2	1.75	GH	Senirkent-2	1.3	EF
Bucak-2	3.14	IJ	Bucak-2	1.71	HI	Keçiborlu-3	1.28	EFG
Ş. Karaağaç-2	2.97	J	Senirkent-2	1.7	HIJ	Şuhut-2	1.3	EFG
Senirkent-2	3.13	J	Ş. Karaağaç-2	1.62	IH	Bolvadin-3	1.25	EFG
Dinar-2	3.00	J	Dinar-2	1.62	IJ	Dinar-2	1.23	FG
Bolvadin-3	2.99	J	Beyşehir-1	1.63	IJ	Ş. Karaağaç-2	1.23	FGH
Beyşehir-1	2.98	J	Bolvadin-3	1.59	JK	Beyşehir-1	1.22	GH
Akşehir-2	2.8	K	Akşehir-2	1.5	KL	Akşehir-2	1.16	HI
Yeşilova-2	2.64	KL	Yeşilova-2	1.44	L	Yeşilova-2	1.1	IJ
Yeşilova-3	2.56	L	Yeşilova-3	1.42	L	Yeşilova-3	1.05	J
Eğirdir-2	2.36	M	Eğirdir-2	1.28	M	Eğirdir-2	0.98	K

Çizelge 5.3 Yonca populasyonlarının Duncan yöntemi kullanılarak kromozomortalamalarının karşılaştırılması; Ortalama Kromozom Uzunluğu (TL), Uzun kol boyu (L), Kısa kol boyu (S), Kol oranı (AR =L/S), Sentromerik indeks (CI) ve Satelit Boyu (SAT) (devam)

Populasyon	AR	Populasyon	CI	Populasyon	Sat
Gelendost-2	1.42	A	Bolvadin-3	42.36	A
Marageh Iran	1.41	A	Sandıklı-3	41.8	AB
Sultandağı-1	1.4	AB	Yeşilova-2	42.23	ABC
Yalvaç-3	1.4	ABC	Tefenni-2	42.11	ABCD
Ağlasun-2	1.4	ABCD	Eğirdir-2	42.04	ABCD
Hüyük-2	1.39	ABCD	Akşehir-2	42.08	ABCD
Dinar-1	1.39	ABCD	Senirkent-2	42.14	ABCD
Yeşilova-3	1.38	ABCDE	Yeşilova-3	41.45	ABCDE
Karamanlı-1	1.37	ABCDE	Karamanlı-1	41.9	ABCDE
Gelendost-3	1.37	ABCDE	Ağlasun-2	41.5	ABCDE
Keçiborlu-3	1.39	ABCDE	Bucak-2	41.83	ABCDE
Uluborlu-1	1.38	ABCDE	Gelendost-3	41.33	ABCDE
Şuhut-2	1.38	ABCDE	Ş. Karaağaç-2	41.72	ABCDE
Beyşehir-1	1.37	ABCDE	Uluborlu-1	41.38	ABCDE
Tefenni-2	1.35	ABCDEF	Uluborlu-2	41.72	ABCDE
Uluborlu-2	1.35	ABCDEF	Dinar-2	41.76	ABCDE
Çay-2	1.36	ABCDEF	Çay-2	41.58	ABCDE
Bucak-2	1.34	BCDEF	Beyşehir-1	41.48	ABCDE
Eğirdir-2	1.33	CDEF	Yalvaç-3	41.3	BCDE
Ş. Karaağaç-2	1.33	CDEF	Keçiborlu-3	41.05	BCDE
Yeşilova-2	1.32	DEF	Sultandağı-1	41.22	BCDE
Sandıklı-3	1.34	DEF	Dinar-1	41.15	CDE
Dinar-2	1.32	DEF	Şuhut-2	41.05	CDE
Akşehir-2	1.32	EF	Hüyük-2	40.89	DE
Senirkent-2	1.32	EF	Gelendost-2	40.74	E
Bolvadin-3	1.29	F	Marageh Iran	40.71	E

5.2 Karyotipik simetri ve asimetri parametrelerin ölçüm sonuçları

Karyotip asimetri indeksi bitki kromozomlarının genel morfolojisini belirlemede etkin bir parametredir. Bu nedenle akraba türler ve genotiplerin karyotip karşılaştırılmasının yardımıyla uniform bir system elde etmek bir avantaj sağlar. Karyotip ve bunların çeşitli karakter bileşenleri, verilen taxa da karyoevrin sürecinin şifre çözümünde ölçüt olarak kullanılır. Sentromerin yeri ve nispi kromozom boyu, simetri vs asimetri kavramına dayalı olan kromozom benzerliklerinin mantıklı değerlendirilmesine olanak veren karyotipik özelliklerden en önemli iki tanesidir (Çizelge 5.3). Asimetrik karyotiplerin, simetrik karyotiplerden daha gelişmiş olduğu öne sürülmüştür (Stebbins 1971) ve genellikle simetrik karyotipteki değişiklikler kromatinin kaybı ile ilişkilendirilmiştir.

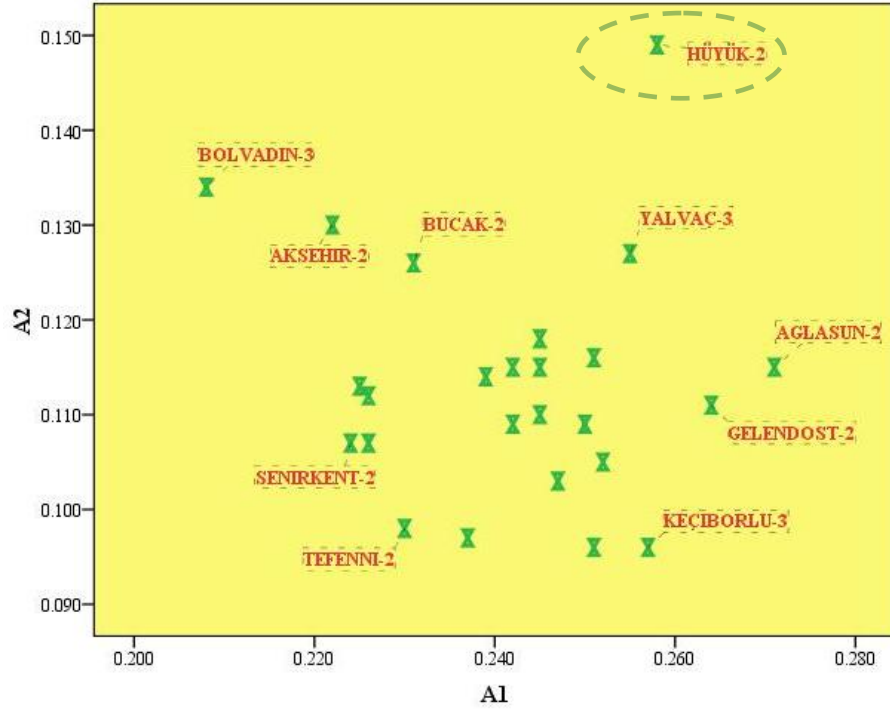
Populasyonların karyotipleri Stebbins'in sınıflandırmasına göre 2A ve 2B şeklinde sınıflandırılmıştır ve yalnızca bir populasyon (Hüyük -2) büyük bir satellite ve heteromorfik kromozoma sahip olduğundan 2C sınıfında sınıflandırılmıştır (Çizelge 5.3). Buna ek olarak daha detaylı bir şekilde karyotipik simetri analizi için diğer parametreler de, örneğin Romero-Zarco 1986, karyotipin toplam formu yüzdesi (TF%) (Huziwara 1962), varyasyon katsayısı (CV%), dağılım indeksi (DI) incelenmiştir (Çizelge 5.3). Varyasyon katsayısı %14.90 ile (Hüyük-2 (24m+ 4sm+ 4m^{sat}) populasyonunda) % 9.60 (Yeşilova-3 (20 m+ 4sm + 4~sm+ 4m^{sat}) populasyonunda) arasında değişmiştir.

Çizelge 5.4 İncelenen yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonlarının karyotip özellikleri; Karyotip Formülü (KF), Ortalama Kromozom Uzunluğu (Ortalama (TL)), Satelit Boyu (SAT), Haploid kompleman toplam kromozom boyu (TC), kromozom uzunluğunun aralığı (Aralığı), A₁ intrakromozomal asimetri (intrachromosomal asymmetry) indeksi ve A₂ interkromozomal asimetri (interchromosomal asymmetry) indeksi (Romero-Zarco 1986), Ortalama Sentromerik indeks (CI), Stebbins kategorileri asimetrisi (SC) (Stebbins 1971), Karyotipin toplam formu yüzdesi (TF%) (Huziwara 1962), Varyasyon Katsayısı (CV%), Dağılım İndeksi (DI) (Levania vd. 1992) ve Nispi kromozom boyunun aralık farkı (DRL)

Populasyon	KF	Ortalama(TL)	Aralığı	TC	CI	SAT	CV%	A ₁	A ₂	DRL	TF%	DI	SC
Yeşilova-2	28 m+ 4 sm ^{sat}	2.64± 0.03	2.12- 3.68	21.15± 0.308	42.23± 0.68	0.97	10.70	0.226	0.107	4.02	41.74	3.947	2A
Yeşilova-3	20 m+ 4sm + 4~sm+ 4sm ^{sat}	2.56± 0.04	1.69- 3.69	20.47± 0.382	41.45± 0.69	0.82	9.60	0.251	0.096	3.15	41.01	4.318	2B
Karamanlı-1	24 m+ 4sm+ 4 sm ^{sat}	3.69± 0.06	2.45- 5.23	29.51± 0.609	41.90± 0.65	1.20	11.80	0.245	0.118	4.71	41.51	3.551	2B
Tefenni-2	24 m+ 4sm+ 4 sm ^{sat}	4.27± 0.08	3.03- 5.74	34.19± 0.640	42.11± 0.89	1.10	9.80	0.230	0.098	3.73	41.84	4.297	2B
Ağlasun-2	20 m+ 4sm+ 4~sm+ 4sm ^{sat}	3.54± 0.05	2.42- 4.58	28.31± 0.435	41.50± 0.69	0.97	11.50	0.271	0.115	4.00	40.22	3.609	2B
Bucak-2	24m+ 4~sm + 4~sm ^{sat} + 2B	3.14± 0.06	2.12- 4.57	25.11± 0.550	41.83± 0.68	1.03	12.60	0.231	0.126	4.63	41.43	3.320	2B
Eğirdir-2	28m+ 4~sm ^{sat}	2.36± 0.03	1.83- 3.19	18.88± 0.284	42.04± 0.70	0.82	11.20	0.226	0.112	4.54	41.44	3.754	2A
Gelendost-2	20m+ 8sm+ 4~sm ^{sat}	4.11± 0.06	3.21- 5.71	32.88± 0.475	40.74± 0.89	1.15	11.10	0.264	0.111	4.19	40.53	3.670	2B
Gelendost-3	20m+ 4sm+ 4~sm+ 4m ^{sat}	4.00± 0.06	2.88- 5.40	32.03± 0.562	41.45± 0.66	1.21	10.30	0.247	0.103	3.52	40.91	4.024	2B
Ş. Karaağaç-2	28m+ 4m ^{sat}	2.97± 0.06	1.94- 4.35	23.79± 0.544	41.72± 0.65	1.03	9.70	0.237	0.097	3.63	41.21	4.301	2B
Hüyük-2	24m+ 4sm+ 4m ^{sat}	3.31± 0.08	2.02- 6.22	26.50± 0.794	40.89± 0.73	2.09	14.90	0.258	0.149	5.48	40.14	2.744	2C
Yalvaç-3	28m+ 4sm ^{sat}	3.28± 0.07	1.73- 5.20	26.21± 0.681	41.30± 0.76	1.02	12.70	0.255	0.127	5.23	40.56	3.252	2B
Akşehir-2	28m+ 4~sm ^{sat}	2.80± 0.05	2.22- 4.11	22.38± 0.367	42.08± 0.86	1.09	13.00	0.222	0.130	4.83	41.41	3.237	2A
Keçiborlu-3	24m+ 4sm+ 4~sm ^{sat}	3.15± 0.05	2.07- 4.22	25.25± 0.510	41.20± 0.69	1.01	9.60	0.257	0.096	3.44	40.59	4.292	2B
Uluborlu-1	20m+ 8sm+ 4~sm ^{sat}	4.08± 0.07	3.01- 5.27	32.62± 0.561	41.38± 0.91	1.32	10.90	0.242	0.109	3.75	40.81	3.796	2B
Uluborlu-2	20m+ 4sm+ 4~sm+ 4~sm ^{sat}	3.74± 0.06	1.89- 5.15	29.92± 0.703	41.72± 0.71	1.15	11.00	0.245	0.110	4.40	40.88	3.793	2B
Senirkent-2	28m+ 4~sm ^{sat}	3.13± 0.07	2.05- 5.04	25.02± 0.683	42.09± 0.66	1.02	10.70	0.224	0.107	3.67	41.72	3.934	2B
Sandıklı-3	24m+ 4sm+ 4~sm ^{sat}	3.86± 0.13	2.23- 6.20	30.88± 1.02	42.46± 0.66	1.26	11.40	0.239	0.114	4.01	41.04	3.725	2B

Çizelge 5.5 İncelenen yonca (*Medicago sativa* L.) populasyonlarının karyotip özellikleri; Karyotip Formülü (KF), Ortalama Kromozom Uzunluğu (Ortalama (TL)), Satelit Boyu (SAT), Haploid kompleman toplam kromozom boyu (TC), kromozom uzunluğunun aralığı (Aralığı), A₁ intrakromozomal asimetri (intrachromosomal asymmetry) indeksi ve A₂ interkromozomal asimetri (interchromosomal asymmetry) indeksi (Romero-Zarco 1986), Ortalama Sentromerik indeks (CI), Stebbins kategorileri asimetrisi (SC) (Stebbins 1971), Karyotipin toplam formu yüzdesi (TF%) (Huziwara 1962), Varyasyon Katsayısı (CV%), Dağılım İndeksi (DI) (Levania vd. 1992) ve Nispi kromozom boyunun aralık farkı (DRL) (devam)

Populasyon	KF	Ortalama(TL)	Aralığı	TC	CI	SAT	CV%	A ₁	A ₂	DRL	TF%	DI	SC
Dinar-1	20m+ 8sm+ 4~sm ^{sat}	3.79± 0.06	2.95- 5.11	30.33± 0.455	41.15± 0.90	1.26	10.90	0.250	0.109	4.49	40.62	3.775	2B
Dinar-2	20m+ 8sm+ 4m ^{sat}	3.00± 0.08	1.96- 4.39	23.96± 0.643	41.76± 0.83	1.16	11.30	0.225	0.113	4.32	41.21	3.696	2B
Şuhut-2	24m+ 4sm+ 4sm ^{sat}	3.22± 0.05	2.54- 4.79	25.72± 0.439	41.05± 0.97	1.36	11.60	0.251	0.116	4.83	40.32	3.539	2B
Çay-2	24m+ 4sm+ 4m ^{sat}	3.74± 0.08	2.44- 5.93	29.9± 0.808	41.58± 0.66	1.18	11.50	0.245	0.115	4.30	41.03	3.616	2B
Sultandağı-1	28m+ 4sm ^{sat}	3.99± 0.12	2.50- 5.82	31.95± 0.944	41.22± 1.03	1.40	10.50	0.252	0.105	3.82	40.41	3.926	2B
Bolvadin-3	28m+ 4~sm ^{sat}	2.99± 0.05	2.18- 4.24	24.00± 0.405	42.63± 0.90	1.19	13.40	0.208	0.134	5.13	41.58	3.181	2B
Beyşehir-1	24m+ 4~sm+ 4sm ^{sat}	2.98± 0.04	2.24- 4.35	23.83± 0.414	41.51± 0.63	1.13	11.50	0.242	0.115	4.71	40.85	3.610	2B



Şekil 5.1 Romero- Zarco (1986) Saçılım diyagramı asimetri endeksleri. A_1 ve A_2 değerleri Çizelge 4.29 'de özetlenmiştir

DRL simetri indeksi üzerinde yapılan çalışmalar sonucu , Yeşilova-3 (%3.15), Keçiborlu-3 (%3.44), Gelendost-3 (%3.52) ve Ş. Karaağaç-2 (%3.63) populasyonlarının en düşük nispi kromozom boyunun aralık farkı olduğu ve böylece en simetrik karyotipe sahip oldukları görülmüştür, Hüyük-2 (%5.48), Yalvaç-3 (%5.23) ve Bolvadin-3 (%5.13) populasyonlar ise en asimelik populasyonlar olmuştur (Çizelge 5.3). TF% indeksi bakımından, Tefenni-2 (41.84), Yeşilova-2 (41.74) ve Senirkent-2 (41.72) populasyonlarının en yüksek yüzdeye sahip olması nedeniyle, başka bir deyişle sentromerlerin kromozomların ortasında bulunması ve kromozomların çoğunun metasantrik karyotipinde olması sebebiyle en simetrik populasyonlar oldukları görülmüştür (Huziwara 1962) ve Hüyük-2 (40.14), Ağlasun-2 (40.22), Şuhut-2 (40.32) ve Sultandağı-1 (40.41) populasyonlarının ise en asimelik populasyonlar olduğu görülmüştür (Çizelge 5.3). Karyotip asimetri ölçüm yöntemlerinin her biri, kromozomların farklı özelliğini kullandığı için onlardan elde edilen sonuçlar da birbirine benzemek zorunda değildir. Değişim katsayı sonuçları, bu değişimin araştırma

konusu 25 yonca populasyonunda, %9,6 ile %14,9 arasında deęiřtięini gstermiřtir. Bu arařtırma sonularına gre, Yeřilova-3 populasyonu (%9,6) en dřk deęiřim katsayısı ile en simetrik karyotipe sahiptir ve kromozomlarının uzunluęu daha muntazamdır. Hyk-2 (%14.9) populasyonu ise en yksek deęiřim katsayısı ile en asimetric karyotipe sahiptir ([izelge 5.3](#)).

Daęılım indeks (DI) istatistięi, her trl kyotip deęiřkenlięini belirleme potansiyeline sahiptir ve daęılım indeksi ne kadar fazla olursa, karyotip daha zelleřmiř ve varlık daha fazla geliřmiř ve evrimleřmiř olur ([Levania vd. 1992](#)). Daęılım indeksi, toplam kromozom boyunun kademeli deęiřiklik daęılımını, karyotip mecmuası iinde sentromer konumunun deęiřkenlięi ile kıyasla belirlenir. Bylece Stebbins 'in karyotip simetri sınıfları derecelendirmesini pekiřtirir ([Stebbins 1971](#)). Bu istatistik sonuları ([izelge 5.3](#)), Yeřilova-3 (4.318) populasyonunun en yksek miktarla en ok simetrik karyotip ieren ve evrim aısından en geliřmiř populasyon olduklarını, Hyk-2 populasyonunun ise en az (2.744) ile en asimetric karyotipe sahip olduęunu gstermiřtir. Bu indeks, taksonomi ve trler arası zellikle de yakın trler arasındaki iliřkiyi belirlemede, dięer sistematik parametreler kadar yararlı olabilir ([Levania vd. 1992](#)). [Stebbins](#) sınıflandırmasını kullanarak tm arařtırılan populasyonlar, 2A ve 2B simetri gruplarında sınıflandırılmıřtır. Bu nedenle, populasyonlar arası farklılıkları simetri bakımından saptamak amacıyla yapılan ek alıřmalarda, [Romero- Zarco 1986](#) sınıflandırılması kullanılmıřtır. Bu arařtırma sonuları A_1 deęerinin 0,208 ile 0.271 arasında deęiřtięini gstermiřtir. Arařtırma sonularına gre, Bolvadin-3 populasyonu en dřk A_1 (0.208) miktarı ile (0.208) en simetrik karyotipe ve Aęlasun-2 populasyonu en yksek A_1 (0.271) miktarı ile en asimetric karyotipe sahiptir ([izelge 5.3](#) ve [řekil 5.1](#)). Bu verilere (A_1) dayanarak, Aęlasun-2 populasyonunda en yksek kromozom ii farklılıklar (kromozom kolları arasındaki farklılıklar) olduęunu ve bunun sonucunda da asimetric karyotiplerin olduęunu, Bolvadin-3 populasyonunda ise bu durumun tam tersinin gerekleřtięini sylemek mmkndr. A_2 parametresi incelemesinde, bu parametre deęerinin 0.096 ile 0.149 arasında deęiřtięi saptanmıřtır. A_2 miktarı en ok Hyk-2 (0.149) ve Bolvadin-3 (0.134) populasyonlarında saptandıęı iin, bu populasyonlarda deęiřik kromozom boyları arasında en ok fark olduęunu sylemek mmkndr (en asimetric karyotip). Tam tersine Yeřilova-3 ve Keiborlu-3

populasyonlarının her ikisinin de en az A_2 miktarı ile (0.096) kendi kromozom boyları arasında en az farklılığa sahip oldukları görülmüştür (en simetrik karyotip) ([Çizelge 5.3](#)). Araştırma konusu olan yonca populasyonlarında karyotipler arasındaki asimetri, evrim sürecinin kalıcı ve sürekli etkilerini göstermektedir ([Stebbins 1971](#)). Evrim bakımından daha gelişmiş olan bitki türleri, karyotip bakımından daha asimetrikler ve bu asimetri durumu kromozom parçalarının yer değiştirmesi sonucu daha da artış gösterir ([Stebbins 1971](#)).

Karyotip simetrisi ölçüm parametreleri açısından, karyotip benzersizliği, türler içi ve populasyonlar arası başarılı melezlemeleri önlediği gibi, üremede ve uygun tohum üretiminde yetersizlikle sonuçlanabilir. Başka bir deyişle, bu tür birleşmelerden elde edilen sonuçlar büyük ölçüde kısır olabilirler ([Richards 1986](#), [Sharma 1994](#)).

5.3 Yonca populasyonlarında karyotip parametrelerin çok değişkenli analizi

Korelasyon katsayısı karakterler arasında bir ilişki olduğunu göstermektedir. Sitogenetiğin çeşitli özellikleri arasındaki korelasyon [Çizelge 5.4](#) 'da belirtilmiştir. Kromozomal parametrelerde Ortalama (TL), Kısa Kol, Uzun Kol ve Toplam Haploid Kromozom Uzunluğuyla (TC) daha yüksek derecede önemli pozitif korelasyon bağlantısı kurmuş ayrıca Ortalama (TL)'nin Kol Oranı (AR) pozitif bağlantısı yüksek bir öneme sahiptir. TL ve TC nin AR ile korelasyonu düşük olduğu için kromatinin nicel değişikliklerinden dolayı kromozomların toplam uzunluğundaki en önemli faktör olduğu ve yapısal değişikliklerin kromozomların toplam uzunluklarının varyasyonuna etkisi olmadığı sonucuna varılmıştır. Uzun kol daha çok kısa kolla ve kol oranıyla bağlantılıdır. Kol Oranı CI ve TF% ile negatif korelasyon yüksek derecede önem göstermektedir. Birçok özellikler arasında sitogenetik korelasyon önemli olduğunda, bu karakterlerden genotiplerin yüksek varyasyonu olmadığını göstermektedir. Sitogenetik korelasyonu önemli olmadığı zaman, bu karakterlerden genotiplerin yüksek varyasyon gösterdiği ortaya çıkar ve bu populasyonlar mayoz boyunca kromozom çalışmalarında kullanılabilir.

Çizelge 5.6 İncelenen yonca (*Medicago Sativa* L.) populasyonlarında kromozomal parametrelerin basit korelasyon katsayıları

Parametreler	Ortalama (TL)	TC	Uzun kol (L)	Kısa Kol (S)	Kol Oranı (AR)	CI	SAT	CV%	DRL	TF%	DI
Ortalama (TL)	1										
TC	.981**	1									
Uzun kol (L)	.998**	.980**	1								
Kısa Kol (S)	.997**	.982**	.993**	1							
Kol Oranı (AR)	.494*	.456*	.537**	.435*	1						
CI	-0.346	-0.287	-0.376	-0.273	-.897**	1					
SAT	0.393	0.383	0.378	0.359	0.274	-0.388	1				
CV%	-0.146	-0.146	-0.16	-0.16	-0.11	0.03	.545**	1			
DRL	-0.168	-0.172	-0.183	-0.185	-0.071	-0.015	.434*	.894**	1		
TF%	-0.272	-0.286	-0.302	-0.204	-.804**	.833**	-.476*	-0.152	-0.136	1	
DI	0.094	0.094	0.105	0.113	0.026	0.05	-.531**	-.986**	-.909**	0.226	1

** Korelasyon 0.01 seviyede önemlidir.

* Korelasyon 0.05 seviyede önemlidir.

Ortalama Kromozom Uzunluğu (Ortalama (TL)), Satelit Boyu (SAT), Haploid kompleman toplam kromozom boyu (TC), Ortalama Sentromerik indeks (CI), Karyotipin toplam formu yüzdesi (TF%) (Huziwara 1962), Varyasyon Katsayısı (CV%), Dağılım İndeksi (DI) (Levania vd. 1992)ve Nispi kromozom boyunun aralık farkı (DRL)

Çizelge 5.7 Temel bileşenler ve birincil değişkenlere analizden elde edilen üç temel bileşen arasındaki ilişki

Parametreler	Komponentler			$\sum r^2$
	1	2	3	
A2	0.985**	-0.093	-0.034	0.980
CV%	0.985**	-0.093	-0.034	0.980
DI	-0.981**	0.06	-0.04	0.968
DRL	0.921**	-0.134	-0.010	0.866
Satelit	0.639**	0.404*	0.296	0.659
Kisa Kol (S)	-0.068	0.986**	0.134	0.995
Ortalama (TL)	-0.051	0.974**	0.205	0.993
TC	-0.052	0.969**	0.187	0.977
Uzun kol (L)	-0.069	0.962**	0.248	0.992
CI	-0.03	-0.149	-0.933**	0.894
A1	-0.077	0.217	0.926**	0.910
TF%	-0.203	-0.104	-0.920**	0.898
Kol Oranı (AR)	-0.062	0.302	0.915**	0.932
Özdeğeri	5.534	4.282	2.232	
Nisbi Varyans	42.566	32.937	17.168	
Kümülativ Varyans	42.566	75.503	92.672	

*, **: Önemli $P < 0.05$, $P < 0.01$ sırasıyla

Yonca populasyonları Klaster analizinde, K-Ortalamaları ve F testleri kullanılarak, 4 gruba ayrılmıştır (Şekil 5.3). Oluşturulan alt gruplarda, YESILOVA-3 ve KEÇİBORLU-3'ün en yakın, HÜYÜK-2 ve YESILOVA-2'nin ise en uzak genetik mesafeye sahip olduğu görülmüştür. Karyotip karşılaştırmalar için çok değişkenli istatistiksel yöntemlerin kullanılması, populasyonlar ve bitki türleri arasında genom farklılıklarının olduğunu belirtmektedir. Birbirinden uzak gruplarda bulunan populasyonlar, daha fazla genetik farklılık barındırdıkları için, genetik mesafeden doğan uyumsuzluğun izin verdiği ölçüde, uygun genetik çeşitlilik üretmek amacıyla ıslah programlarında kullanılabilir. Ölçülmüş bütün karyotip özellikleri üzerinde yapılan klaster analizinde, dört klaster oluştuğu halde, ortak klasterlerde konulan populasyonlar bazen ortak kökenli olduklarından uygun genetik çeşitlilik üretilebilir. Aslında yapılan bu analizde amaç, kökenin kromozom özellikleri üzerindeki etkisini ispatlamak değildir. Çünkü günümüzde ıslah ve tohum üreten merkezler ile tohum yetiştirme merkezleri arasında olan ilişki sayesinde, en uzak bölgelerde bile rahat bir

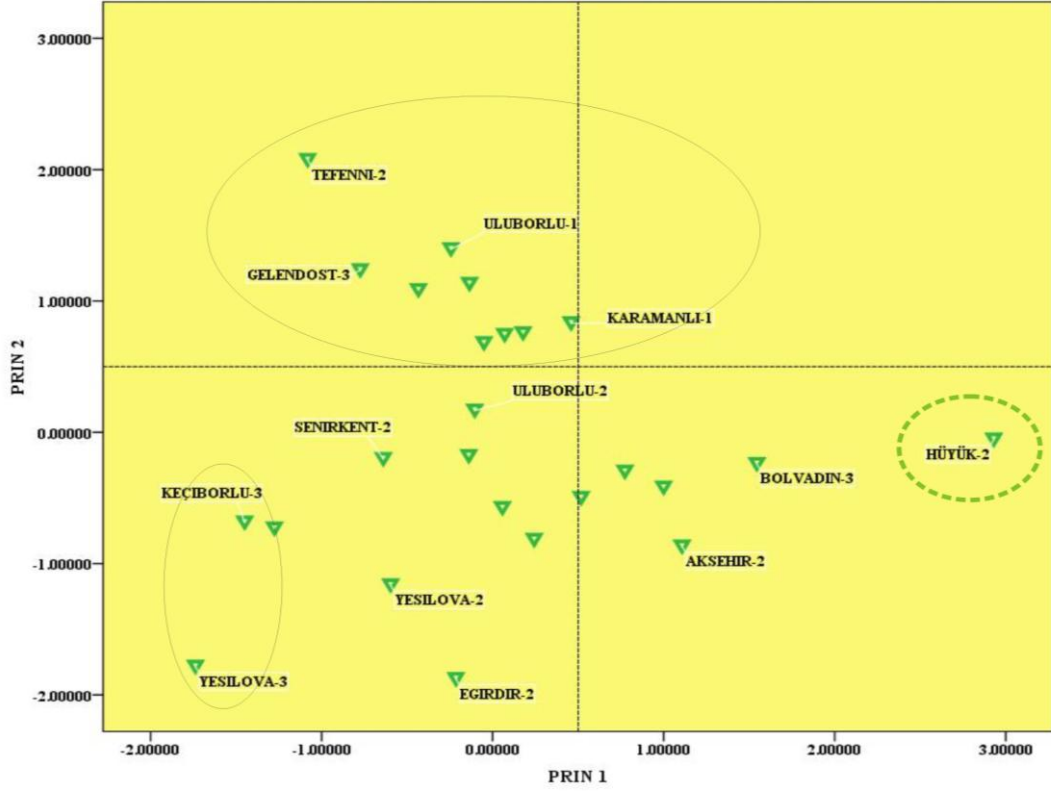
şekilde ve bol miktarda tohum alışverişi yapılmakta ve buralardan elde edilen tohumlar ıslah programlarında kullanılabilir. Bu nedenle populasyonların birçoğu köken bakımından ortak genetik geçmişe sahip olabilirler ve bu tür araştırmalarda aynı şekilde görünebilirler. Bu araştırmada amaç karyotip özellikleri açısından en çok benzer olan populasyonlar ve genotipleri bulmaktır. Araştırmada, sınıflandırma yaparken kromozomsal özellikleri kullanmanın nedeni ise, populasyonların aşırı uzaklıklarının, kromozom boyutları açısından homojenik eksikliğe sebep olma ihtimalidir.

Temel bileşenlere analiz yöntemi, genetik ve sitogenetik çeşitliliği açıklamada ve anlatmada yaygın bir şekilde kullanılmaktadır. Bu araştırmada, temel bileşenlere analiz sonuçları, ilk üç bileşenin verilerde ortaya çıkan değişimlerinin %92.67'ni açıklamış ve 25 yonca populasyonun içindeki çeşitlilikte en çok rolü olduğunu göstermiştir (Çizelge 5.5).

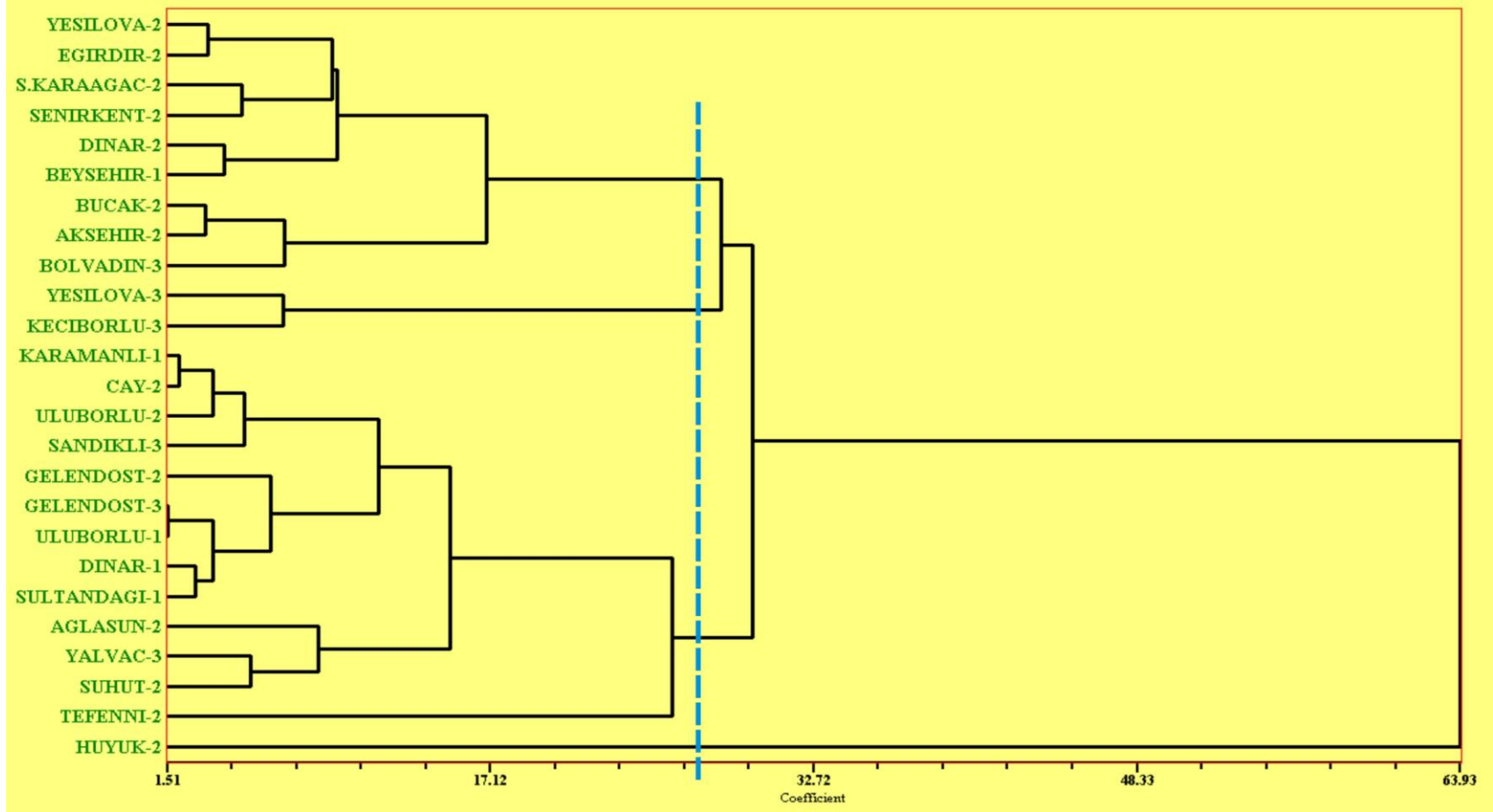
A₂, CV yüzdesi, DI, DRL ve Satelit özelliklerinin (sırasıyla 0.985, 0.985, -0.981, 0.921 ve 0.639) birinci bileşen ile yüksek korelasyonunu (ilişkinisi) göz önünde bulundurarak, bu özelliklerin birinci bileşenin ortaya çıkmasında çok etkili olduğunu ve en çok çeşitliliğe (varyasyon) neden olduğunu söylemek mümkündür. Kısa Kol (S), TC, Ortalama(TL) ve Uzun kol (L) ise en çok ikinci değişken ile korelasyon (ilişki) içindedir ve ikinci değişkenin ortaya çıkmasında daha etkilidirler. Belirtme katsayısı toplamına göre Σr^2 (Çizelge 5.5), populasyonlar arasındaki varyasyonu açıklamak için, ilk sıradaki temel üç değişkeni kullanmak çok uygun bulunmuştur ve Σr^2 değerinin yüksek olması, korelasyon matrisi esasında temel bileşenlere doğru analiz yapıldığını göstermektedir. Populasyonları birbirinden ayırmada, temel bileşenlere analizin yeterliğini göstermek için, birinci ve ikinci değişken arasında iki boyutlu plot çizilmiştir (Şekil 5.2).

Populasyonları temel bileşenler analiz esasına göre sınıflandırırken 4 grup oluştu. Buradan elde edilen sonuçlar, klaster analizi esasında yapılan sınıflandırmadan elde edilen verileri onaylamaktadır. Bu nedenle en fazla tohumu elde etmek için, HÜYÜK-2 populasyonu hariç, klaster grupları arasındaki melezlemeler en yüksek kromozomsal homolojiye sahip oldukları için tavsiye edilir. HÜYÜK-2 populasyonu kromozomsal homoloji bakımından, hetromorf kromozomlara sahip olduğu için ve mayoz aşamasında

bozuluk oluşabileceğinden kısırlıkla sonuçlanabilir. Bu nedenle, bu yöntem her küme toplulukları grupları arasında yüksek genetik çeşitliği üretme açısından en iyi melezleme yöntemidir.



Şekil 5.2 Karyotip özellikleri göz önünde bulundurularak temel bileşenlerin analizinden elde edilen birinci ve ikinci temel bileşen kullanılarak yonca populasyonların sınıflandırılması



Şekil 5.3 Araştırma konusu yonca populasyonlarında karyotip özellikler esasında yapılan klaster analizinden elde edilen dendrogram (Cophenetic; $r = 0.76$)

KAYNAKLAR

- Agapova, N.D. and Grif, V.G. 1982. On a chromosomal terminology. Bot. J. (Sankt Peterburg), 67: 1280-1284.
- Agarwal, K. and Gupta, P.K. 1983. Cytological studies in the genus *Medicago* L. *Cytologia* 48:781-793.
- Agayev, Y.M., Zarifi, E. and Fernandez, J.A. 2010. A study of karyotypes in the *Crocus sativus* L. aggregate and origin of saffron. III International Symposium on Saffron: Forthcoming Challenges in Cultivation, Research and Economics. Acta Horticulturae 850, ISHS 2010. P. 47-54.
- Akgün, İ., Tosun, M. ve Sağsöz, S.1998. Bitkisel gen kaynaklarının önemi ve Erzurum'un bitkisel gen kaynakları yönünden değerlendirilmesi. Doğu Anadolu Tarım Kong. 14-18 Eylül, 363-372, Erzurum.
- Ananiev, E.V., Riera-Lizarazu, O., Rines, H.W. and Phillips, R.L. 1997. Oat-maize chromosome addition lines: A new system for mapping the maize genome. *Proceedings of the National Academy of Science USA* 94:3524-3529.
- Anonim, 2001. Türkiye Ulusal Biyolojik Çeşitlilik Stratejisi Eylem Planı. <http://www.bcs.gov.tr/2.5.php>.
- Anonim, 2009. T.C Tarım Ve Köyişleri Bakanlığı, Tarımsal Üretim Ve Geliştirme Genel Müdürlüğü Tohumluk Tescil ve Sertifikasyon Merkezi Müdürlüğü. Üretim izni çeşit listesi ve Tescilli çeşitler listesi. Ankara. www.dpt.gov.tr .
- Anonim, 2011. Tarım istatistikleri özetleri. TÜİK. www.tuik.gov.tr/IcerikGetir.do?istab_id=53 .
- Anonim, 2012. Türkiye Devlet İstatistik Enstitüsünün tarım İstatistikleri. <http://www.tarimcionline.com/makaleler/yonca-ziraati> .
- Anonymous. 2007. United States Department of Agriculture, National Agricultural Statistics Service 2007. Agricultural Statistics. United States Government Printing Office Washington.
- Arcioni, S.A., Damiani, F., Piccirilli, M. and Pupilli, F. 1993. Embryo rescue and somatic hybridization for the production of interspecific hybrids in the genus *Medicago*. *Proceedings of XVII International Grasslands Congress* 1041-1042.
- Bakır, Ö., 1985. Çayır-Mera Islahı, Prensipler ve Uygulamalar. Ankara Üniv. Zir. Yay. No: 947, Ders Kitabı: 272, Ankara, 226 s.
- Barcaccia, G., Albertini, E., Tavoletti, S., Falcinelli, M. and Veronesi, F. 1999. AFLP fingerprinting in *Medicago* spp.: Its development and application in linkage mapping. *Plant Breeding* 118:335-340.

- Barker, D.G., Bianchi, S., Laondon, F., Dattee, Y., Duc, G., Essad, S., Flament, P., Gallusei, P., Genier, G., Guy, P., et al. 1990. *Medicago truncatula*: A model plant for studying the molecular genetics of the Rhizobium-legume symbiosis. *Plant Molecular Biology Reporter* 8: 40–49.
- Barnes, D.K., Bingham, E.T., Murphy, R. P., Hunt, O.J., Beard, D.F., Skrdla, W.H. and Teuber, L.R. 1977. Alfalfa germplasm in the United States: Genetic vulnerability, use, improvement and maintenance. USDA Tech Bill. 1571. U.S. Government Print Office, Washington, D.C.
- Barnes, D.K., Goplen, B. P. and Baylor, J. E. 1988. Highlights in the USA and Canada. In *Alfalfa and alfalfa improvement*, ed. A. A. Hanson, D. K. Barnes and R. R. Hill, 1–24. Agronomy Monographs, 29. Madison, WI: ASA, CSSA and SSSA.
- Bauchan, G.R. and Elgin, Jr. J.H. 1984. A new chromosome number for the genus *Medicago*. *Crop Science* 24:193–195.
- Bauchan, G.R. 1987. Embryo culture of *Medicago scutellata* and *M. sativa*. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture* 10:21–29.
- Bauchan, G.R. and Campbell, T.A. 1994. Use of an image analysis system to karyotype diploid alfalfa (*Medicago sativa* L.). *Journal of Heredity* 85:18–22.
- Bauchan, G.R. and Hossain, M.A. 1996. Karyotype analysis of alfalfa using C- and N-banding techniques. *Proceedings of the North American Alfalfa Improvement Conference* 35:4. Oklahoma City, OK, July 16–20, 1996.
- Bauchan, G.R. and Hossain, M.A. 1997. Karyotypic analysis of C-banded chromosomes of diploid alfalfa: *Medicago sativa* ssp. *Coerulea* and ssp. *falcata* and their hybrid. *Journal of Heredity* 88:533–537.
- Bauchan, G.R. and Hossain, M.A. 1998a. Karyotypic analysis of N-banded chromosomes of diploid alfalfa: *Medicago sativa* ssp. *Caerulea* and ssp. *falcata* and their hybrid. *Journal of Heredity* 89:191–193.
- Bauchan, G.R. and Hossain, M. A. 1998b. Cytogenetic studies of the nine germplasm sources of alfalfa. *Proceedings of the North American Alfalfa Improvement Conference* 36:21. Bozeman, MT, Aug. 2–6, 1998.
- Bauchan, G.R. and Hossain, M.A. 1999a. Constitutive heterochromatin DNA polymorphisms in diploid *Medicago sativa* ssp. *falcata*. *Genome* 42:930–935.
- Bauchan, G. R. and Hossain, M. A. 2001a. A computerized image analysis system to characterize small plant chromosomes. *Microscopy Analysis* 48:9–11.
- Bauchan, G.R. and Hossain, M.A. 2001b. Distribution and characterization of heterochromatic DNA in the tetraploid African population alfalfa genome. *Crop Science* 41:1921–1926.

- Bauchan, G.R. and Campbell, T.A. and Hossain, M.A. 2002. Chromosomal polymorphism as detected by C-banding patterns in Chilean alfalfa germplasm. *Crop Science* 42:1291–1297.
- Bauchan, G.R. and Campbell, T.A. and Hossain, M.A. 2003. Comparative chromosome banding of nondormant alfalfa germplasm. *Crop Science* 43:2037–2042.
- Bickmore, W. and Craig, J. 1997. *Molecular biology intelligence unit: Chromosome bands: Patterns in the genome*. Austin, TX: R. G. Landes Co.
- Bickoff, E.M., Kohler, G.O. and Smith, D. 1972. Chemical composition of herbage. In *Alfalfa science and technology*, ed. C. H. Hanson. Agronomy Monograph 15. Madison, WI: ASA, CSSA and SSSA.
- Bingham, E.T., Hurley, L.V., Kaatz, D.M. and Saunders, J.W. 1975. Breeding alfalfa which regenerates from callus tissue in culture. *Crop Science* 15:719–721.
- Bingham, E.T. 1968. Transfer of diploid *Medicago* ssp. germplasm to tetraploid *M. sativa* L In 4x-2x crosses. *Crop Sci* 8:760-762.
- Bingham, E. T. and Saunders, J. W. 1974. Chromosome manipulations in alfalfa: Scaling the cultivated tetraploid to seven ploidy levels. *Crop Science* 14:474–477.
- Bingham, E.T. and McCoy, T.J. 1979. Cultivated alfalfa at the diploid level: Origin, reproductive stability and yield of seed and forage. *Crop Science* 19:97–100.
- Bingham, E. T. and McCoy, T. J. 1988. Alfalfa tissue culture. 903–929. In *Alfalfa and alfalfa improvement*, ed. A. A. Hanson, D. K. Barnes and R. R. Hill, 903–929. Agronomy Monograph 29. Madison, WI: ASA, CSSA and SSSA.
- Blondon, F., Marie, D., Brown, S. and Kondorosi, A. 1994. Genome size and base composition in *Medicago sativa* and *M. truncatula* species. *Genome* 37:264–270.
- Bolton, J.L. and Greenshields, J.E.R. 1950. A diploid form of *Medicago sativa* L. *Science* 112:275–277.
- Bolton, J.L. 1962. *Alfalfa botany, cultivation and utilization*. London: Leonard Hill, World Crops Books.
- Brouwer, D.J. and Osborn, T.C. 1999. A molecular marker linkage map of tetraploid alfalfa (*Medicago sativa* L.). *Theoretical and Applied Genetics* 99:1194–1200.
- Brummer, E.C., Bouton, J.H. and Kochert, G. 1993. Development of an RFLP map in diploid alfalfa. *Theoretical and Applied Genetics* 86:329–332.
- Brummer, E.C., Cazcarro, P.M. and Luth, D. 1999. Ploidy determination of alfalfa germplasm accessions using flow cytometry. *Crop Science* 39:1202–1207.

- Brummer, E.C., Cazcarro, P.M. and Luth, D. 1999. Ploidy determination of alfalfa germplasm accessions using flow cytometry. *Crop Science* 39:1202–1207.
- Buss, G.R. and Cleveland, R.W. 1968. Karyotype of a diploid *Medicago sativa* L. analyzed from sporophytic and gemetophytic mitosis. *Crop Science* 8:713–716.
- Cerbah, M., Kevel, Z., Siljak-Yakovlev, S., Kondorosi, E., Kondorosi, A. and Trinh, T.H. 1999. FISH chromosome mapping allowing karyotype analysis in *Medicago truncatula* lines Jemalong J5 and R-108-1. *Molecular Plant–Microbe Interactions* 12:947–950.
- Choi, H-K., Kim, D., Uhm, T., Limpens, E., Lim, H., Mun, J.H., Kalo, P., et al. 2004. A sequence-based genetic map of *Medicago truncatula* and comparison of marker co-linearity with *M. sativa*. *Genetics* 166:1463–1502.
- Classen, D., Nozzolillo, C. and Small, E. 1982. A phenolic-taxonomic study of *Medicago* (Leguminosae). *Canadian Journal of Botany* 60:2477–2495.
- Clement, W.M., Jr. and Stanford, E.H. 1963. Pachytene studies at the diploid level in *Medicago*. *Crop Science* 3:147–150.
- Cleveland, R.W. and Stanford, E.H. 1959. Chromosome pairing in hybrids between tetraploid *Medicago sativa* L. and diploid *Medicago falcata* L. *Agronomy Journal* 51:488–492.
- Cluster, P.D., Calderini, O., Pupilli, F., Crea, F., Damiani, F. and Arcioni, S. 1996. The fate of ribosomal genes in three interspecific somatic hybrids of *Medicago sativa*: Three different outcomes including the rapid amplification of new spacer-length variants. *Theoretical and Applied Genetics* 93:801–808.
- Cook, D.R. 1999. *Medicago truncatula*—A model in the making! *Current Opinion in Plant Biology*, 2:301–304.
- Cook, D.R., VandenBosch, K., De Bruijn, F. J. and Huguet, T. 1997. Model legumes get the nod. *Plant Cell* 9:275–281.
- Desgagnes, R., Laberge, S., Allard, G., Khoudi, H., Castonguay, Y., Lapointe, J., Michaud, R. and Vezina, L-P. 1995. Genetic transformation of commercial breeding lines of alfalfa (*Medicago sativa*). *Plant Cell, Tissue and Organ Culture* 42:129–140.
- Diwan, N., Bhagwat, A.A., Bauchan, G.R. and Cregan, P.B. 1997. Simple sequence repeat DNA markers in alfalfa and perennial and annual *Medicago* species. *Genome* 40:887–895.
- dos Santos, A.V.P., Outka, D.E., Cocking, E.C. and Favey, M.R. 1980. Organogenesis and somatic embryogenesis in tissues derived from leaf protoplasts and leaf explants of *Medicago sativa*. *Zeitschrift für Pflanzenphysiologie* 99:261–270.

- Dyer, A.F. 1964. Heterochromatin in American and Japanese species of *Trillium*. III. Chiasma frequency and distribution and the effect on it of heterochromatin. *Cytologia* 29:263–279.
- Echt, C.S., Kidwell, K.K., Knapp, S.J., Osborn, T.C. and McCoy, T.J. 1993. Linkage mapping in diploid alfalfa (*Medicago sativa*). *Genome* 37:61–71.
- Eserkaya Güleç, T., Yıldırım, A., ve Ateş Sönmezoğlu, Ö. 2010. Bitkilerde Markör Destekli Seleksiyon. *Türk Bilimsel Derlemeler Dergisi*, 3(2), 67–79.
- Falistooco, E. 1987. Cytogenetic investigations and karyological relationships of two *Medicago*: *M. sativa* L. (alfalfa) and *M. arborea* L. *Caryologia* 40:339–346.
- Falistooco, E. and Falcinelli, M. 1991. Cytological and morphological studies in *Medicago hispida* Gaertner (= *M. polymorpha* L.). *Annali Di Botanica* 49:13–25.
- Falistooco, E. and Falcinelli, M. 1993. Karyotype and C-banding in *Medicago nana* Boiss. Leguminosae. *Cytologia* 58:151–154.
- Falistooco, E., Falcinelli, M. and Veronesi, F. 1995. Karyotype and C-banding pattern of mitotic chromosomes in alfalfa, *Medicago sativa* L. *Plant Breeding* 114:451–453.
- Falistooco, E., Torricelli, R. and Falcinelli, M. 2002. Genomic relationships between *Medicago murex* Willd. and *Medicago lesinsii* E. Small. investigated by *in situ* hybridization. *Theoretical and Applied Genetics* 105:829–833.
- Frankel OH. 1972. The Significance, Utilization and Conservation of Crop Genetic Resources, FAO, ROME.
- Friebe, B., Mukai, Y., Dhaliwal, H.S., Martin, T. J. and Gill, B.S. 1991. Identification of alien chromatin specifying resistance to wheat streak mosaic and greenbug in wheat germplasm by C-banding and *in situ* hybridization. *Theoretical and Applied Genetics* 81:381–389.
- Gennur, M.N., Habib, A.F. and Kadapa, G. 1988. Karyomorphological studies of nine Asiatic cotton I. karyotypic analysis of species and races of Asiatic cottons based on chromatin content. *Cytologia*, 53: 79-106.
- Gillies, C.B. 1968. The pachytene chromosomes of a diploid *Medicago sativa*. *Canadian Journal of Genetics and Cytology* 10:788–793.
- Gillies, C.B. 1970a. Alfalfa chromosomes: I. Pachytene karyotype of a diploid *Medicago falcata* L. and its relationship to *M. sativa* L. *Crop Science* 10:169–171.
- Gillies, C.B. 1970b. Alfalfa chromosomes: II. Pachytene karyotype of a tetraploid *Medicago sativa* L. *Crop Science* 10:172–175.

- Gillies, C.B. and Bingham, E.T. 1971. Pachytene karyotypes of 2X haploids derived from tetraploid alfalfa (*Medicago sativa*)—Evidence for autotetraploidy. *Canadian Journal of Genetics and Cytology* 13:397–403.
- Gillies, C.B. 1977. Identification of trisomics in diploid lucerne. *Australian Journal of Research* 28:309–317.
- Hackett, C.A. and Lou, Z.W. 2003. TetraploidMap: Construction of a linkage map in autotetraploid species. *Journal of Heredity* 94:358–359.
- Heichel, G.H. and Barnes, D.K. 1984. Opportunities for meeting crop nitrogen needs from symbiotic nitrogen fixation. In *Organic farming: Current technology and its role in a sustainable agriculture*, ed. D. Bezdicsek and J. Power, 49–59. Spec. Pub. 46, Madison, WI: American Society of Agronomy.
- Hernandez-Fernandez, M.M. and Christie, B.R. 1989. Inheritance of somatic embryogenesis in alfalfa (*Medicago sativa* L.). *Genome* 32:318–321.
- Heyn, C.C. 1963. The annual species of *Medicago*. *Scripta Hierosolymithana XII*. Jerusalem: Magnes Press, the Hebrew University.
- Heywood, V.H. 1972. *Plant Taxonomy*. Edward Arnold. 60 pp.
- Hill, R.R., Jr., Shenk, J.S. and Barnes, R.F. 1988. Breeding for yield and quality. In *Alfalfa and alfalfa improvement*, ed. A. A. Hanson, D. K. Barnes and R. R. Hill, 809–825. Agronomy Monograph 29. Madison, WI: ASA, CSSA and SSSA.
- Ho, K.M. and Kasha, K.J. 1972. Chromosome homology at pachytene in diploid *Medicago sativa*, *M. falcata* and their hybrids. *Canadian Journal of Genetics and Cytology* 14:829–838.
- Hossain, M.A. and Baughan, G.R. 1999. Identification of B chromosomes using Giemsa banding in *Medicago*. *Journal of Heredity* 90:428–429.
- Huziwara, Y. 1962. Karyotype analysis in some genera of Compositae. VIII. Further studies on the chromosomes of Aster. *American Journal of Botany*. doi:10.2307/2439026.
- Ivanov, A.I. 1977. History, origin and evolution of the genus *Medicago*, subgenus Falcago. *Bulletin of Applied Botany and Genetic Selection* 59:3–40. (Trudy po prikladnoy botanike, genetike i selektsii. Translation by the Multilingual Services Division Department, Secretary of State, Canada.)
- John, B. and Lewis, K.R.. 1965. *The meiotic system. Protoplasmatologia*. New York: Springer-Verlag.
- Johnson, L.B., Stuteville, D.L., Schlarbaum, S.E. and Skinner, D.Z. 1981. Regeneration of alfalfa plants from protoplasts of selected Regen S clones. *Plant Science Letters* 20:297–304.

- Johnson, L.B., Stuteville, D.L., Schlarbaum, S.E. and Skinner, D.Z. 1984. Variation in phenology and chromosome number in alfalfa protoclonal regenerants from nonmutagenized calli. *Crop Science* 24:948–951.
- Julier, G., Flajoulot, S., Barre, P., Cardinet, G., Santoni, S., Huguet, T. and Huyghe, C. 2003. Construction of two genetic linkage maps in cultivated tetraploid alfalfa (*Medicago sativa*) using microsatellite and AFLP markers. *BMC. Plant Biology* Vol. 3:9 www.biomedcentral.com/1471-2229/3/9.
- Kalo, P., Endre, G., Zamanyi, L., Csanadi, G. and Kiss, G.B. 2000. Construction of an improved linkage map of diploid alfalfa (*Medicago sativa*). *Theoretical and Applied Genetics* 100:641–657.
- Kaltsikes, P.J. and Gustafson, J.P. 1984. The heterochromatin story in *Triticale*. *Proceedings of the EUCARPIA Genetics and Breeding of Triticale* meeting, Clermont-Ferrand, France, July 2–5, 1985.
- Kasha, K.J. and McLennan, H.A. 1967. Trisomics in diploid alfalfa. I. Production, fertility and transmission. *Chromosoma* 21:232–242.
- Kasha, K.J., Armstrong, K.C., Buss, G.R., Cleveland, R.W., Gillies, C.B., Lesins, K. and Stanford, E.H. 1970. Report of the committee on chromosome numbering in alfalfa. *Twenty-second Alfalfa Improvement Conference*. USDA Agr. Res. Serv. Rept. CR-61-70, pp. 66–71.
- Kiss, G.B., Csanadi, G., Kalman, K., Kalo, P. and Okresz, L. 1993. Construction of a basic genetic map for alfalfa using RFLP, RAPD, isozyme and morphological markers. *Molecular and General Genetics* 38:129–137.
- Kulikova, O., Gualtieri, G., Geurts, R., Kim, D-J., Cook, D.R., Huguet, T., de Jong, J. H., Fransz, P. F. and Bisseling, T. 2001. Integration of the FISH pachytene and genetic maps of *Medicago truncatula*. *Plant Journal* 27:49–58.
- Lavania, U.C., Sangeeta, S., Srinastav, S. & Stebbins, G.L. 1992. A simple parameter of dispersion index that serves as an adjunct to karyotype asymmetry. *Journal of Bioresources*, 17:179 – 182.
- Lesins, K. and Gillies, C.B. 1972. Taxonomy and cytogenetics of *Medicago*. In *Alfalfa science and technology*, ed. C. H. Hanson, 53–86. Agronomy Monograph 15. Madison, WI: ASA, CSSA and SSSA.
- Lesins, K. and Lesins, I. 1961. Some little-known *Medicago* species and their chromosome complements. *Canadian Journal of Genetics and Cytology* 3:7–9.
- Lesins, K. and Lesins, I. 1979. Genus *Medicago* (Leguminosae). *A taxogenetic study*. The Hague, the Netherlands: Junk. 228.
- Levan, A., Fredga K. and Sandberg, A.A. 1964. Nomenclature for centromeric position on chromosomes. *Hereditas*., 52(2): 201-220.

- Lewis, W.H., 1980: Polyploidy in species populations. — In Lewis, W. H., (Ed.): Polyploidy. Biological relevance, pp. 103–144. — New York: Plenum Press.
- Lewitzky, G.A. 1931. The Karyotype in systematics. *Bulletin of Applied Botany and Plant Breeding* 27 : 19–174.
- Mariani, A. and Falistocco, E. 1990. Chromosome studies in $2n = 14$ and $2n = 16$ types of *Medicago murex*. *Genome* 33:159–163.
- Mariani, A. and Falistocco, E. 1991. Cytogenetic analysis of *Medicago rugosa* and *Medicago scutellata*. *Journal of Genetics and Breeding* 45:111–116.
- Mariani, A., Pupilli, F. and Calderini, O. 1996. Cytological and molecular analysis of annual species of the genus *Medicago*. *Canadian Journal of Botany* 74:299–307.
- Masoud, S.A., Gill, B.S. and Johnson, L.B. 1991. C-banding of alfalfa chromosomes: Standard karyotype and analysis of a somaclonal variant. *Journal of Heredity* 82:335–338.
- Mathew, A. and Mathew, P.M. 1982. Studies on South Indian Compositae. IV. Karyomorphology of eight species of *Vernonia*. *Cytologia* 47: 163-170.
- McCoy, T.J. and Walker, K. 1984. Alfalfa. In *Handbook of plant cell culture*, vol. 3, ed. P. V. Ammirato et al., 171–192. New York: Macmillian Publishing Co.
- McCoy, T.J. 1983. The inheritance of $2n$ pollen formation in diploid alfalfa *Medicago sativa*. *Canadian Journal of Genetics and Cytology* 24:315–323.
- McCoy, T.J. and Smith, L.Y. 1986. Interspecific hybridization of perennial *Medicago* species using ovule embryo culture. *Theoretical and Applied Genetics* 71:772–783.
- McCoy, T.J. and Bingham, E.T. 1988. Cytology and cytogenetics of alfalfa. In *Alfalfa and alfalfa improvement*, ed. A. A. Hanson, D. K. Barnes and R. R. Hill, 737–776. Agronomy Monograph 29. Madison, WI: ASA, CSSA and SSSA.
- McCoy, T.J. and Bingham, E.T. 1991 Alfalfa cytogenetics. In *Chromosome engineering in plants*, ed. P. K. Gupta and T. Tsuchiya, 399–418. New York: Elsevier Pub.
- McCoy, T.J. and Echt, C.S. 1992. Chromosome manipulations and genetic analysis in *Medicago*. In *Plant Breeding Reviews*, 169–197. New York: John Wiley & Sons, Inc.
- McKersie, B. & Bowley, S. 1993. Synthetic seeds of alfalfa. In: Redenbaugh K (ed) *Synseeds: Applications of Synthetic Seeds to Crop Improvement* CRC Press, Boca Raton, pp. 231-256.
- Michaud, R., Lehman, W.F. and Rumbaugh, M.D. 1988. World distribution and historical development. In *Alfalfa and alfalfa improvement*, ed. A.A. Hanson,

- D.K. Barnes and R.R. Hill, 25–91. *Agronomy Monograph* 29. Madison, WI: ASA, CSSA and SSSA.
- Mizukami, Y., Kato, M., Takamizo, T., Kambe, M., Inami, S. and Hattoru, K. 2006. Interspecific hybrids between *Medicago sativa* L. and annual *Medicago* containing alfalfa weevil resistance. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture* 84:79–88.
- Mizukami, Y., Kato, M., Takamizo, T., Kambe, M., Inami, S. and Hattoru, K. 2006. Interspecific hybrids between *Medicago sativa* L. and annual *Medicago* containing alfalfa weevil resistance. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture* 84:79–88.
- Mizukami, Y., Kato, M., Takamizo, T., Kambe, M., Inami, S. and Hattoru, K. 2006. Interspecific hybrids between *Medicago sativa* L. and annual *Medicago* containing alfalfa weevil resistance. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture* 84:79–88.
- Moore, D.M. 1968. *The karyotype in taxonomy*. (pp. 61–75 pp.). Academic Press, London & New York.
- Mroginski, L.A. and Kartha, K.K. 1984. Tissue culture of legumes for crop improvement. *Plant Breeding Reviews* 2:215–264.
- Mujeeb-Kazi, A., Roldan, S., Suh, D.Y., Sitch, L.A. and Farooq, S. 1987. Production and cytogenetic analysis of hybrids between *Triticum aestivum* and some caespitose *Agropyron* species. *Genome*, 29: 537-553.
- Nagarajan, P. and Walton, P.D. 1987. A comparison of somatic chromosomal instability in tissue culture regenerants from *Medicago media*. *Pers. Plant Cell Reports* 6:109–113.
- Narasimhamoorthy, B., Bouton, J.H., Olsen, K.M. and Sledge, M.K. 2007. Quantitative trait loci and candidate gene mapping of aluminum tolerance in diploid alfalfa. *Theoretical and Applied Genetics* 114:901–913.
- Nenz, E., Pupilli, F., Damiani, F. and Arcioni, S. 1996. Somatic hybrid plants between the forage legumes *Medicago sativa* and *Medicago arborea*. L. *Theoretical and Applied Genetics* 93:183–189.
- Pezzotti, M., Arcioni, S. and Mariotti, D. 1984. Plant regeneration from mesophyll root and cell suspension protoplasts of *Medicago sativa* cv. Adriana. *Genetic Agriculture* 38:195–208.
- Pezzotti, M., Pupilli, F., Daniani, F. and Arcioni, S. 1991. Transformation of *Medicago sativa* L. using a *Ti* plasmid derived vector. *Plant Breeding* 106:39–46.
- Pfeiffer, T.W. and Bingham, E.T. 1983. Abnormal meiosis In alfalfa, *Medicago sativa*-cytology of 2n egg and 4n pollen formation. *Can J Genet Cytol* 25:107-112.

- Piccirilli, M. and Arcioni, S. 1992. New interspecific hybrids in the genus *Medicago* through *in vitro* culture of fertilized ovules. In: *Angiosperm pollen and ovules*. ed. E. Ottaviano, M. Sari Gorla and G. Bergamini Mulcahy, 325–330, Springer-Verlag, New York.
- Poehlman, J.M. 1987. *Breeding Field Crops*. Published by Van Nostrand Reinhold, New York.
- Pupilli, F., Businelli, S., Caceres, M.E., Damiani, F. and Arcioni, S. 1995. Molecular, cytological and morpho- agronomical characterization of hexaploid somatic hybrids in *Medicago*. *Theoretical and Applied Genetics* 90:347–355.
- Quiros, C.F. and Bauchan, G.R. 1988. The genus *Medicago* and the origin of the *Medicago sativa* complex. In *Alfalfa and alfalfa improvement*, ed. A. A. Hanson, D. K. Barnes and R. R. Hill, 93–124. Agronomy Monograph 29. Madison, WI: ASA, CSSA and SSSA.
- Reeves, A. 2001. MicroMeasure: a new computer program for the collection and analysis of cytogenetic data. *Genome National Research Council Canada Genome Conseil national de recherches Canada*, 44(3), 439–443
- Reiger, R., Michaelis, A. and Green, M.M. 1991. *Glossary of genetics: Classical and molecular*, 5th ed. New York: Springer–Verlag.
- Reisch, B. and Bingham, E.T. 1980. The genetic control of bud formation from callus cultures of diploid alfalfa. *Plant Science Letters* 20:71–77.
- Richards, A.J. 1986. *Plant Breeding Systems*. London: Chapman and Hall, UK.
- Robins, J. G., Bauchan, G. R. and Brummer, E. C. 2007. Genetic mapping forage yield, plant height and regrowth at multiple harvests in tetraploid alfalfa (*Medicago sativa* L.). *Crop Science* 47:11–18.
- Robins, J.G., Luth, D., Campbell, T.A., Bauchan, G.R., He, C., Viands, D.R., Hansen, J.L. and Brummer, E.C. 2007. Genetic mapping of biomass production in tetraploid alfalfa. *Crop Science* 47:1–10.
- Rohlf, F.J. 1994. NTSYS-pc. Numerical taxonomy and multivariate analysis system. Version 1.8. Exeter Software, New York, New York, USA.
- Rose, R.J., Nolan, K.E. and Bicego, L. 1999. The development of the highly regenerable seed line Jemalong 2HA for transformation of *Medicago truncatula*—Implications for regenerability via somatic embryogenesis. *Journal of Plant Physiology* 155:788–791.
- Russelle, M.P. 2001. Alfalfa: After an 8,000-year journey, the “queen of the forages” stands poised to enjoy renewed popularity. *American Scientist* 89:252–261.
- Sangduen, N., Sorensen, E.L. and Liang, G.H. 1982. A perennial \times annual *Medicago* cross. *Canadian Journal of Genetics and Cytology* 24:361–365.

- Saunders, J.W. and E.T. Bingham. 1972. Production of alfalfa plants from callus tissue. *Crop Science* 12:804–808.
- Schaff, D.A., Koehler, S.M., Matthews, B.F. and Bauchan, G.R. 1990. *In situ* hybridization of β -tubulin to alfalfa chromosomes. *Journal of Heredity* 81:480–483.
- Schlarbaum, S.E., Johnson, L.B. and Stuteville, D.L. 1988. Characterization of somatic chromosomes morphology in alfalfa, *Medicago sativa* L.: Comparison of donor plant with regenerated protoclone. *Cytologia* 53:499–507.
- Schlarbaum, S.E., Small, E. and Johnson, L.B. 1984. Karyotypic evolution, morphological variability and phylogeny in *Medicago* sect. *Intertextae*. *Plant System Evolution* 145:203–222.
- Sharma, J.R. 1994. *Principal and Practice of Plant Breeding*. New Delhi: McGraw-Hill Publishing Company, India.
- Simon, J.P. 1976. Relationship in annual species of *Medicago*. V. Analysis of phenolics by means of onedimensional chromatographic techniques. *Australian Journal of Botany* 15:83–93.
- Sinskaya, E.N. 1950. Flora of cultivated plants of the U.S.S.R. XII. Perennial leguminous plants. Part I. Medic, sweetclover, fenugreek. Translated by Israel Program for scientific translations, Jerusalem, 1961.
- Sledge, M.K., Bouton, J.H., Dall’Agnoll, M., Parrott, W.A. and Kochert, G. 2002. Identification and confirmation of aluminum tolerance QTL in diploid *Medicago sativa* sbsp. *coerulea*. *Crop Sciences* 42:1121–1128.
- Sledge, M.K., Ray, I.M. and Jiang, G. 2005. An expressed sequence tag SSR map of tetraploid alfalfa (*Medicago sativa* L.). *Theoretical and Applied Genetics* 111:980–992.
- Small, E., & Bauchan, G.R. 1984. Chromosome numbers of the *Medicago sativa* complex in Turkey. *Canadian Journal of Botany*, 62(4), 749–752. doi:10.1139/b84-110
- Small, E. and Jomphe, M. 1989. A synopsis of the genus *Medicago* (Leguminosae). *Canadian Journal of Botany* 67:3260–3294.
- Smith, S.E., Al-Doss, A. and Warburton, M. 1991. Morphological and agronomic variation in North African and Arabian alfalfas. *Crop Science* 31:1159–1163.
- Stanford, E.H. 1951. Tetrasomic inheritance in alfalfa. *Agronomy Journal* 43:222–225.
- Stanford, E.H., Clement, W.M. and Bingham, E.T.Jr. 1972. Cytology and evolution of the *Medicago sativa*–*falcata* complex. In *Alfalfa science and technology*, ed. C. H. Hanson, 87–101. Agronomy Monograph 15. Madison, WI: ASA, CSSA and SSSA.

- Stebbins, G.L. 1971. *Chromosomal evolution in higher plants*. London: Edward Arnold. 216p.
- Sybenga, J. 1975. *Meiotic configurations*. New York: Springer-Verlag.
- Tan, X., Qin, J.G., Chen, B., Chen, L., & Li, X. 2004. Karyological analyses on redclaw crayfish *Cherax quadricarinatus* (Decapoda: Parastacidae). *Aquaculture*, 234(1–4), 65–76. doi:http://dx.doi.org/10.1016/j.aquaculture.2003.12.020
- Tavakoli, R., Zarifi, E., Imani, A. and Aghaie, M. J. 2009. Investigation of Cytogenetic in Some of Almond Species and Peach in Iran. 5th International Symposium on Pistachios & Almonds. October, 06 – 10, SANLIURFA – TURKEY.
- Teoule, E. 1983. Somatic hybridization between *Medicago sativa* L. and *Medicago falcata* L. *Comptes Rendus Academy of Sciences, Paris Ser. III*. 297:13–16.
- Tesar, M.B. and Marble. V.L. 1988. Alfalfa establishment. In *Alfalfa and alfalfa improvement*, ed. A. A. Hanson, D. K. Barnes and R. R. Hill, 303–332. Agronomy Monograph 29. Madison, WI: ASA, CSSA and SSSA.
- Thoquet, P., Gherardi, M., Journet, E.P. and Kereszt, A. 2002. The molecular genetic linkage map of the model legume *Medicago truncatula*: An essential tool for comparative legume genomics and the isolation of agronomically important genes. *BMC Plant Biology* 2:doi:10.1186/1471-2229-2-1.
- Tian, D., Niu, C. and Rose, R.J. 2002. DNA transfer by highly asymmetric somatic hybridization in *Medicago truncatula* (+) *Medicago rugosa* and *Medicago truncatula* (+) *Medicago scutellata*. *Theoretical and Applied Genetics* 104:9–16.
- Trinh, T.H., Ratet, P., Kondorosi, E., Durand, P., Kamate, K., Baur, P. and Kondorosi, A. 1998. Rapid and efficient transformation of diploid *Medicago truncatula* and *Medicago sativa* ssp. *falcata* lines improved in somatic embryogenesis. *Plant Cell Reports* 17:345–355.
- Tuğay, E. 1996. Genel Bitki ıslahı. GOP Üniv. Ziraat Fak. Ders notlan Tokat. 223 s.
- Van Ooijen, J.W. 2004. Software for the calculation of QTL positions on genetic maps, MAPQTL 5.0. Plant Research International, Wageningen, the Netherlands.
- Van Ooijen, J.W. and Voorrips, R. E. 2001. JoinMap 3.0 software for the calculation of genetic linkage maps. Plant Research International, Wageningen, the Netherlands.
- Voorrips, R.E. 2002. MapChart: Software for the graphical presentation of linkage maps and QTLs. *Journal of Heredity* 93:77–78.
- Walker, K.A., Wendeln, M.L. and Jaworski, E.G. 1979. Organogenesis in callus tissue of *Medicago sativa*. The temporal separation of induction processes from differentiation processes. *Plant Science Letters* 16:23–30.

- Zarco, C.R. 1986. A New Method for Estimating Karyotype Asymmetry. *Taxon*, 35(3), 526–530.
- Zarifi, E. 2004. Cytogenetical analysis of some species of saifoin genus (*Onobrychis spp.*) in East Azerbaijan province University of Tabriz, Master of science thesis, Iran.
- Zarifi, E. Agayev, Y.M. Ganavati, F. and Aminizadeh, Z. 2005. Cytogenetics and evolution of Karyotype in wormwood, *Artemisia vulgaris* L. Seed and Plant, Journal of Agricultural Research .vol.22.No.1.
- Zarifi, E., Nazirzadeh, A. and Guloglu, D. 2011. Improved technique for chromosome studies in Cornelian cherry (*Cornus mas* L.). VI. NATIONAL CONGRESS OF HORTICULTURE, 04 - 08 October, Harran Uni. Şanlıurfa Turkey.
- Zhu, H., Choi, H-K., Cook, D.R. and Shoemaker, R.C. 2005. Bridging model and crop legumes through comparative genomics. *Plant Physiology* 137:1189–1196.

ÖZGEÇMİŞ

Adı Soyadı: Eissa ZARIFI ANAKHATOON
Doğum Yeri: Tabriz – Iran
Doğum Tarihi: 26. 07. 1968
Yabancı Dili: İngilizce, Farsça, Azerice, Türkçe

Eğitim Durumu (Kurum ve Yılı)

Lise: Dehkhoda Lisesi (Tabriz- Iran)

Lisans: Mazandaran Üniversitesi Ziraat ve Doğal Kaynaklar Fakültesi - Iran

Yüksek Lisans: Tabriz Üniversitesi Ziraat Fakültesi, Bitki Genetik Dalı- Iran

Çalıştığı Kurum / Kurumlar ve Yıl

Iran ve Suriye araştırma merkezleri (1991- 2013)

Yayınlar (SCI)

1. Najafi, S., **Zarifi, E.** and Avcı Birsin, M. 2013. Karyotype Characterisation of Reputed Variety of Fenugreek (*Trigonella foenum-graecum*) in West Azerbaijan-Iran. *Journal of Applied Biological Sciences* 7 (1): 31-34, 2013
2. Imani, A., Rasouli, M., Tavakoli, R., **Zarifi, E.**, Fatahi, R., Barba-ESPÍN, G., Martínez-Gómez, P. **2011**. Optimization-of-seed-germination-in-Prunus-species-combining-hydrogen-peroxide-or-gibberellic-acid-pre-treatment-with-stratification. *Seed Science and Technology* 39 (1) , pp. 204-207
3. Bakhshi, B., Aghaei, M. J., Bihamta, M. R., Darvish, F. & **Zarifi, E. 2010**. Ploidy determination of *Aegilops cylindrica* Host accessions of Iran by using flow cytometry and chromosome counting. -**Iran. J. Bot.** **16 (2): 258-266**.Tehran.
4. Agayev, Y. **Zarifi, E.** Fernandez, J.A. **2010**. A Study of Karyotypes in the *Crocus sativus* L. Aggregate and Origin of Cultivated Saffron. **III International Symposium on Saffron: Forthcoming Challenges in Cultivation, Research and Economics**. Acta Horticulturae 850, ISHS 2010. P. 47-54.
5. Agayev, Y. **Zarifi, E. 2010**. Peculiar Evolution of Saffron (*Crocus sativus* L.): Prosperity and Decline. **III International Symposium on Saffron: Forthcoming Challenges in Cultivation, Research and Economics**. Acta Horticulturae 850, ISHS 2010. P. 29-34

6. Aghayev, Y. M., Fernandez. J. A., **Zarifi. E. 2009.** Clonal selection of saffron (*Crocus sativus* L.): the first bright experimental result. *Euphytica*, 169:81–99(10.1007/s10681-009-9946-z).
7. Nazirzadeh, A., **Zarifi, E.**, Mokhtarzadeh, S. and Celal ER. **2009.** Karyological Study and Karyotype Analysis of Two Species (*Artemisia fragrans* Willd., *A. absinthium* L.) Belonging to Genus *Artemisia*. **TARIM BILIMLERI DERGISI Journal of Agricultural sciences. Ankara Turkey . 15(1). 31-37 .**
8. Ranjbar, M. Nagavi, M.R. Zali, A. Aghaei, M.J. **Zarifi, E. 2008.** Study of the cytotypes of *Aegilops crassa* from Iran. The second **International Symposium of Molecular and Cellular Biology.** Kerman, Iran.
9. Ranjbar, M. Nagavi, M.R. Zali, A. Aghaei, M.J. **Zarifi, E. 2010.** Identification of *Aegilops crassa* Cytotypes from Iran and Determination of Distinguishable Morphological Characters among them. *Iranian Journal of Agricultural Sciences.* Vol.41. No.2. 225-234.
10. Tavakoli, R. **Zarifi, E.** Imani, A. and Aghaie, M.Jafar. **2009.** Investigation of Cytogenetic in Some of Almond Species and Peach in Iran. *Acta Hort.*(In press).
11. Tavakoli , R., **Zarifi , E.**, Imani , A. and Jafar Aghaie , M. **2011.** Investigation of Cytogenetic In Some of Almond Species And Peach In Iran. *Acta Hort.* (ISHS) 912:343-350

[Http://Www.Actahort.Org/Books/912/912_50.Htm](http://Www.Actahort.Org/Books/912/912_50.Htm)

12. Tavakoli , R., Imani , A., **Zarifi , E.** and Zareie, K. **2011.** Breaking Seed Dormancy In Some Almond Species And Peach. *Acta Hort.* (ISHS) 912:269-273

http://www.actahort.org/books/912/912_39.htm

13. Tavakoli, R. **Zarifi, E.** Imani, A. Zareie, K. **2009.** Breaking Seed Dormancy in Some of Almond Species and Peach. *Acta Hort.*(In press).
14. **Zarifi, E.** Agayev, Y.M. Ganavati, F. and Aminizadeh, Z. **2005.** Cytogenetics and evolution of Karyotype in wormwood, *Artemisia vulgaris* L. Seed and Plant, *Journal of Agricultural Research.Iran.* vol.22.No.1.

Uluslararası Kongre

1. Tavakoli, R. **Zarifi, E.** Imani, A. and Aghaie, M.Jafar. **2009.** Investigation of Cytogenetic in Some of Almond Species and Peach in Iran. **5th International Symposium on Pistachios & Almonds. October, 06 – 10, SANLIURFA – TURKEY.**
2. Tavakoli, R. **Zarifi, E.** Imani, A. Zareie, K. **2009.** Breaking Seed Dormancy in Some of Almond Species and Peach. **5th International Symposium on Pistachios & Almonds. October, 06 – 10, SANLIURFA – TURKEY.**

3. Agayev, Y. **Zarifi, E. 2009.** Peculiar Evolution of Saffron (*Crocus sativus* L.): Prosperity and Decline. **3rd International Symposium on Saffron (20-23 May)**. Village Krokos Kozani, Greece.
4. Agayev, Y. **Zarifi, E.** Fernandez, J.A. **2009.** A Study of Karyotypes in the *Crocus sativus* L. Aggregate and Origin of Cultivated Saffron. **3rd International Symposium on Saffron (20-23 May)**. Village Krokos Kozani, Greece.
5. Mostafavi, G., **Zarifi, E.**, Salimpour, F. and Sharifnia, F. 2006. Karyological study of *Trifolium* species in Section *Lotoidea* in Iran. **The 17th International Symposium Biodiversity and Evolutionary Biology of the German Botanical Society.**
6. Bakhshi, B. et al, **Zarifi, E.** 2008. Estimation of ploidy level among *Aegilops cylindrica* Host. Accession of Iran by using flow cytometry. **5th International Crop Science Congress** (13-18 April). Jeju, Korea. P: 168.

Ulusal Kongre

1. **Zarifi, E.**, Nazirzadeh, A., and Guloglu, D. 2011. Improved technique for chromosome studies in Cornelian cherry (*Cornus mas* L.). VI. NATIONAL CONGRESS OF HORTICULTURE, 04 - 08 October, Harran Uni. Şanlıurfa Turkey.
2. Bakhshi, B. et al, **Zarifi, E.** 2008. DNA content index differentiation in the tetraploid accession of *Aegilops cylindrica* Host. and relationship with the average chromosomes length. The 1th Congress of Cytotechnology & its applications(11-12 November). University of Mashhad, Iran.
3. Talea, B. Darvish, F. Mohammadi, A. Abbaszadeh, B. **Zarifi, E.** 2008. Assessment of genetic diversity of accession of lemon balm (*Melissa officinalis* L.) using chromosome counting and genome amount assessment. 10 Th Iranian Genetics Congress (21-23 May). Tehran- Iran.
4. Kafi, F. **Zarifi, E.** and Saberi. H. 2007. The using of enzyme extracted of the terrestrial snail stomach (*Helix* sp.) in study of two species of rye (*secale* sp.) chromosomes. Second National Conference of Animal Science. 4-5 September. University of Guilan.
5. Mostafavi, G., **Zarifi, E.**, Salimpour, F. and Sharifnia, F. 2006. Karyological study of *Trifolium* species in Section *Lotoidea* in Iran. The17th International Symposium Biodiversity and Evolutionary Biology of the German Botanical Society.
6. **Zarifi, E.** Agayev, Y.M. Hajiloo, J. and Javadi saber, J.2005.Chromosome studies on some species of almond (*Amygdalus* spp) from Iran. Fourth Iranian Horticultural Sciences Congress (8-10 November). Ferdowsi University. Mashhad, Iran.
7. **Zarifi, E.** Agayev, Y.M.Aminizadeh, Z. 2001. Karyotype analysis of wormwood, apple pie, *Artemisia vulgaris* L. The second National Biotechnology Congress (7-9 October). Karaj, Iran.
8. **Zarifi, E.** Agayev, Y.M. Aminizadeh, Z.2001. Karyotype study of some species of *Artemisia* in East Azerbaijan. The First North and North West Biotechnology Congress Islamic Republic of Iran (Aug.15-16). Uremia, Iran.
9. **Zarifi, E.** Agayev, Y.M. Aminizadeh, Z.2000. Karyotype investigation of Tarragon plant *Artemisia dracunculus*. Sixth Iranian Congress of Crop Production and Plant Breeding (Sep.3-6). Babolsar, Iran.
10. Javadi saber, J. Mozaffary, J. **Zarifi, E.** 2005. Preliminary study of morphological diversity of three wild almond species (*Amygdalus* spp) in Mianjangle station, Fars. Fourth Iranian Horticultural Sciences Congress (8-10 November). Ferdowsi University. Mashhad, Iran.

11. Aminizadeh, Z. Agayev, Y.M. **Zarifi, E.** 2000. Caryological study of species of *Artemisia* genus. 6Th Iranian Congress of Crop Production and Plant Breeding (Sep.3-6). Babolsar, Iran.
12. Abdi ghazijahan, A. Razban haghghi, A. **Zarifi, E.** Talebpoor, A.H. 2000. Study of genetical diversity in *Agropyron tauri*. Sixth Iranian Congress of Crop Production and Plant Breeding (Sep.3-6). Babolsar, Iran.

Kitap

- Zarifi, E.** 2009. National Guidelines for the Conduct of Tests for Distinctness, Uniformity and Stability in Almond (*Prunus spp*). Ministry Of Jihad-E-Agriculture Agricultural Research, Education & Extension Organization, Seed And Plant Certification And Registration Institute, Karaj, Iran. **1095516 (PRUNU_DUL/253/86/108).**
- Zarifi, E.** 2009. National Guidelines for the Conduct of Tests for Distinctness, Uniformity and Stability in Nectarine and Peach (*Prunus spp*). Ministry Of Jihad -E-Agriculture Agricultural Research, Education & Extension Organization, Seed And Plant Certification And Registration Institute, Karaj, Iran. **1095359 (PRUNU_PER/253/86/104).**
- Zarifi, E.** 2009. National Guidelines for the Conduct of Tests for Distinctness, Uniformity and Stability in Apricot (*Prunus armeniaca* L.). Ministry Of Jihad -E-Agriculture Agricultural Research, Education & Extension Organization, Seed And Plant Certification And Registration Institute, Karaj, Iran. **1095425 (PRUNU_ARM/253/86/107).**