

**T.C.
GAZİOSMANPAŞA ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
TARLA BİTKİLERİ ANABİLİM DALI**

**MİKROSATELİT DNA BELİRLEYİCİLERİ KULLANARAK YEREL
EKMEKLİK BUĞDAY ÇEŞİTLERİNİN TANIMLANMASI**

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Danışman : Doç. Dr. Ahmet YILDIRIM

Hazırlayan : Betül DEDE

2007-TOKAT

T.C.
GAZİOSMANPAŞA ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

MİKROSATELİT DNA BELİRLEYİCİLERİ KULLANARAK YEREL
EKMEKLİK BUĞDAY ÇEŞİTLERİNİN TANIMLANMASI

Betül DEDE

YÜKSEK LİSANS TEZİ

TARLA BİTKİLERİ ANABİLİM DALI

Bu tez 04/06/2007 tarihinde aşağıda belirtilen jüri tarafından oy birliği / oy çokluğu ile kabul edilmiştir.

	<u>Ünvanı</u>	<u>Adı Soyadı</u>	<u>İmza</u>
Başkan	: Prof. Dr. Sabri GÖKMEN		
Üye	: Doç. Dr. Ahmet YILDIRIM		
Üye	: Yrd. Doç. Dr. Çetin ÇEKİÇ		

ONAY:

Bu tez 30/05/2007 ve 23 sayılı Enstitü Yönetim Kurulu tarafından belirlenen jüri üyelerince kabul edilmiştir.

.../06/2007
Prof. Dr. Metin YILDIRIM
Enstitü Müdürü

**BU ARAŐTIRMA
TÜBİTAK TARAFINDAN
DESTEKLENMİŐTİR.**

Proje No: TOVAG-1040122

ÖZET**MİKROSATELİT DNA BELİRLEYİCİLERİ KULLANARAK YEREL EKMEKLİK BUĞDAY ÇEŞİTLERİNİN TANIMLANMASI****Betül DEDE****Gaziosmanpaşa Üniversitesi****Fen Bilimleri Enstitüsü****Tarla Bitkileri Anabilim Dalı****Yüksek Lisans Tezi****2007, 68 sayfa****Danışman : Doç. Dr. Ahmet YILDIRIM****Jüri: Doç. Dr. Ahmet YILDIRIM****Jüri: Prof. Dr. Sabri GÖKMEN****Jüri: Yrd. Doç. Dr. Çetin ÇEKİÇ**

Bitki ıslahında kullanılabilecek olan gen kaynaklarının genetik karakterizasyonunun yapılması büyük önem taşımaktadır. Buğday ıslahı açısından önemli gen kaynaklarından olan yerel çeşitlerin genetik tanımlamalarının yapılması da ıslahdaki kullanımlarını kolaylaştırmaktadır. Bitkilerin genetik yapılarının tanımlanmasında protein markörleri, morfolojik markörler ve DNA markörleri gibi moleküler markörler kullanılmaktadır. Son yıllarda buğdayda yapılan moleküler tanımlama çalışmalarında, diğer markör sistemlerine göre avantajlı olması nedeniyle çoğunlukla mikrosatelit markörleri (SSR) tercih edilmektedir.

Bu çalışmada, Türkiye'nin farklı bölgelerinden toplanan 20 adet yerel ekmeklik buğday çeşidinin moleküler tanımlamalarının yapılması amaçlanmıştır. Bu amaçla önceden geliştirilmiş mikrosatelit lokusundan en fazla polimorfik olan 7 tanesi kullanılmıştır. 20 adet yerel ekmeklik buğday çeşidinin 10'ar adet aksesyonunun DNA'ları izole edilmiş ve Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR) işlemiyle mikrosatelit belirleyicileri kullanılarak spesifik DNA bölgelerinin çoğaltılması sağlanmıştır. Reaksiyon sonucu elde edilen PZR ürünleri % 8'lik acrylamide jelde görüntülenmiştir. Üretilen bantlar arasındaki polimorfizm ilişkileri Vilber Lourmat, Bio 1D, 11.04 programı kullanılarak ve aynı zamanda çıplak gözle skorlanarak belirlenmiştir. Bant büyüklükleri baz alınarak oluşturulan verilerin dendogramı NTSYSpc 2.1 programı ile yapılmıştır.

Elde edilen dendograma göre çalışmada kullanılan yerel çeşitler iki ana gruba ayrılırken, bu ana gruplar da kendi aralarında alt gruplara ayrılmıştır. Hesaplanan matriks değerlerine göre yerel çeşitlerin arasındaki ilişkiler değerlendirildiğinde, genetik olarak birbirine en yakın akraba çeşitler Balıkesir'den alınan Ak buğday olarak isimlendirilen 63445 hattı ile Bursa'dan alınan Sarı buğday olarak isimlendirilen 63886 hattı olurken, Sinop'tan alınan Mengen olarak isimlendirilen 37179 hattı ile İzmir'den alınan 3608 hattı en uzak akraba çeşitler olarak belirlenmiştir.

Yapılan analizler sonucunda hem yerel çeşitler arasında hem de yerel çeşitlerin aksesyonları arasında oldukça fazla genetik farklılık saptanmıştır. Sonuçlar, yerel ekmeklik buğday çeşitlerinin genetik tanımlamalarının yapılmasında mikrosatelit DNA markörlerinin başarılı şekilde kullanılabileceğini göstermektedir.

Anahtar Kelimeler: Mikrosatelit Markörleri, Yerel Çeşitler, Hexaploid Buğday, Genetik Çeşitlilik

ABSTRACT**IDENTIFICATION OF BREAD WHEAT LANDRACES USING
MICROSATELLITE DNA MARKERS****Betül DEDE****Gaziosmanpasa University
Graduate School of Natural and Applied Sciences
Department of Field Crops
Master Thesis
2007, 68 pages****Supervisor: Assoc. Prof. Dr. Ahmet YILDIRIM****Jury: Assoc. Prof. Dr. Ahmet YILDIRIM****Jury: Prof. Dr. Sabri GÖKMEN****Jury: Assist. Prof. Dr. Nejdet KANDEMİR**

It is highly important to genetically characterize gene sources which can be used in plant breeding. Genetic characterization of landraces which are one of the most important gene sources in wheat breeding facilitates their usages in breeding. Morphological, protein and molecular markers such as DNA markers have been used to characterize plant genomes. In recent years, mostly microsatellite markers (SSRs) have been chosen in molecular characterization of wheat due to their advantages over other marker systems.

In this study, molecular characterization of 20 landraces of bread wheat collected from different regions of Turkey was aimed. SSR primers were screened and seven most polymorphic primers were employed in characterization. DNA of 10 accessions from each landraces were isolated and specific DNA regions were amplified by PCR using each SSR primer. PCR products were run in 8 % Polyacrylamide gels. Polymorphism evaluations were done by naked eye as well as by using Vilber Lourmat, Bio 1D 11.04 software. Dendograms of data were drawn based on band sizes of the PCR products.

According to the dendogram, landraces were grouped into two main sections, and these main sections were separated into several sub-groups. Based on matrix values, the closest genotypes of landraces were Ak buğday (#63445) collected from Balıkesir and Sarı buğday (#63886) collected from Bursa. On the other hand, the most genetically different genotypes were Mengen (#37179) collected from Sinop and the line #3608 collected from İzmir.

Genetical differences among landraces were determined in the end of this study. These results indicate that SSR markers could be successfully used in genetic characterization of bread wheat landraces.

Keywords: Microsatellite Markers, Bread Wheat, Landraces, Genetic Diversity

TEŐEKKÜR

Yüksek lisans eğitimim boyunca bilgi ve tecrübesiyle bilimsel çalışmalarına yol gösteren, karşılaştığım tüm zorluklarda anlayış ve ilgisiyle daima destek olan değerli danışman hocam Doç. Dr. Ahmet YILDIRIM'a, laboratuvar çalışmalarında engin deneyimlerini esirgemeyen Doç. Dr. Nejdet KANDEMİR'e teşekkürü bir borç bilirim. Tez çalışmama büyük emeđi geçen değerli arkadaşım Orhan DOĐAN'a, manevi desteđini esirgemeyen sevgili arkadaşım Zeynep AYHAN KAYHAN'a, laboratuvar tekniklerini öğrenmeme yardımcı olan Ziraat Yüksek Mühendisi Özlem ATEŐ SÖNMEZOĐLU'na teşekkür ederim.

Bugüne kadar maddi ve manevi desteklerini esirgemeyip sevgileri ile daima yanımda olan değerli ailem ve niőanlım Süleyman BOZMAZ'a da teşekkür eder, saygılar sunarım.

BETÜL DEDE

İÇİNDEKİLER

ÖZET.....	i
ABSTRACT.....	ii
TEŞEKKÜR.....	iii
İÇİNDEKİLER.....	iv
RESİMLER LİSTESİ.....	v
ÇİZELGELER LİSTESİ.....	vi
ŞEKİLLER LİSTESİ.....	vii
SİMGELER DİZİNİ.....	viii
1. GİRİŞ	1
2. LİTERATÜR ÖZETLERİ.....	3
3. MATERYAL ve METOT.....	17
Bitki Materyali.....	17
DNA İzolasyonu.....	19
Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR).....	22
Jel Sistemi.....	24
Verilerin Değerlendirilmesi.....	27
4. BULGULAR VE TARTIŞMA	28
5. SONUÇ.....	36
6. KAYNAKLAR.....	37
EK1.....	49
EK2.....	56
EK3.....	60
EK4.....	61
ÖZGEÇMİŞ	68

RESİMLER LİSTESİ

<u>Resim</u>	<u>Sayfa</u>
3. 1. Yerel ekmeklik buğday çeşitlerinin Türkiye’de toplandıkları bölgeler ve şehirler.....	18
3. 2. Saksıdaki bitkilerin seradaki görünümü	19
3. 3. DNA'ların %1'lik agaroz jelde görüntülenmesi.....	22
3. 4. PZR’de kullanılan termocycle	23
3. 5. Jellerin elektroforezi.....	25
3. 6. Jel imaj sisteminde %8'lik acrylamide jelin görüntüsü.....	25
3. 7. Bio1D programında jellerin işaretlenmesi.....	26
3. 8. Gruplandırılmış bant büyüklükleri.....	26
4. 1. Xgwm261’in % 8'lik acrylamide jel görüntüsü.....	28
4. 2. Xgwm 295’in % 8'lik acrylamide jel görüntüsü.....	29
4. 3. Xgwm 325’in % 8'lik acrylamide jel görüntüsü.....	29
4. 4. Xgwm 95’in % 8'lik acrylamide jel görüntüsü.....	30
4. 5. Xgwm 458’in % 8'lik acrylamide jel görüntüsü.....	30
4. 6. Xgwm 190’nın % 8'lik acrylamide jel görüntüsü.....	31
4. 7. Xgwm 18’in % 8'lik acrylamide jel görüntüsü.....	31
4. 8. Tüm primerler için yerel çeşitler arasındaki genetik ilişki dendogramı.....	34

ÇİZELGELER LİSTESİ

<u>Çizelge</u>	<u>Sayfa</u>
3. 1. Araştırmada kullanılan yerel ekmeklik buğday çeşitleri ve toplandığı iller.....	17
3. 2. Mikrosatelit DNA belirleyicilerinin özellikleri.....	23
4.1. Kullanılan mikrosatelit markörlerin allel sayısı ve allel büyüklüğü.....	32

ŞEKİLLER LİSTESİ

<u>Sekil</u>	<u>Sayfa</u>
2. 1. Kültüre alınan buğday tiplerinin orjini.....	8

SİMGELER DİZİNİ

A	: Adenin
AFLP	: Amplified Fragment Length Polymorphism
APS	: Ammonium Persulfate
BME	: Beta Mercapto Etanol
C	: Sitozin
CTAB	: Cetyhrimetilamoniumbromide
dATP	: deoksi adenzin trifosfat
dCTP	: deoksi sitidin trifosfat
dGTP	: deoksi guanozin trifosfat
dH ₂ O	: Distile Su
DNA	: Deoksiribonükleik asit
dTTP	: deoksi timidin trifosfat
EDTA	: Etilendiamintetraasetik asit
EST	: Esteraz
G	: Guanin
HCl	: Hidroklorik asit
ISSR	: Inter Simple Sequence Repeat
ITMI	: International Triticeae Mapping Initiative
IWMN	: International Wheat Microsatellites Mapping Network
M	: Molar
MgCl ₂	: Magnezyum klorür
ml	: Mililitre
mM	: Milimolar
NaCl	: Sodyum klorür
ng	: Nanogram
NTSPYS	: Sayısal Taksonomi ve Multivaryete Analiz Sistemi Yazılımı
PZR	: Polimeraz Zincir Reaksiyonu
QTL	: Kantitatif özellik lokusu
RAPD	: Randomly Amplified Polymorphic DNA
RFLP	: Restriction Fragment Length Polymorphism

RNase	: Ribonuclease A
SDS	: Sodyum dodesil sülfat
SSR	: Simple Sequence Repeat
STS	: Dizisi Etiketlenmiş Alanlar
T	: Timin
Taq	: <i>Thermus aquaticus</i>
TBE	: Tris borat EDTA (tampon çözelti)
TE	: Tris EDTA (tampon çözelti)
TEMED	: Tetramethylethylenediamine
Tris	: Tris (hidroksimetil) aminometan
UPGMA	: Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Average
UV	: Ultraviolet
WMC	: Wheat Microsatellite Consortium
Xgwm	: Gatersleben wheat microsatellite
µg	: Mikrogram
µl	: Mikrolitre

1. GİRİŞ

İnsanların besin maddesi olarak faydalandığı 3000 bitki türünden 20 tanesi insan beslenmesi için gerekli kalori ve proteinin büyük çoğunluğunu karşılamaktadır (Hatipoğlu, 2002). İnsanların günlük alması gereken kalorinin % 75'inden fazlasını, proteinin ise % 50'sini karşılayan tahıllar, Dünya'da ve Türkiye'de tarım alanlarının (nadas alanları da dahil) yarısından fazlasını oluşturmaktadır. Tahılların bu kadar çok yetiştirilmesinin en önemli sebepleri; kültür bitkileri içerisinde adaptasyon yeteneğinin çok yüksek olması, insan beslenmesinde temel gıda maddesi olarak kullanılması, insanoğlu tarafından ilk kültüre alınmış bitkiler olmaları, yetiştirilmesi ve taşınmasının kolay, depolamaya ve bekletmeye elverişli olması ve hayvan beslenmesinde de kullanılması olarak sıralanabilir.

Tahıllar içerisinde yer alan ve insanlar tarafından tanesi doğrudan tüketilen buğday, insan beslenmesinde dünyada en çok kullanılan kültür bitkisidir. 2005 yılı verilerine göre buğday ekim alanımız 9,3 milyon hektar, üretimi ise 22,5 milyon ton civarındadır. Giderek artan ülke nüfusunun yanında tarım alanlarının azalması, buğdayda birim alandan alınan verimi artırma gereksinimini kaçınılmaz kılmıştır.

Buğdaylar genom yapılarına göre diploid (kaplıca), tetraploid (makarnalık) ve hexaploid (ekmeklik) olmak üzere üç grup altında toplanmaktadır. Dünyada buğday üretiminin yapıldığı alanların % 90'ında, Türkiye'de ise % 85'inde ekmeklik buğday; geriye kalan alanlarda ise makarnalık buğday yetiştirilmektedir. Türkiye'de insan beslenmesinde en büyük pay en fazla ekim alanına ve üretim miktarına sahip olan ekmeklik buğdaya aittir.

İslah çalışmalarının çok masraflı, yoğun emek gerektiren ve zaman alıcı olması ıslah programlarının doğru planlanmasını ve hedeflerin isabetli seçilmesini gerektirmektedir. İslah kombinasyonuna girecek olan bitkilerin genetik yapılarını, genetik yapılarındaki olumlu karakterleriyle bunları döllere aktarabilme yeteneğinin önceden bilinmesi sonuca ulaşmada çok önemlidir.

Islah alıřmalarında temel ama, bitkilerin genetik yapılarında oluřturulan farklılık ile ortaya ıkan varyasyondan faydalanılarak seleksiyon yoluyla mevcut eřitlere gre verim ve kalite bakımından stn, hastalık ve zararlılara dayanıklı ve adaptasyon yeteneęi yksek bitkiler elde etmektir. Buędayda belirli karakterlere gre uzun yıllardır yapılan seleksiyon sonucu genetik varyasyonda daralma sz konusudur. Yoęun seleksiyon sonucu daralan genetik varyabilite, buęday ıslahı aısından byk bir sorun olarak karřımıza ıkmaktadır.

Geliřtirilen yeni eřitlerin genetik tabanları olduka dardır. eřitlerdeki bu daralmayı ortadan kaldırmak amacıyla, gnmzde yaygınlařan “Srdrlebilir Tarım Sistemleri”nin geliřtirilmesini amalayan, daha az girdi gerektiren, girdileri daha etkin kullanan, belirli bir blgede uzun yıllar seleksiyona uęramıř olmaları nedeniyle evreye iyi uyum saęlayan, stres faktrlerine (besin elementi noksanlıęı, kuraklık, kıř, soęuk, hastalıklar vb.) karřı dayanıklılık gsteren yerel eřitler kullanılabilir.

Yerel eřitlerin genetik tanımlamaları yapılarak bitki ıslahında kullanımı kolaylařtırılmaktadır. Bu amala eřit geliřtirme alıřmalarında bilinen klasik ıslah alıřmalarının yanında bu alıřmaları hızlandıracak, bařarı řansını arttıracak ve onları daha etkin kılacak molekler tekniklerin kullanılması byk nem tařımaktadır. Genetik yapılarının tanımlanmasında protein markrleri, morfolojik markrler ve DNA markrleri gibi molekler markrler kullanılmaktadır.

Bu alıřma yksek oranda polimorfik olan, bitkilerde olduka fazla bilgi verici zellik ile bitki generasyonlarında niform bir daęılım gsteren mikrosatelitler (SSR) kullanılarak, Trkiye’nin farklı blgelerinden toplanmıř yerel ekmeklik buęday eřitlerinin genetik tanımlamalarını yapmak, akrabalık derecelerini belirlemek, aralarındaki farklılık ve benzerlikleri saptamak amacıyla yrtlmřtr.

2. LİTERATÜR ÖZETLERİ

Dünya'nın en önemli kültür bitkisi olan buğday, yeryüzünde marjinal alanlara yayılması insanların beslenmesinde temel gıda maddesi olması, besinlerden alınan toplam kalorinin % 20'sini tek başına karşılaması gibi özelliklerinden dolayı ıslah çalışmalarında ilk sıralarda yer almaktadır. Özellikle temel besin maddesinin ekmek olması nedeniyle ekmeklik buğdayın ıslahı çok daha büyük önem taşımaktadır. İnsan beslenmesinin esas kaynağı olan ekmeklik buğday, Türkiye'de en fazla ekim alanına ve üretime sahip olan kültür bitkisidir. Türkiye'nin toplam 27 milyon ha olan tarım arazisinin % 34'ünü oluşturan 9,3 milyon ha alanda buğday ekilmekte olup, yıllık toplam 22,5 milyon ton tane ürünü elde edilmektedir (FAO, 2005). Türkiye'de ortalama verim 210 kg/da olup, dünya ortalamasının (240-260 kg/da) altındadır (FAO, 2005).

Hızla artan dünya nüfusuna karşın erozyon, tuzlulaşma, asitleşme, yoğun tarım uygulamaları, kentleşme, sanayileşme gibi nedenlerle tarım alanları giderek daralmaktadır. Nüfus artışına bağlı olarak ürün talebinin de artması ekonomik ve çevresel bir çok sorunu da beraberinde getirmektedir. Tarım alanlarının azalması insan beslenmesi için dünyada en çok kullanılan kültür bitkilerinin birim alandan alınan verimini arttırmayı kaçınılmaz hale getirmektedir. Verimi arttırmada en önemli faktör yüksek verimli, adaptasyon kabiliyeti yüksek ve istenen özelliklere sahip çeşitlerin geliştirilmesi ve kullanılmasıdır. Bu çeşitlerin geliştirilmesi ancak geniş bir genetik varyasyonun olması halinde mümkündür. Bu yönden yapılacak çalışmalarda ıslahçının en büyük yardımcısı "Bitkisel Gen Kaynakları"dır (Şehirali ve Özgen, 1987).

Bitkisel zenginliğin devam ettirilmesinde önemli genleri taşıyan bitkisel gen kaynakları; yerel çeşitler (köy populasyonları), türlerin yabani akrabaları, üretimi yapılmayan eski çeşitler, kullanılmakta olan modern çeşitler, özel genetik stoklar ve çeşitli mutagenlerle elde edilmiş mutantlardan oluşmaktadır.

Yerel çeşit veya köy çeşidi adı verilen ve uzun yıllar boyunca üreticiler tarafından seçilerek korunan genotipler buğday ıslahı açısından oldukça önemlidir. Bunlar belirli bir

bütünlükten dolayı morfolojik olarak birbirinin benzeri ancak genetik olarak birbirinden farklı ve aktif popülasyonlardır (Harlan, 1975). Homozigot genetik yapıya sahip olmalarına rağmen heterojen özellikli olduklarından adaptasyon yetenekleri kültür çeşitlerine nazaran daha üst seviyededir. Yerel bir çeşidin kendi içinde dahi genetik varyasyona sahip olması beklenmedik dış olaylara karşı yerel çeşitlere üstünlük sağlamakta, bu üstünlüğün yerel çeşitte yer alan genotiplerin birbirlerinin eksikliklerini tamamlaması ve etkileşimleri sonucu ortaya çıktığı belirtilmektedir (Allard and Bradshaw, 1964).

Yetiştikleri bölgelerin sıcaklık, yağış, kuraklık, tuzluluk, hastalık ve zararlılar gibi çeşitli çevresel koşullarına yüzyıllardan beri uyum sağlamış türlerden oluşan yerel gen kaynakları, gen çeşitliliği bakımından oldukça zengindir (Hart, 2001). Buğdayın yabani akrabaları da buğdayın geliştirilmesi açısından zengin bir kaynak olup, birçok yararlı özelliklerin buğdaya aktarılmasında kullanılmaktadır (Friebe et al., 1991).

Son yüzyılda çoğu tahıl bitkilerinin geleneksel yerel çeşitleri modern veya yüksek verimli tahıl varyeteleriyle yer değiştirmiştir. Genitörlerdeki varyete gelişimi ve sadece istenen karakterler için uzun yıllar boyunca yapılan yoğun seleksiyonlar, çeşitler arasında genetik varyasyonun daralmasına neden olmaktadır (Zencirci et al., 1994, Tanksley and McCouch, 1997). Yerel çeşitler ve yabani akrabalarda yeni gen kaynaklarının saptanarak bunların melezlemelerle modern buğday çeşitlerine aktarılmasının genetik tabandaki daralmayı azaltılabileceği ifade edilmektedir (Feldman ve Sears, 1981).

Genetik varyasyonun önemli bir kaynağını oluşturan buğday yerel çeşitlerinde, sıcaklık gibi abiyotik stres faktörleri (Skovmand et al., 2001) ile Rus buğday afiti, yaprak pası (*P. recondita* sp. *tritici*), gövde pası (*Puccinia graminis* sp. *tritici*) gibi hastalık ve zararlılara dayanıklılık (Skovmand et al., 1994) bakımından konuyla ilgili yapılan çalışmalarda büyük bir genetik varyasyon bulunmuştur.

Su stresi altında yerel çeşitlerin bayrak yaprak stoma dirençlerini ölçen Barutçular ve ark. (1993), yerel çeşitlerin kültür çeşitlerine göre kurak şartlara olan tepkilerinin daha yavaş ancak şartların iyileşmesi durumunda da daha temkinli olduklarını tespit etmişlerdir.

Türkiye'nin jeomorfolojik ve topografik yapısı yanında çok değişik ekolojik koşullara sahip olması; bitki türlerinin içerdikleri çeşitliliğin yoğun olduğu ve bu türlerin anavatanı olarak belirlenen 8 gen merkezi (Yakın Doğu, Akdeniz, Orta Asya, Güney Batı Asya, Hindistan, Orta Amerika, Güney Amerika, Etiyopya) içinde iki önemli gen merkezinin kesiştiği noktada (Yakın Doğu ve Akdeniz) yer alması, bitkisel gen kaynakları yönünden ülkemizin dünya üzerindeki yerinin ne kadar önemli olduğunu göstermektedir (Vavilov, 1951). Bu nedenle ülkemizde genetik materyallerin korunup kullanılması amacıyla yapılan çalışmalar büyük önem taşımaktadır. Ülkemizdeki bitki genetik kaynakları (özellikle buğday) ile ilgili çalışmalar Vavilov (1926) ve Zhukovsky (1933) tarafından başlatılmış, Gökgöl (1939) tarafından ilk toplama ve varyasyon tespiti çalışmaları yürütülmüştür. Ülkemizde bugüne kadar yerel genetik kaynak materyallerinin karakterizasyonu yeterince yapılamamıştır (Kün et al., 2005). Bu da genetik kaynakların koruma altına alınmalarını zorlaştırmaktadır. Bununla birlikte gen kaynaklarının yurtdışına götürülerek başka ülkeler adına tescil edilmeleri ve Türkiye'de ıslah amaçlı kullanılmamaları gen kaynaklarının ekonomik faydaya dönüştürülmelerini engellemektedir (Anonim, 2004).

Yerel çeşitler arasında ve yerel çeşitler içinde genetik çeşitliliğin belirlenmesi, herhangi bir türün genetik kaynaklarının korunması ve kullanımı açısından en önemli işlemdir. Ülkemizde yerel çeşitleri de içine alan gen kaynaklarının tanımlanmalarında genellikle morfolojik karakterler kullanılmıştır. Ancak, morfolojik karakterlerin çevre faktörlerinden oldukça fazla etkilenmeleri, her tür için morfolojik varyasyonun yeterli düzeyde olmayışı, çalışılan karakterlerin az sayıda lokusla sınırlı oluşu ve bazı karakterlerin ortaya çıkması için generatif döneme kadar beklenmesi bu tanımlamaların güvenilirliğini azaltmaktadır. Bu nedenle genotip tanımlamaları için daha güvenilir ve her koşulda tekrarlanabilir olan moleküler DNA belirleyicileri geliştirilmiştir. DNA belirleyicilerinin son yıllarda yaygın kullanışlarının nedenleri çevreden etkilenmeyişleri, bitkilerin gelişme devrelerinin her aşamasında kullanılabilmeleri, geniş bir varyasyon göstermeleri ve kolayca tekrarlanabilmeleri şeklinde özetlenebilir (Akar, 2002).

Bir bitki türünde genetik farklılık bilgisi, çeşit geliştirmek için temel ilkedir. Bitki ıslahında ilerlemek geniş bir genetik taban gerektirir. Zengin ve farklı germplazm koleksiyonu yeni çeşit geliştirme programlarının en büyük desteğidir. Türler içinde varyetelerin genetik benzerlik veya farklılık değeri, morfolojik ve biyokimyasal genetik markörlere, kantitatif karakterlere veya pedigri analizine dayalı olabilmektedir (El-Kassaby, 1982; Rodgers et al., 1983). Bu amaçla çoğu ülkede morfolojik, biyokimyasal ve DNA markörleri kullanarak ulusal buğday gen bankalarında genetik farklılığı değerlendirmek için karşılaştırmalı genetik çalışmalar yapılmıştır (Ahmad, 2002; Maric et al., 2004).

Moleküler markörler, farklılığı DNA düzeyinde ölçen ve araştırılan genotiplerde istenen bir geni izlemek için kullanılabilen markörlerdir. DNA markörleri ıslah çalışmalarında bitki materyallerinin seleksiyonu ve değerlendirme verimi için en iyi araçtır (Ovesna et al., 2002). Dokuya veya çevresel etmenlere bağlı olmadığından ve bol miktarda bulduklarından dolayı morfolojik ve fizyolojik belirlemeler için yararlı tanımlayıcılardır (Yıldırım ve Kandemir, 2001).

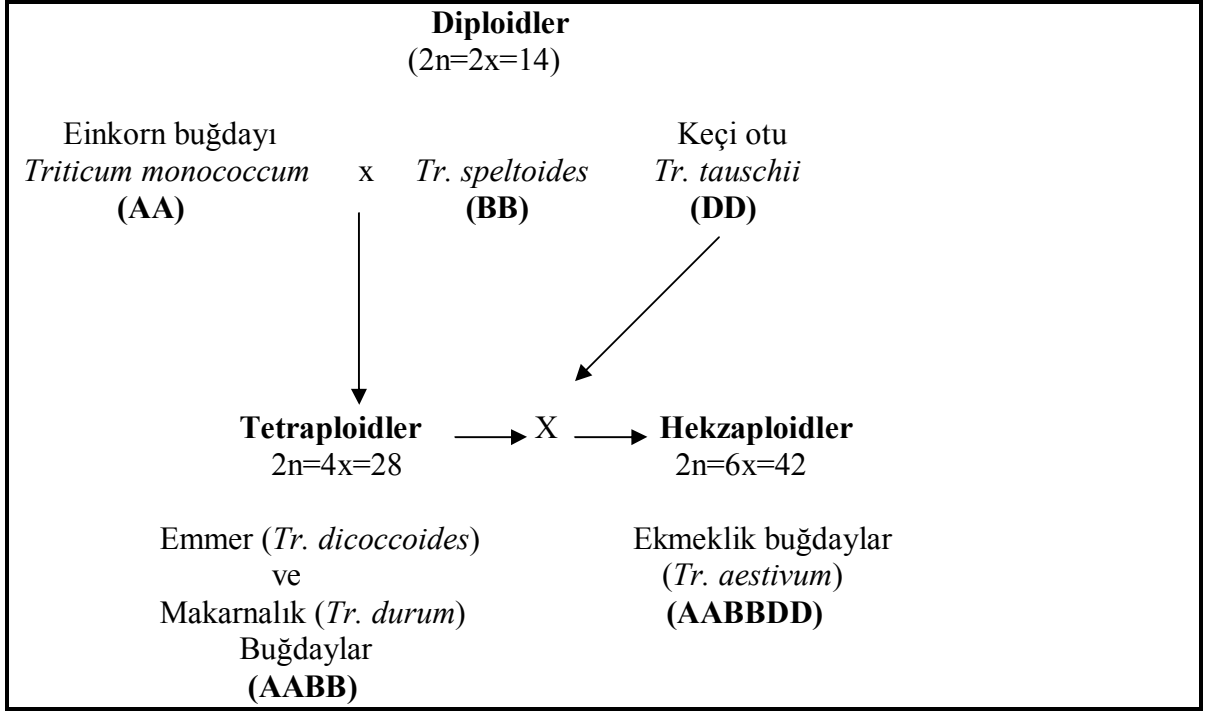
Moleküler DNA markörlerinden en önemlilerini hibridizasyona dayalı olan restriksiyon parça uzunluğu polimorfizmi (RFLP) (Bolstein et al., 1980) markörleri ile Polimeraz Zincir Reaksiyonuna (PZR) dayalı olan rastgele çoğaltılmış polimorfik DNA (RAPD) (Welsh and McClelland, 1990), basit dizilim DNA tekrarları (SSR) (Hamada et al., 1982), çoğaltılmış parça uzunluğu polimorfizmi (AFLP) (Vos et al., 1995) gibi markörler oluşturmaktadır. Son 10 yılda bu moleküler markörlerin çoğu bitki geliştirme programları ile bütünleşmiştir. Moleküler markörler; kontrollü tozlanmış melezlerin soylarını saptamak (Neale et al.,1992), çok önemli genotiplerin en iyi şekilde etiketlenmesini sağlamak (Adams et al.,1988), bitki yetiştiriciliği için genetik kaynakları kullanmak, aksesyonlar arasında ve içinde genetik farklılığı değerlendirmek (Melchinger, 1999) için bitki ıslahçılarında imkan sağlar. Aynı zamanda bu markörler elit germplazmlarda yeni genetik materyalin tanımlanması (Dale and Chaparro, 1996) ve ıslah programlarında önemli kalitatif ve kantitatif karakter bölgelerinin (QTLs) genetik

haritalarının yapılması (Gardiner et al., 1996; Cadalen et al., 1997; Kandemir et al., 2004) için de kullanılmıştır.

Ekmeklik buğdayda da moleküler markörler, moleküler haritaların yapımı, farklılık analizi ve kantitatif karakter bölge analizini içeren gen etiketlemesi, markör yardımıyla seleksiyon (MAS) ve gen piramitlerinin oluşturulması çalışmalarında yaygın olarak kullanılmaktadır (Somers et al., 2004; Yıldırım et al., 2004 a ve b; Yıldırım, 2005; Goyal et al., 2005).

Ekmeklik buğday tarımsal açıdan önemli karakterleri içermesi ve en önemli yiyecek maddesi olması nedeniyle çok fazla moleküler haritalama çalışmalarına tabi tutulmuş ve bu haritaların çoğunluğu yabancı ve interspesifik melezlerden geliştirilmiştir (Messmer et al., 1999). Genetik olarak haritalanan bölgelerin oldukça büyük bir kısmını kapsayan tüm 21 kromozom için fiziksel haritalar da mevcuttur (Varshney et al., 2001). Mikrosatelit veya SSR haritalarının hazırlanması çok zor olmasına rağmen, Röder et al. (1998 b) 279, Pestsova et al. (2000 a) da 55 mikrosatelit bölgesini Almanya'da; Stephenson et al. (1998) 50 mikrosatelit bölgesini İngiltere'de haritalamıştır. Fransa'da 337 (Sourdille et al., 2001), Avustralya'da 144 (Harker et al., 2001) haritalanmış bölgeyi içeren mikrosatelit bölgeleri yayınlanmıştır ve hala yayınlanmamış çalışmalar da vardır.

Ekmeklik buğday, [*Triticum aestivum* L. $2n=6x=42$ (AABBDD)] Şekil 2.1'de gösterildiği gibi her biri farklı atadan elde edilen üç genomu (A, B ve D) içeren alloheksaploid bir bitkidir (Poehlman, 1987). Sahip olduğu 16×10^9 bp'lik genomunun (Bennet and Leitch, 1995) % 80'ninden fazlası defalarca tekrarlanmış DNA sekansları içerir (Smith and Flavell, 1975).



Şekil 2.1: Kültüre alınan buğday tiplerinin orjini. Kaynak: Hancock (1994)

Ekmeklik buğdayın genomları allopoliploid özelliğinden dolayı birkaç diploid ve tetraploid yabani tür ile yüksek bir homoloji gösterir (Kimber, 1993). Hekzaploid buğdayın D genom donörü, *Triticum tauschii* Cross (= *Aegilops squarrosa* L) olarak tanımlamıştır (Zohary, 1970). Genellikle D genomu en az markör kapsamına sahiptir (Chalmers et al., 2001).

Ekmeklik buğdayda üç nedenden dolayı DNA markörlerinin geliştirilmesi oldukça zordur: Birincisi, buğdayın genom büyüklüğü (16×10^9) birkaç markör tekniğinin kullanımını zorlaştırır. İkincisi, üç bant setini içeren buğdayın hexaploid özelliği çoğu markör denemelerinde karmaşıklığa neden olur. Üçüncüsü, diğer tahıl ürünleri ile akraba olan buğdayda polimorfizm oranı genellikle düşüktür (Melchinger, 2004).

Mikrosatelitler her biri 1-10 bp uzunluktaki (TG)_n veya (AAT)_n gibi arka arkaya gelen belirli bir lokusun tekrar ünitelerinden oluşur (Bruford and Wayne, 1993). Ökaryotik genomlarda defalarca tekrarlanan DNA sekansları olan mikrosatelitler (Tautz and Renz, 1984) genomlara baştan başa dağılırlar. Şimdiye kadar incelenen bütün yüksek

organizmaların kodlanan veya kodlanmayan bölgelerinde bulunabilen (Gupta et al., 1996) SSR'lar, kodlanmamış DNA'nın oldukça büyük bir kısmını oluşturur ve protein kodlayan (eukromatin) bölgelerde oldukça seyrek, perisentromerik bölgelerinde bol miktarda bulunur (Areshchenkova and Ganal 1999; Li et al., 2002).

SSR'lar genomlar içinde bol olması yanında, farklı bireylerin tekrar sayılarında yüksek derecede bir değişkenliğe de sahiptirler. Genellikle memelilerde her 6kb uzunlukta, bitki genomlarında ise her 33kb uzunlukta, 20 bp'den daha az bir dinükleotid tekrarı hesaplanırken, insanlarda hayvanlardan daha az miktarda mikrosatelit bulunduğu tespit edilmiştir (Wang et al., 1994).

Basit dizi tekrarı DNA markörlerinin (SSR) varlığı ilk kez Akkaya et al. (1992) tarafından soya fasulyesinde ispatlanmıştır. Daha sonra çoğu farklı bitki türlerinin genom analizinde mikrosatelitlerin izolasyonları ve uygulamaları hızla çoğalmıştır. SSR markörleri pirinç (Temnykh et al., 2001), soya fasulyesi (Akkaya et al., 1992), arpa (Ramsay et al., 2000), ekmeçlik buğday (Röder et al., 1998 b), makarnalık buğday (Nachit et al., 2001), ayçiçeği (Yu et al., 2003), lahana (Lagercantz et al., 1993) ve mısırdada (Sharopova et al., 2002) genetik haritalama için; arpada genetik analiz (Hernandez et al., 2002) için; buğday (Song et al., 2002), şeker kamışı (Corderio et al., 2000) ve çavdarda (Saal and Wricke, 1999) karakterizasyon ve parmak izi analizi için kullanılmıştır. Ayrıca buğdayda mikrosatelitler, farklı varyetelerin akrabalık ve orijinlerini bulmak için ve fenotipik olarak arzu edilen karakterler için genom haritalama deneylerinde kullanılmıştır (Pestsova et al., 2000 a, b; Worland et al., 2001).

Bazı araştırmacılar soya, pirinç ve *Arabidopsis*'te SSR'ların RFLP markörlerinden daha polimorfik olduğunu belirtmişlerdir (Bell and Ecker 1994).

Otomatikleştirilen sistemleri kullanarak analiz edebilme yetenekleri ile yüksek güvenilirlik ve tekrarlanabilirlik gösteren mikrosatelitler, son derece polimorfik markör sistemleridir (Akkaya et al., 1992; Wu and Tanksley, 1993). DNA markörleri arasında SSR'lar genoma spesifik olmaları, genomun her yerinde oldukça üniform bir dağılım

göstermeleri, genotip ve primer başına düşük maliyeti, yüksek derecede çoğalabilirliği, kodominant kalıtları, multiallelik olmaları, bol miktarda bulunmaları, yüksek derecede polimorfizm göstermeleri, kolayca skorlanmaları ve kullanım kolaylığından dolayı buğdayda agronomik olarak önemli genlerin etiketlenip haritalanması ve DNA parmak izi analizi için (Korzun et al., 1998; Russell et al., 2000; Parker et al., 2002), ekmeklik buğday ve akraba türlerinin genetik farklılık çalışmaları için (Röder et al., 2002; Dreisigacker et al., 2004), bir türün hatları arasında genetik akrabalık çalışmaları için (Röder et al., 1995), biyofarklılık çalışmaları için (Virk et al., 1999), populasyon genetik çalışmaları için (Luikhart and England, 1999), sitogenetik stokların teşhisinin doğrulanması için (Korzun et al., 1997), dayanıklılık genleri (Börner et al., 2000 b) ve QTL'lerin saptanması için (Parker et al., 1998), buğdayda markör destekli seleksiyon için (Yıldırım et al., 2004 a ve b), gen bankası aksesyonlarının genetik kararlılık ve güvenilirliğinin kanıtlanabilmesi (Börner et al., 2000 a) için ve seleksiyonun sebep olduğu genetik çeşitlilik (Stachel et al., 2000) için başarılı şekilde kullanılan çok elverişli genetik markörlerdir. Bu markörler ekmeklik buğday çeşitlerinde olduğu gibi ekmeklik buğdayın diploid türleri arasında (Hammer et al., 2000) ve tetraploid yabani buğday *Triticum dicoccoides*'in aksesyonlarında da (Fahima et al., 2002) polimorfizm göstermiştir.

Buğdayda genetik farklılığın hesaplanması için AFLP (Grunberg et al., 2001), RAPD (Joshi and Nguyen, 1993), RFLP (Paull et al., 1998), STS (Burghamer, et al., 1998), ISSR (Nagaoka and Ogihara, 1997) ve mikrosatelitler veya basit dizi tekrarları (Röder et al., 2002; Stachel et al., 2000; Ben Amer et al., 2001; Ahmad, 2002; Huang et al., 2002; Alamerew et al., 2004) gibi moleküler markör sistemleri kullanılmıştır. RFLP, AFLP ve RAPD markör sistemleri ekmeklik buğdayda intraspesifik polimorfizmin sadece düşük miktarını belirlemiştir (Hazen et al., 2002). Bunlar ile karşılaştırıldığında, mikrosatelit markörlerinin yüksek derecede polimorfik, kolayca gözlenebilir, stabil ve kodominant olduğu bulunmuştur (Song et al., 2004).

Avantajları yanında SSR markörleri bazı dezavantajlara da sahiptir. Birincisi, genomik SSR markörleri çoğunlukla gen fonksiyonu olmayan intergenik bölgelerden çoğaltılmaktadır. İkincisi geliştirilen bu markörler için yöntemler komplekstir, sonradan

tasarlanan SSR motiflerini içeren klonları sekanslamayı ve izole etmeyi kapsar (Gao et al., 2004). Mikrosatellitleri kullanmada kısıtlayıcı faktör, lokusa özgün primerlerin tasarımı için DNA dizilimlerinin bilinmesi gerekliliğidir.

Buğdayda son yıllarda yapılan çalışmalar, şu an mevcut yaklaşık 315 markör ile (AG/TC)_n ve (AC/TG)_n tekrarlarına dayalı markörleri geliştirmek için yapılmıştır (Korzun et al., 1997 b; Pestsova et al., 2000 a, b, c). (AG/TC)_n tekrarlarını karşılaştırmada, az miktarda bilgi içeren trinükleotid mikrosatellitlerden birkaçı buğdayda geliştirilmiş ve aynı şekilde buğdayda trinükleotid mikrosatellitlerin sık olmadığı rapor edilmiştir. Trinükleotid tekrarları içeren mikrosatellitlerin yüksek derecede polimorfik olduğu ispat edilmiş ve insan genomunda stabil olarak aktarılmıştır (Gastier et al., 1995; Sheffield et al., 1995). Trinükleotid mikrosatellitleri sık sık az miktarda “tekrar bantları” verdiklerinden dolayı genellikle dinükleotid mikrosatelit markörlerinden daha kullanışlıdır (Diwan and Cregan, 1997).

SSR'ların buğday, çavdar, triticale (Kuleung et al., 2004) ve *Aegilops* ile *Triticum* türleri (Sourdille et al., 2001) arasında ve *Glycine* (Peakall et al., 1998), *Prunus* (Dirlewanger et al., 2002) türlerini içeren çoğu cinslerin arasında transfer edilebileceği başarılı örnekleriyle gösterilmiştir.

Kuleung et al. (2004), ekmeklik buğday, çavdar ve tritikale arasında SSR markörlerinin transfer edilebilirliğini araştırmak için buğday, çavdar ve tritikalenin 5 hattından ekstrakte edilen genomik DNA'ları 148 buğday ve 28 çavdar SSR markörü kullanarak çoğaltmışlardır. Araştırmacılar buğday SSR markörlerinin çavdara transfer edilebilirliği % 17, tritikale'ye transfer edilebilirliği % 58 olarak bulunurken; çavdar markörlerinin buğdaya transfer edilebilirliği % 25, tritikaleye transfer edilebilirliği % 39 olarak bulmuşlardır. Ayrıca buğday markörlerinin buğday, çavdar ve tritikalede polimorfik bantlar verdiğini buna karşılık çavdar markörlerinin çavdarda monomorfik bant verdiğini, buğday ve tritikalede hiç bant vermediğini saptamışlardır. Bununla birlikte bu transfer edilebilir markörlerin daha çok genetik ve yetiştiricilik çalışmaları için kullanılabileceğini belirtmişlerdir.

Cuadrado and Schwarzacher (1998), *Triticeae* familyasına ait yakın akraba türlerden çavdar ve ekmeklik buğdayın genomlarında di, tri ve tetra nükleotit motifi içeren 10 basit dizi tekrarının (SSR) kromozomlar üzerine fiziksel olarak dağılımını karakterize etmeyi amaçlayan çalışmalarında SSR'ların buğday ve çavdarda dikkat çekecek derecede benzer dağılım gösterdiğini tespit etmişlerdir.

Milbourne et al. (1998), arpa ve patateste yaptıkları çalışmada SSR'ların en yüksek (arpada % 100, patateste % 90.8), AFLP'lerin en düşük (arpada % 46, patateste % 41.7), RAPD'lerin ise orta seviyede polimorfizm gösterdiğini (arpada % 66.3, patateste % 65.8) saptamışlardır.

Struss and Plieske (1998) yabancı formları, yerel ve kültür çeşitlerini içeren 163 arpa genotipinde genetik farklılığı hesaplamak, genotipleri ayırmak, genom analizi yapmak, genetik varyabiliteyi saptamak amacıyla; Doğrar et al. (2000) ise 4 yerel seleksiyon, 5 çeşit, 7 son zamanlarda geliştirilen hatlardan oluşan farklı 16 kışlık Anadolu durum buğday varyetesini ayırmak amacıyla mikrosatelit markörlerini kullanmışlardır. Her iki çalışmada da araştırmacılar farklı arpa ve buğday genotiplerini ayırıp teşhis etmede mikrosatelit markörlerinin hızlı ve etkin olduğunu bulmuşlardır. Ayrıca mikrosatelitler ile elde edilen yüksek polimorfizmin yeni çeşitlerin yetiştirilmesi için ebeveyn seleksiyonlarına yardımcı olabileceğini ve mikrosatelit markörlerinin genotip analizi ile DNA parmak izi analizi için çok yararlı olacağını ispat etmişlerdir.

Bohn et al. (1999) and Parker et al. (2002), sırayla 11 ve 124 melez buğday varyetesini RAPD, RFLP, AFLP ve SSR markör sistemleri ile karşılaştırmışlar ve elde ettikleri polimorfizmlerde AFLP ve SSR markörlerinin en etkili markör sistemleri olduğunu saptamışlardır. Bununla birlikte AFLP'lerin bağlantı haritalarının sınırlı, kullanımlarının karmaşık ve pahalı olmasından dolayı SSR'ların buğdayda en popüler markör sistemi olduğunu belirtmişlerdir.

Börner et al. (2000 a), buğday mikrosatelit markörlerini kullanarak Gatersleben gen bankasında korunan ve 24 kez ıslah edilen 8 ekmeklik buğday aksesyonunun genetik

tanımlanmasını yaptıkları çalışmada, gen bankası aksesyonlarının genetik kararlılığı ve güvenilirliğinin doğrulanması için mikrosatelitlerin tek ve güvenilir bir markör sistemi olarak kullanılabildiğini göstermişlerdir.

Stachel et al. (2000), 60 ekmeklik buğday çeşidinin kullanım amacı ve adaptasyonunda seleksiyonun sebep olduğu genetik farklılık çalışmaları için 3 buğday genom örneği ve 42 mikrosatelit allel sıklığını analiz etmişlerdir. Benzer şekilde Pestsova et al. (2000 c) da IPK gen bankası koleksiyonlarından alınan *Aegilops tauschii*'nin 113 aksesyonu arasında genetik akrabalığın hesaplanması ve germplazm analizi için yaptıkları çalışmada 18 mikrosatelit markörünü kullanmışlardır. Her iki araştırmanın sonuçları da tüm mikrosatelit markörlerinin yüksek bir polimorfizm gösterdiğini, farklı kullanım amaçları için ve spesifik çevresel şartlar altında yetiştirmekten ortaya çıkan çeşide ait farklılıkta, mikrosatelitlerin mükemmel çözüm gücünü ispatlamıştır.

Manifesto et al. (2001), Arjantin'de geliştirilen 105 ekmeklik buğday (*Triticum aestivum* L.) çeşidini çoğaltılan parça uzunluğu polimorfizmi (AFLP) ve basit dizi tekrarları (SSR) markörleri kullanarak karakterize etmişlerdir. Sonuçta araştırmacılar SSR'ların buğday genotiplerini belirlemede son derece yararlı markörler olduğunu belirtmişlerdir.

Hakkı et al. (2001), Orta Anadolu yerel çeşitlerinden seçilen ve makarnalık buğday varyetelerinden geliştirilen doubled haploid hatların içinde ve arasında genetik akrabalığı değerlendirmek ve genetik analizlerini yapmak için 10 yüksek derecede polimorfik mikrosatelit markörü kullanmışlardır. Aynı şekilde Huang et al. (2002) 998 hexaploid buğday aksesyonunu karakterize etmek için 24 mikrosatelit markörü kullanmışlardır. Sonuçta SSR'ların yüksek derecede polimorfizm miktarı gösterdiğini saptamışlardır.

Song et al. (2002), ekmeklik buğdayda en bol ve en çok polimorfik olan trinükleotid motiflerini belirlemek amacıyla yaptıkları çalışmada buğdayda trinükleotid mikrosatelit markörlerinin en polimorfik ve en bol kaynağını (TAA/ATT)_n mikrosatelitlerinin sağladığını bulmuşlardır.

Ahmad (2002), farklı orjinli 13 buğday (*Triticum aestivum* L.) genotipinin genomik farklılığını incelemek için üniform ve maximum genom içeriği veren 43 SSR markörü kullanırken, Landjeval et al. (2006) da eski ve modern Bulgaristan kışlık ekmeklik buğday varyeteleri içinde genetik farklılık çalışmaları için basit dizi tekrarlarını (SSRs) kullanmıştır. Sonuçta araştırmacılar genotipler arasında oldukça büyük genomik farklılıklar tespit etmişlerdir.

Gupta et al. (2002), 10 IWMN (*International Wheat Microsatellites Mapping Network*) ile ekmeklik buğdayın genişletilmiş SSR genetik haritasını yapmışlar ve çalışmada WMC (*Wheat Microsatellite Consortium*) mikrosatelit primer çifti arasında test edilen 176 primer çiftinden 58'ini, ITMI (*International Triticeae Mapping Initiative*) ebeveynleri arasında polimorfik olarak bulmuşlardır. RFLP haritalarının yapımında da yararlanılan ITMI popülasyonunu kullanarak ekmeklik buğdayda mevcut olan 384 mikrosatelit bölgesine sonradan eklenen 66 mikrosatelit bölgesini 20 kromozomda haritalamışlardır.

Hernandez et al. (2002), 36 buğday ve 35 arpa basit dizi tekrarı (SSR) markörünü kullanarak *Hordeum chilense* ve *H. tritordeum*'un genetik analizini yaptıkları çalışmanın sonuçları buğday ve arpa SSR markörlerinin *Hordeum chilense*, *H. tritordeum* ve türetilen introgression hatlarının genetik karakterizasyonu için çok değerli kaynak sağladığını göstermiştir. Benzer şekilde McLauchlan et al. (2001) da yabancı buğday akrabaları ve hexaploid buğdayda yaptıkları mikrosatelit analizinde, mikrosatelit markörlerinin buğday ebeveynleri arasında ve içinde genetik akrabalık ve farklılık miktarını hesaplamada çok yararlı araçlar olduğunu belirtmişlerdir.

Paillard et al. (2003), iki kışlık buğday (*Triticum aestivum* L.) varyetesi arasında 179 basit dizi tekrarı (SSR) primer çifti ve 112 restriksiyon parça uzunluğu polimorfizmi (RFLP) kullanarak melezlemeye dayalı bütüncü bir genetik bağlantı haritasını yapmışlardır.

Strelchenko et al. (2004), 22 ülkeden orjinlenen 78 buğday yerel çeşidi arasında genetik farklılığı ve akrabalıkları araştırmak için yaptıkları çalışmada 20 buğday mikrosatelit markörü kullanmışlar, elde edilen polimorfizmi de daha sonra AFLP ve RAPD metotları kullanılarak yerel çeşitlerin genetik farklılığı ve akrabalıklarını inceleyen bir çalışmanın sonuçları ile karşılaştırmışlardır. Sonuçta mikrosatelit markörlerinin buğday yerel çeşitlerinin genetik farklılığını karakterize etmek ve genotipleri belirlemek için AFLP'ler ve RAPD'lerden daha etkili olduklarını belirtmişlerdir.

Khlestkina et al. (2004), Sibiry'a'da kültüre alınan modern ekmeklik buğday çeşitleriyle eski ekmeklik buğday çeşitleri arasında genetik farklılığı analiz etmek için mikrosatelit markörlerini kullanmışlardır. Araştırma sonuçları modern buğday yetiştiriciliğinde genetik farklılık için eski buğday varyetelerinin iyi bir potansiyel kaynak olduğunu göstermiştir.

Mahmood et al. (2004), 3A kromozomunda meydana gelen varyasyona bağlı olarak kışlık ekmeklik buğday hatları arasında genetik benzerliği incelemek amacıyla 12 grup arpa basit dizi tekrarı (SSR) primer çiftini kullanarak yaptıkları çalışmada 106 polimorfik bant elde etmişlerdir. Çalışma sonunda, arpa mikrosatelit markörlerinin buğdaya transfer edilebilirliğini % 73 olarak bulmuşlardır. Ayrıca tarımsal açıdan önemli kantitatif karakter bölgeleri (QTL) ile ilgili SSR markörlerinin genetik benzerliği belirlemede ve çeşit geliştirmede yararlı olduğunu belirtmişlerdir.

Reif et al. (2004), ekmeklik buğdayın kültüre alınması, geleneksel yerel çeşitlerin yerine modern çeşitlerin geçmesi ve yetiştiricilik esnasında meydana gelen genetik farklılık kaybını incelemek amacıyla yaptıkları çalışmada, 253 adet modern buğday çeşidi, yerel çeşitler ve *Triticum tauschii* aksesyonları ile 90 adet tüm buğday genomlarını kapsayan SSR markörlerini kullanmışlardır. Araştırma sonuçları yerel çeşitler ve *Triticum tauschii*'nin her ikisinin, elit buğday germplazmalarının genetik tabanını genişletmek için yararlı kaynaklar olduğunu göstermiştir.

Alamerew et al. (2004), 22 buğday mikrosatelit markörünü kullanarak *T. aestivum* L. (69 aksesyon), *T. aethiopicum* Jacubz. (54 aksesyon) ve *T. durum* Desf. (12 aksesyon)'dan oluşan 135 aksesyonun genetik farklılığını incelemişlerdir. Bütün aksesyonları iki büyük grupta kümeleyip ayırmışlardır. *T. aestivum*'un farklı bir grup oluşturduğunu tespit ederken *T. durum* ve *T. aethiopicum* tetraploid türlerinin arasında açık bir farklılık elde etmediklerini belirtmişlerdir.

Roussel et al. (2005), 39 SSR markörü kullanarak 480 Avrupa ekmeçlik buğday çeşidinin allelik farklılık değişimini analiz etmişlerdir. Sonuçta Avrupa buğday çeşitlerinde farklılığın rasgele dağılmadığını, bunun ancak farklı ülkelerdeki tarım politikaları ve yetiştiricilik uygulamaları ile maddi ve coğrafi değişime bağlı olabildiğini belirtmişlerdir.

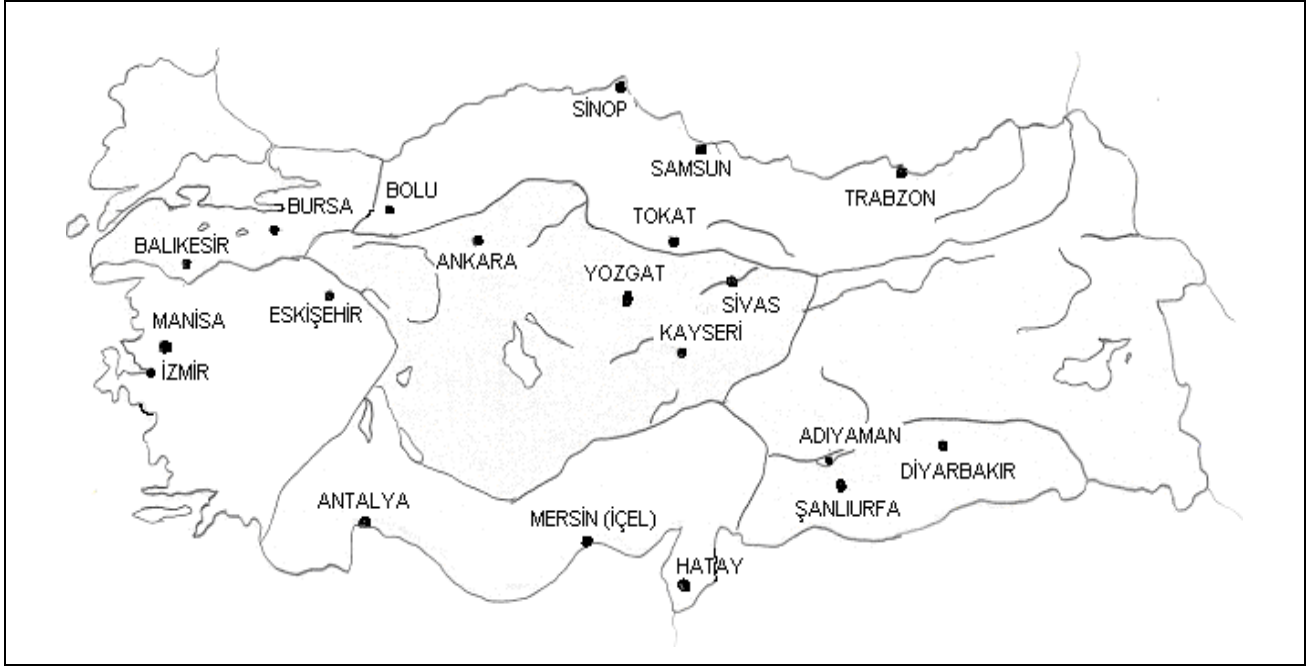
3. MATERYAL VE METOT

3.1. BİTKİ MATERYALİ

Araştırmada, bitki materyali olarak Tarım, Orman ve Köy İşleri Bakanlığı Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü (ETAE) tarafından farklı bölgelerden toplanmış olan 20 adet yerel ekmeklik buğday çeşidi ve standart bant büyüklüğünü saptamada kontrol olarak Opata buğday çeşidi kullanılmıştır (Çizelge 3.1). Yerel ekmeklik buğday çeşitlerinin Türkiye’de toplandıkları bölgeler ve şehirler Resim 3.1’de gösterilmektedir.

Çizelge 3.1: Araştırmada kullanılan yerel ekmeklik buğday çeşitleri ve toplandığı iller

Sıra No	Kayıt No	Botanik İsmi	Lokasyon
1	TR 3608	<i>Triticum aestivum</i>	İzmir
2	TR 14851	<i>Triticum aestivum</i>	Samsun
3	TR 32034	<i>Triticum aestivum</i>	Kayseri
4	TR 37179	<i>Triticum aestivum</i>	Sinop
5	TR 38899	<i>Triticum aestivum</i>	Bolu
6	TR 38902	<i>Triticum aestivum</i>	Trabzon
7	TR 38917	<i>Triticum aestivum</i>	Manisa
8	TR 40964	<i>Triticum aestivum</i>	Diyarbakır
9	TR 44424	<i>Triticum aestivum</i>	Tokat
10	TR 45308	<i>Triticum aestivum</i>	Yozgat
11	TR 46797	<i>Triticum aestivum</i>	İçel
12	TR 46804	<i>Triticum aestivum</i>	Hatay
13	TR 50416	<i>Triticum aestivum</i>	Şanlıurfa
14	TR 50460	<i>Triticum aestivum</i>	Adıyaman
15	TR 53296	<i>Triticum aestivum</i>	Sivas
16	TR 57999	<i>Triticum aestivum</i>	Eskişehir
17	TR 63445	<i>Triticum aestivum</i>	Balıkesir
18	TR 63525	<i>Triticum aestivum</i>	Antalya
19	TR 63833	<i>Triticum aestivum</i>	Ankara
20	TR 63886	<i>Triticum aestivum</i>	Bursa



Resim 3.1: Yerel ekmeçlik buğday çeşitlerinin Türkiye’de toplandıkları bölgeler ve şehirler

Her bir çeşitten rasgele alınan 10’ar adet tohum çimlendirilmek üzere otoklavda steril edilmiş kurutma kağıtları konulmuş petri kaplarına yerleştirilmiştir. Tohumların çimlenmesi için kurutma kağıtları az miktarda su ile ıslatılmış ve nem kaybını engellemek amacıyla petri kaplarının kenarları parafilm ile kapatılmıştır. Tohumların daha üniform çimlenmesi için petriler $+4^{\circ}\text{C}$ ’de buzdolabında 4-5 gün bekletildikten sonra dışarı çıkarılmış ve petriler tohumlardan ilk yapraklar oluşuncaya kadar laboratuvarında muhafaza edilmiştir. Çimlenmeyen çeşitlerin eksiklerini tamamlamak için petrilere tekrar tohum konulup aynı işlemler tekrarlanmıştır. İlk yaprak çıktıktan sonra bitkiler 3 kısım bahçe toprağı + 2 kısım ahır gübresi +1 kısım kum ile hazırlanan karışımın bulunduğu viyollere şaşırtılmış ve her bitki plastik etiket ile etiketlenmiştir. 3 gün oda sıcaklığında bekletilen viyoldeki bitkilerin vernalizasyon ihtiyaçlarının karşılanması amacıyla, $+4^{\circ}\text{C}$ sıcaklığa ve 12 saat ışıklandırma süresine sahip iklim odasında 6-8 hafta muhafaza edilmiştir.

Birkaç yaprak oluşturan bitkiler 3 kısım bahçe toprağı + 2 kısım ahır gübresi ile hazırlanan karışımın bulunduğu saksılara şaşırtılmış ve her saksı plastik etiket ile

etiketlenmiştir. Saksılara alınan bitkiler iklim kontrollü tam otomatik araştırma serasına konularak her türlü bakım ve kontrol işlemleri düzenli olarak yapılmıştır (Resim 3.2).



Resim 3.2: Saksılara şaşırtılan bitkilerin seradaki görünümü

3.2. DNA İZOLASYONU

Fide dönemine gelmiş bitkilerin genç yapraklarından alınan bitki örneklerinin genomik DNA'larının izolasyonu için Plaschke et al. (1995) tarafından tanımlanan metot laboratuvar koşullarımızda standardize edilerek kullanılmıştır. Yapılan çeşitli denemelerde en uygun yaprak büyüklüğü 1,5 cm, değişik öğütme yöntemleri (sıvı azotta, DNA ekstraksiyon buffer'ında, kumda öğütme vs.) arasında da en uygun öğütme yönteminin DNA ekstraksiyon buffer'ında olduğu saptanmıştır.

DNA ekstraksiyonu üç aşamada gerçekleştirilmiştir:

1. aşamada nükleazlar inhibe edilmiştir.
2. aşamada proteinler uzaklaştırılmıştır.
3. aşamada nükleik asitler diğer hücre bileşenlerinden fiziksel olarak ayrılmıştır.

Sapa kalkma döneminde bitkilerin en genç yapraklarından yaprak örnekleri alınarak her bir çeşit için ayrı ayrı DNA izolasyonu yapılmıştır. Çalışmada kullanılan DNA ekstraksiyon yöntemi şu şekilde özetlenebilir:

1) 1,5 cm boyunda bir yaprak ependorf tüpte önce 50 µl buffer içinde öğütülür ve daha sonra her tüpe 450 µl daha buffer ilave edilir. Sonuç olarak her bir örnek için 500 µl buffer kullanılır.

- 100 ml buffer hazırlamak için

- 65 ml dH₂O
- 10 ml 1 M Tris (pH: 7,5)
- 14 ml 5 M NaCl
- 10 ml 0,5 M EDTA (pH: 8,0) → 65 °C'de ısıtılarak karıştırılır. Daha sonra;
- 1 gr CTAB
- 1 ml 14 M Beta Merkaptolanol (BME) eklenir.

2) Bir ünite Proteinaz K eklendikten sonra (1 ünite 5 µl konsantrasyon) vortekste karıştırılır.

3) 40 µl % 20 SDS (veya 80 µl % 10 SDS) eklenir. Alt üst ederek dikkatlice karıştırılır. 65 °C'deki su banyosunda 1 saat tutulur ve 15 dakikada bir alt üst ederek karıştırılır.

4) Su banyosundan çıkarılan tüpler 5 dakika oda sıcaklığında bekletilir. 2/3 hacim (400 µl) kloroform : isoamil alkol (24:1) eklenir ve 10-15 dakika yavaşça alt üst edilerek iyice karıştırılır.

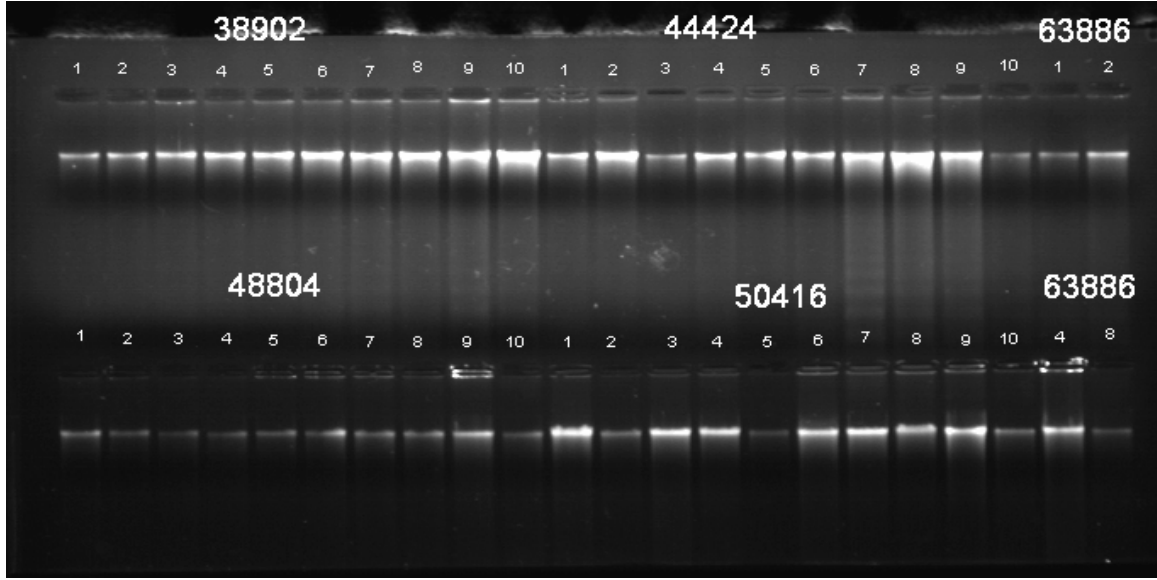
5) 10,000 g'de 15 dakika santrifüj edilir.

6) Süpernatant'a 2/3 hacim 400 µl 2-propanol eklenir. 1-2 dakika alt üst edilerek DNA gözle görülür hale getirilir.

- 7) 15 dakika 10,000 g'de santrifüj edilir.
- 8) Sıvı dikkatli bir şekilde dökülür. Pelet kurduktan sonra 400 µl 1 x TE eklenir. +4 °C'de bir gece bekletilir.
- 9) DNA 60 °C'deki su banyosunda 15 dakikada bir karıştırılarak 3 saat eritilir.
- 10) 10 mg/ml RNase çözeltilisinden 1 µl eklenir ve su banyosunda 1 saat bekletilir.
- 11) 400 µl kloroform : isoamil alkol (24:1) eklenir. Tüpler 10-15 dakika alt-üst edilerek ekstraksiyon yapılır.
- 12) 15 dakika 10,000 g'de santrifüj edilir.
- 13) Süpernatant 100 µl 1,2 NaCl (veya 26 µl 5 M NaCl) içeren yeni bir tüpe alınır ve hafifçe karıştırılır.
- 14) 800 µl % 96 soğuk etil alkol ilave edilir. Alt üst edip karıştırılarak DNA çökeltilir.
- 15) 10,000 g'de 20 dakika santrifüj edilir ve sıvı dikkatli bir şekilde dökülür.
- 16) Pelet % 70 soğuk etil alkol ile dikkatlice yıkanır. Ters çevrilmiş halde 2 saat kurutulur.
- 17) Kuruyan pelet 100 µl 1 x TE'de çözülür. Bir gece +4 °C'de tutulur. Sonra su banyosunda 65 °C'de 3-4 saat eritilir. Sonuçta toplam 20 µg civarında DNA elde edilebilir.

İzole edilen DNA'lar % 1'lik agaroz jelde koşularak DNA miktarı ve kalitesi belirlenmiştir (Resim 3.3). Ayrıca izole edilen DNA'lar "Biomate™3 Spectrophotometer" marka spektrofotometrede kontrol edilerek kalite özellikleri tam olarak belirlenmiştir.

DNA'sı olmayan, yetersiz görülen veya kalitesi düşük olan aksesyonlarda izolasyon işlemi tekrarlanarak eksikler tamamlanmıştır.



Resim 3.3: DNA'ların % 1'lik agaroz jelde görüntülenmesi

3.3. POLİMERAZ ZİNCİR REAKSİYONU (PZR)

Çeşitlerin DNA izolasyonu tamamlandıktan sonra Röder et al. (2002)'a göre PZR reaksiyonlarına başlanmıştır. PZR reaksiyonları “Thermo ve Bio Plus” marka sıcaklık döngü aletlerinde yapılmıştır (Resim 3.4). PZR’de her bir reaksiyon karışımı, 250 nM primer, 0,2 mM deoksinükleotidlerin her birinden (dATP, dCTP, dGTP, dTTP), 1,5 mM MgCl₂, 0,5 ul *Taq*-polimeraz enzimi ve 50-100 ng kalıp DNA’dan oluşmaktadır. Her bir PZR karışımı 94 °C’de 5 dakika bekletme işleminden sonra arka arkaya birbirini takip eden 94 °C’de 1 dakika denatürasyon, primere bağlı olarak 50-60 °C arasında 1 dakika yapıştırma ve 72 °C’de 1 dakika uzatma işlemlerini içeren 32 sirkülasyondan sonra 72 °C’de 5 dakika son uzatma safhasından oluşmaktadır. Her bir örnek için ve bütün primerler açısından bu işlem yürütülmüş ve böylece asgari 7 primer x 200 DNA = 1 400 PCR reaksiyonu gerçekleştirilmiştir. Reaksiyonda kullanılan kimyasalların kontaminasyonuna

veya jel sisteminde karşılaşılan sorunlara bağlı olarak reaksiyonlar tekrarlanmış ve reaksiyon sayısı artmıştır.



Resim 3.4: PZR’de kullanılan termocycle

Röder et al. (1998 b) tarafından geliştirilen, Avrupa buğday çeşitlerini tanımlamada kullanılan ve mikrosatelit lokuslarını (*Xgwm*) amplifiye eden primerler Çizelge 3.2’de verilmiştir.

Çizelge 3. 2: Mikrosatelit DNA belirleyicilerinin özellikleri

Mikrosatelit Lokusu	Kromozom	Tekrar Türü	Ürün büyüklüğü (Opata yerel çeşidine göre) (bp)
<i>Xgwm</i> 95	2A	(CA) ₁₆	115-134
<i>Xgwm</i> 18	1B	(CA) ₁₇ GA(TA) ₄	178-194
<i>Xgwm</i> 458	1D	(CA) ₁₃	109-115
<i>Xgwm</i> 261	2D	(CT) ₂₁	160-209
<i>Xgwm</i> 190	5D	(CT) ₂₂	198-214
<i>Xgwm</i> 325	6D	(CT) ₁₆	133-149
<i>Xgwm</i> 295	7D	(GA) ₂₅	254-258

3.4. JEL SİSTEMİ

Farklı primerler kullanılarak elde edilen PZR ürünleri polimorfizm gösteren bantların daha iyi ayrılması için agaroz jellere oranla yüksek rezolüsyona sahip olan acrylamide jel sisteminde koşulmuştur. Jel sisteminin optimizasyonu için % 6, 8, 10 ve 12'lik acrylamide jel konsantrasyonları denenmiş % 8'lik acrylamide jelde diğer konsantrasyonlarda gözlenemeyen polimorfizmler saptanmıştır. Bu yüzden yerel çeşitlerin taranmasında % 8'lik acrylamide jel kullanılmıştır. Jelde meydana gelecek dalgaların önüne geçmek için jelin üst kısmına ayrı stakin jel hazırlanmıştır.

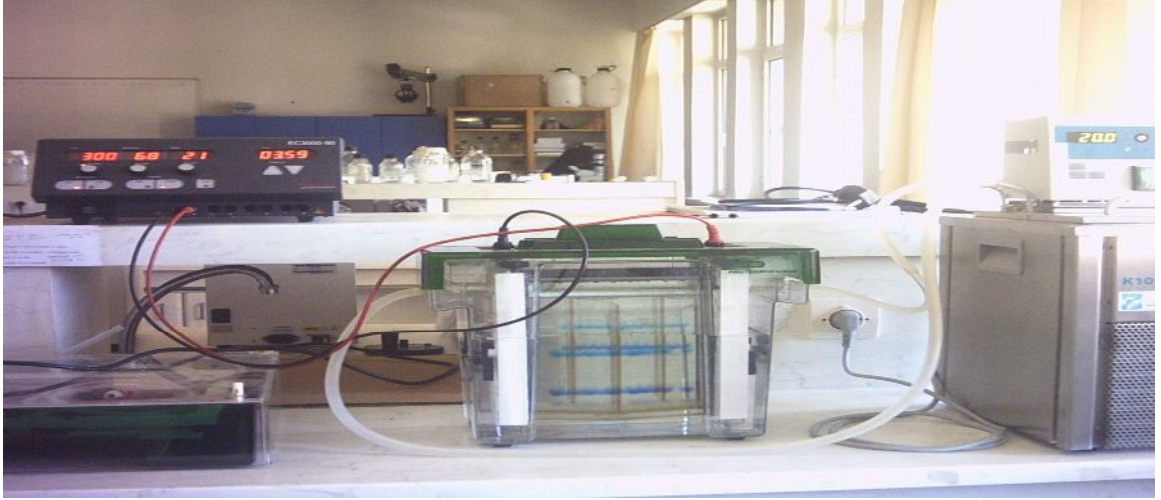
60 ml % 8'lik acrylamide jel hazırlamak için:

- 18 ml acrylamide: bisacrylamide (29: 1 % 40'lık stoktan)
- 12 ml 5x TBE buffer
- 30 ml dH₂O
- 210 µl % 25 APS (amonyum persülfat)
- 20 µl TEMED kullanılmıştır.

15 ml stakin jel hazırlamak için:

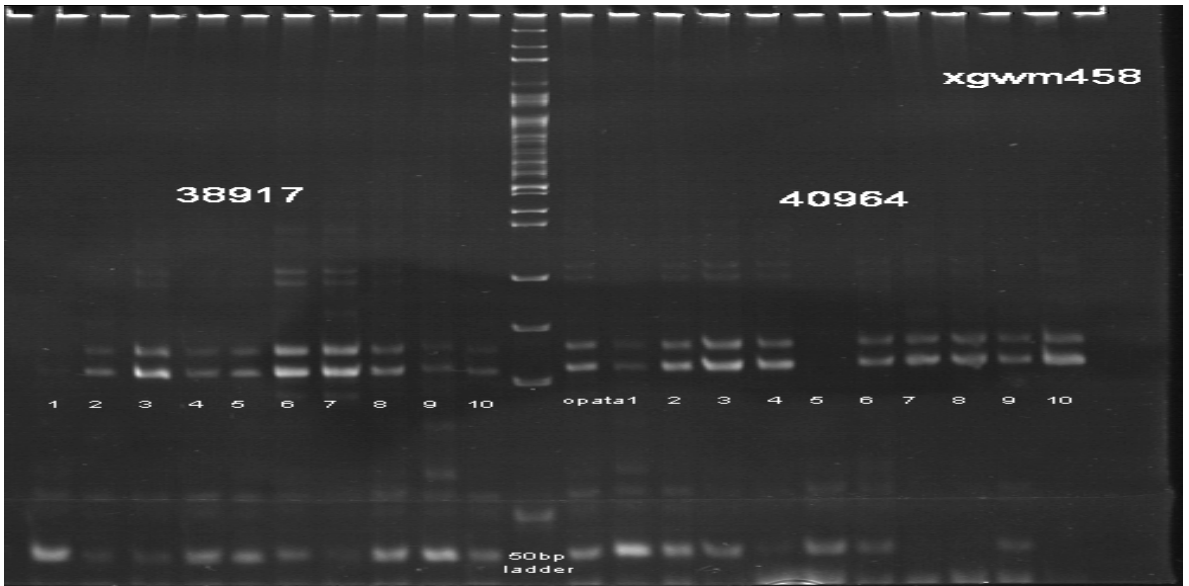
- 4,5 ml acrylamide: bisacrylamide (29: 1 % 40'lık stoktan)
- 3 ml 5x TBE buffer
- 7,5 ml dH₂O
- 52,5 µl % 25 APS (amonyum persülfat)
- 15 µl TEMED kullanılmıştır.

Her bir PCR reaksiyonu 2,7 ul yükleme bufferı (5 mg/ml dextran mavisi içeren deionize edilmiş formamid) ile hazırlanan jelde yaklaşık 6-7 saat 350 V, 155 mA ve 40 W'lık elektrik akımında koşulmuştur (Resim 3.5).



Resim 3.5: Jellerin elektroforezi

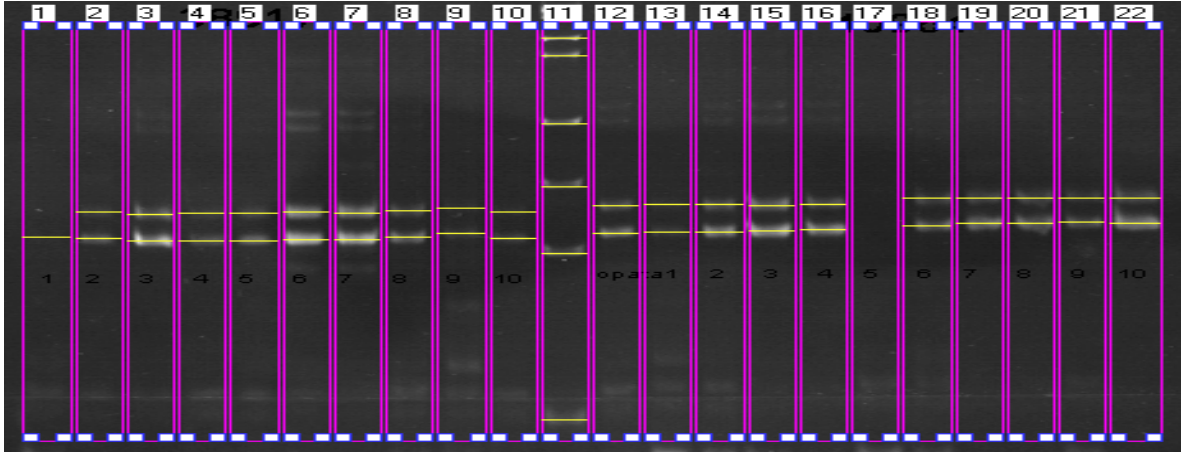
Koşulan jeller ethidium bromid (200 ml dH₂O, 10 µl ethidium bromid) çözeltisine konulup 20-25 dakika karıştırıcıda yavaşça çalkalanarak boyanmıştır. Boyanan jeller 5 dakika saf su ile durulandıktan sonra jel imaj sisteminde (Vilber Lourmat, Bio 1D, 11.04) polimorfizm özellikleri belirlenmiştir.



Resim 3.6: Jel imaj sisteminde % 8'lik acrylamide jelin görüntüsü

Jel imaj sisteminde görüntülenen jel fotoğraflarının bant büyüklükleri Vilber Lourmat, Bio 1D, 11.04 programı kullanılarak hesaplanmıştır. Bio 1D programı açıldıktan

sonra kuyucuklar (lane) otomatik olarak işaretlenmiştir. Ladder'ın bulunduğu kuyucuk numarası ve bant büyüklükleri girildikten sonra "Detection" imgesi ile bantlar otomatik olarak işaretlenmiştir.



Resim 3.7: Bio1D programında jellerin işaretlenmesi

Programın "Results" imgesi seçilerek işaretlenen bantların gruplanmış tablosu otomatik olarak elde edilmiştir.

Boy	L1	L2	L3	L4	L5	L6	L7	L8	L9	L10	L11	L12	L13	L14	L15	L16	L17	L18	L19	L20	L21	L22	
300.000											300.000												
250.000											250.000												
200.000											200.000												
150.000											150.000												
140.863																		140.863	140.863	140.863	140.863	140.863	140.863
135.843												134.840	135.843	135.843	134.840	135.843							
132.840								130.851	132.840														
125.860		125.860	127.888	128.872	128.372	129.663	128.372			129.860													
122.060																			121.103	121.103	122.060	121.103	
115.204																			115.204				
113.395													114.550	114.550	115.470	113.395							
113.637										113.637		113.637											
110.048	110.935	110.048				109.167	109.167	110.535		110.048													
108.294			108.294	108.294	108.294																		
100.000												100.000											
50.000												50.000											

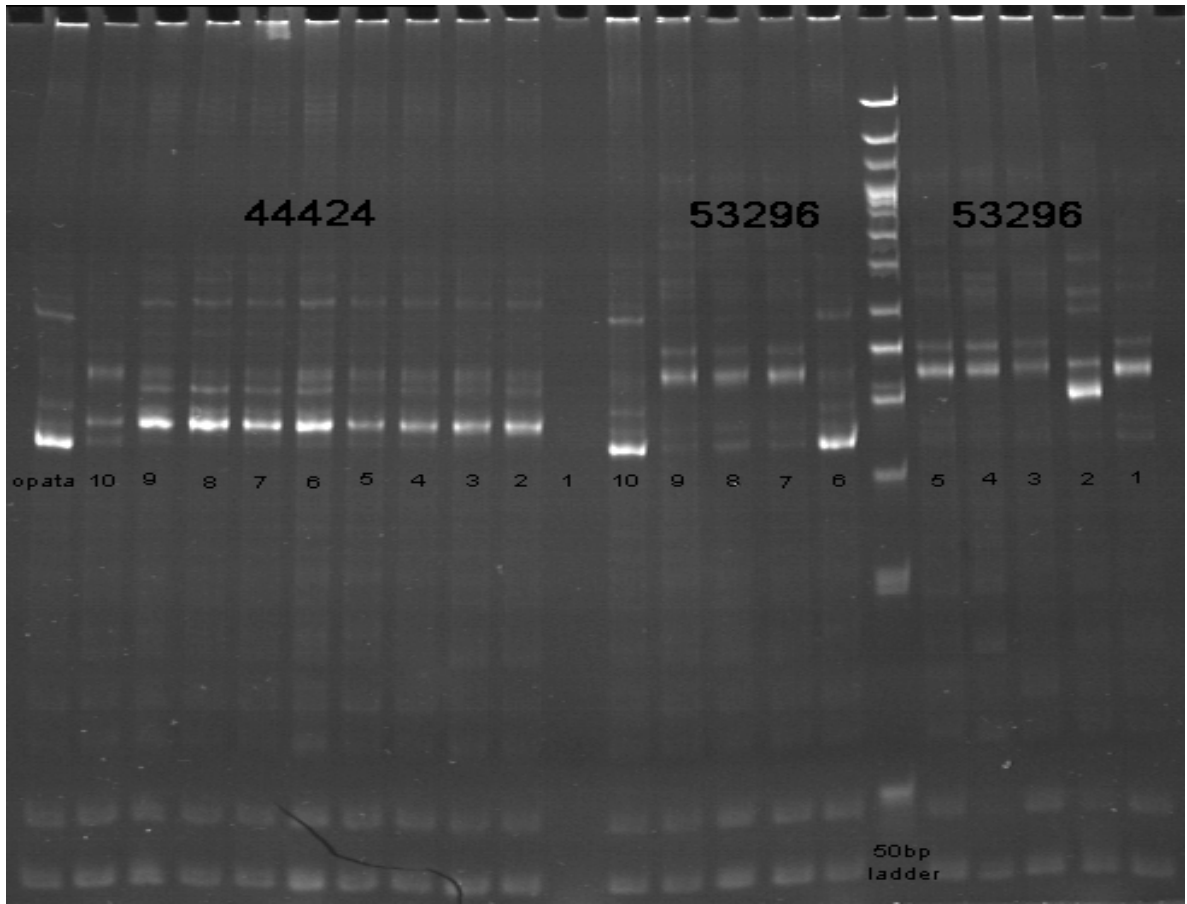
Resim 3.8: Gruplandırılmış bant büyüklükleri

3.5. VERİLERİN DEĞERLENDİRİLMESİ

Tüm primerlerin bantlarını içeren tabloya bant büyüklükleri yazıldıktan sonra her bir örnekten elde edilecek olan graphogramların genotip analizi yapılmıştır. Tablo hazırlanırken olan bant büyüklükleri yerine 1, olmayan bant büyüklükleri yerine 0 yazılmıştır. UPGMA dendogramlarının oluşturulmasında Sayısal Taksonomi ve Multivaryete Analiz Sistemi Yazılımı (NTSPYS, 2.1 versiyonu) kullanılmıştır (Rohlf, 1992). Yerel çeşitler arasındaki genetik uzaklıklar RST-22 programı (Goodman, 1997) kullanılarak hesaplanmıştır. Genetik uzaklıkların hesaplanmasında ayrıca allel sıklıklarına göre işlem yapan 'Nei72' algoritmasından da yararlanılmıştır (Rohlf, 1992).

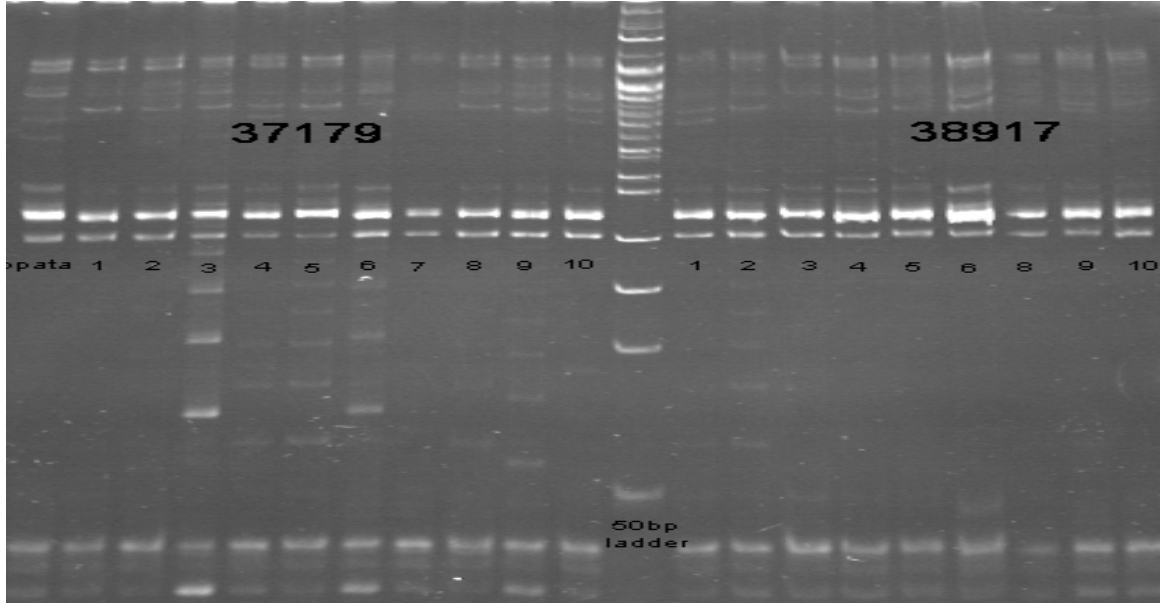
4. BULGULAR VE TARTIŞMA

Yerel çeşitler arasındaki genetik ilişkinin saptanması amacıyla polimorfik olan 7 SSR lokusu kullanılmıştır. Elde edilen PZR ürünleri % 8'lik acrylamide jelde koşulmuştur. Görüntülenen jellerin bazıları örnek olarak Resim 4.1- 4.7'de verilmiştir.



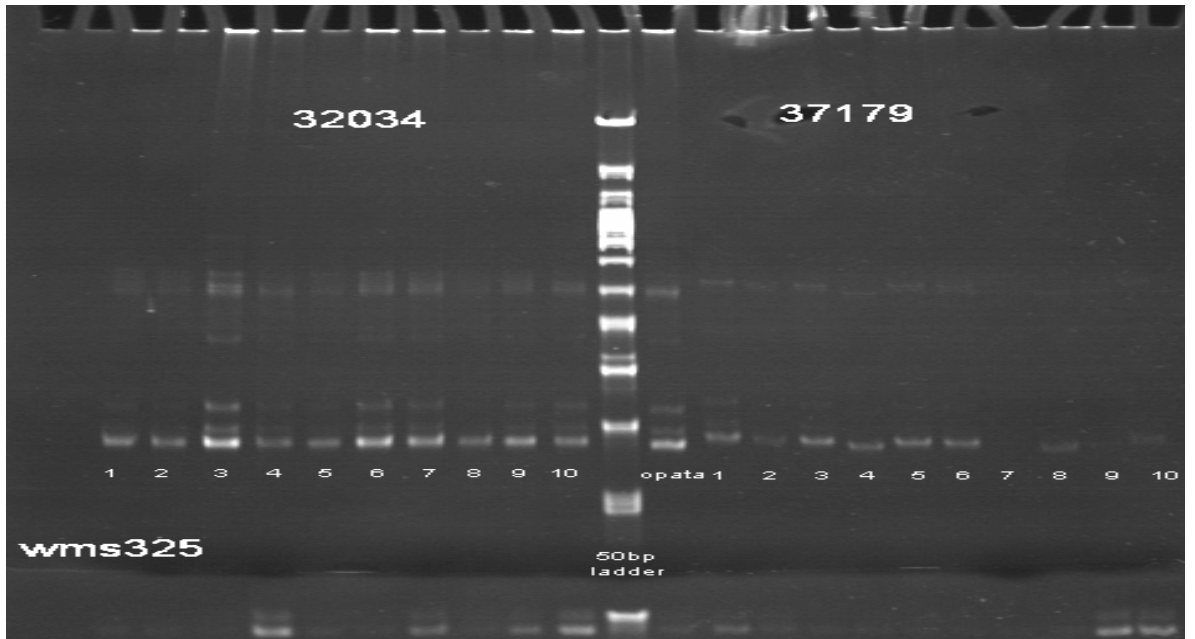
Resim 4.1: *Xgwm 261*'in % 8'lik acrylamide jel görüntüsü

Resim 4.1'de görüldüğü gibi *Xgwm 261* primeri ile Tokat'tan toplanan 44424 çeşidinin aksesyonları arasında farklılık bulunamazken, Sivas'tan toplanan 53296 çeşidinin aksesyonları arasında oldukça fazla farklılıklar bulunmuştur.. Hatlar arasında meydana gelen bu polimorfizm farklılığı Ek 2'de verilen *Xgwm 261* primerine ait dendogramda da görülmektedir.



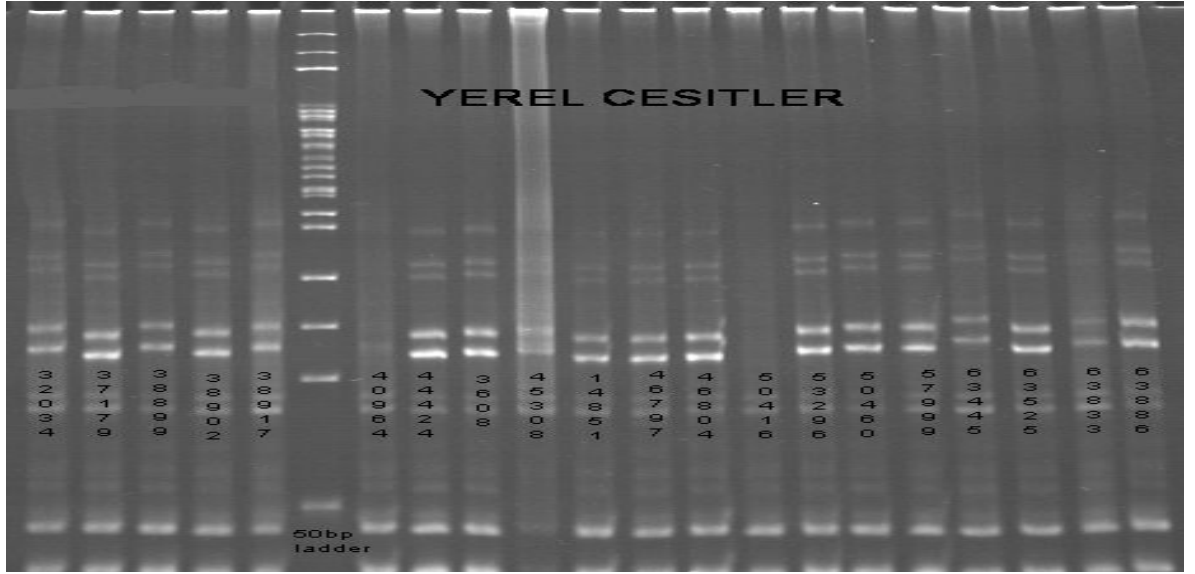
Resim 4.2: *Xgwm 295*'in % 8'lik acrylamide jel görüntüsü

Resim 4.2'ye bakıldığında *Xgwm 295* primeri ile Sinop'tan toplanan 37179 çeşidi ile Manisa'dan toplanan 38917 çeşidi arasında hiçbir farklılık bulunamamıştır. Hem Ek 1'de verilen *Xgwm 295* primerinden elde edilen bant büyüklüklerini gösteren tabloda hem de Ek 2'de verilen *Xgwm 295* primerine ait dendogramda bu benzerlik görülmektedir.



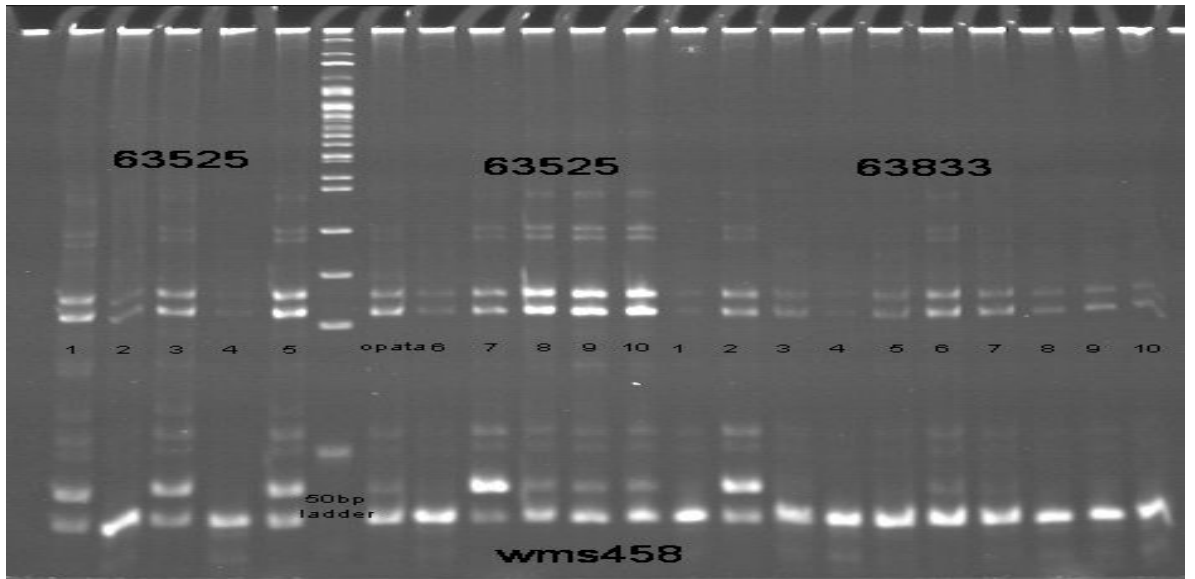
Resim 4.3: *Xgwm 325*'in % 8'lik acrylamide jel görüntüsü

Xgwm 325 primeri ile Kayseri'den toplanan 32034 çeşidinin aksesyonlarında farklılık görülmemesine rağmen Sinop'tan toplanan 37179 çeşidinin aksesyonlarında farklılık saptanmıştır (Resim 4.3).



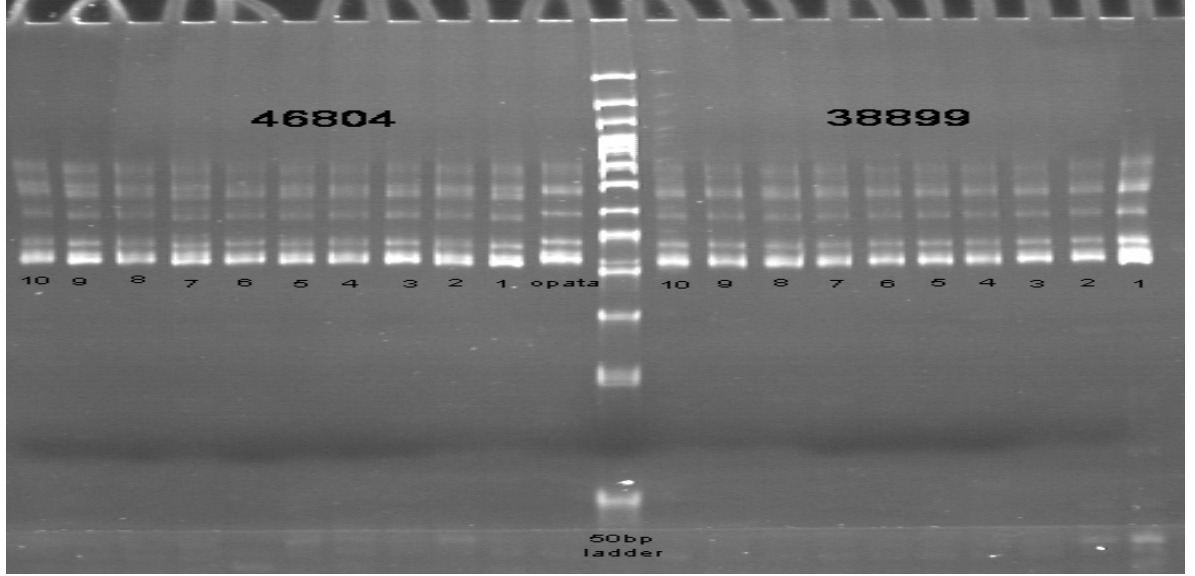
Resim 4.4: *Xgwm* 95'in % 8'lik acrylamide jel görüntüsü

Resim 4.4'te de görüldüğü gibi 20 yerel çeşit için *Xgwm* 95 primeri çok fazla miktarda farklılık göstermiştir.



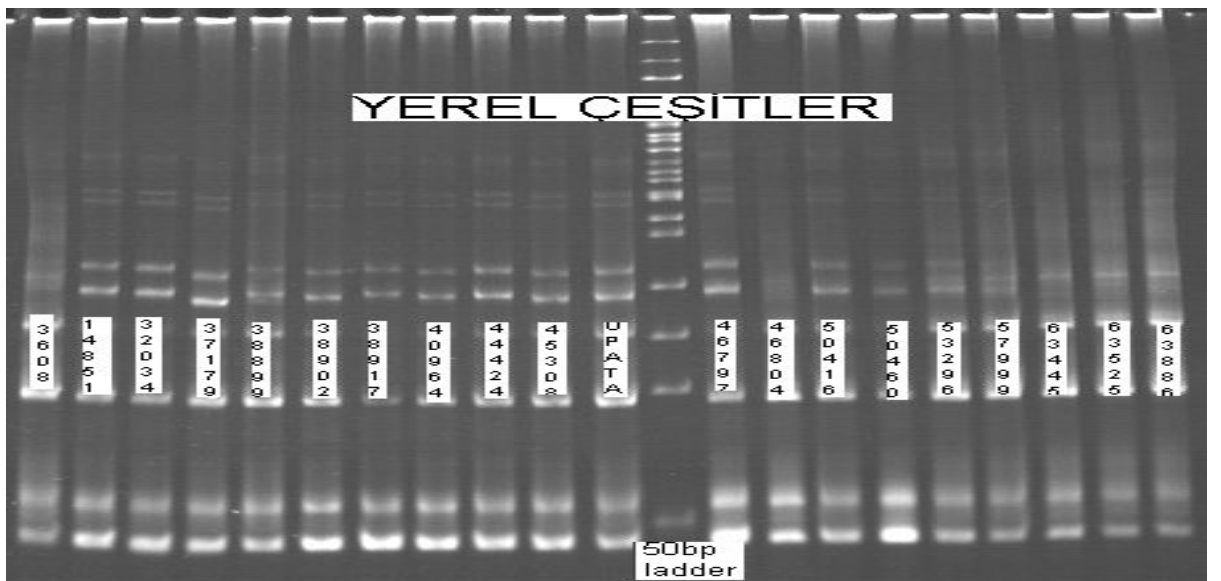
Resim 4.5: *Xgwm* 458'in % 8'lik acrylamide jel görüntüsü

Xgwm 458 primeri ile Antalya'dan toplanan 63525 çeşidi ve Ankara'dan toplanan 63833 çeşidi arasında az miktarda farklılık bulunmuştur (Resim 4.5).



Resim 4.6: *Xgwm* 190'nın % 8'lik acrylamide jel görüntüsü

Resim 4.6'ya göre *Xgwm* 190 primeri ile Hatay'dan toplanan 46804 çeşidi ve Bolu'dan toplanan 63833 çeşidi arasında az da olsa farklılık bulunmuştur.



Resim 4.7: *Xgwm* 18'in % 8'lik acrylamide jel görüntüsü

Resim 4.7’de görüldüğü gibi tüm yerel çeşitlerde *Xgwm* 18 primeri ile farklılıklar bulunmuştur.

Jel görüntüleme sisteminde görüntülenen jeller Bio1D programında skorlanmıştır. Her bir primerden elde edilen bant büyüklükleri Ek 1’de verilmiştir.

Çizelge 4.1’de görüldüğü gibi primerlerin PZR reaksiyonu sonucunda oluşan amplifikasyon ürünlerinin acrylamide jelde elde edilen allel sayıları 7-11 arasında değişmektedir. En fazla allel *Xgwm* 95 ve *Xgwm* 295 primerlerinde görülmüştür. Primerlerin amplifikasyon ürünleri incelendiğinde, en az allel oluşturan *Xgwm* 18 primerinin yerel çeşitler ve onların aksesyonları içinde elde edilen bant büyüklüğü 180-210 baz arasında değişirken, en fazla allel oluşturan *Xgwm* 95 ve *Xgwm* 295 primerlerinin bant büyüklükleri sırayla 105-136 baz ve 195-250 baz arasında değişmektedir. Bununla birlikte sekiz allel oluşturan *Xgwm* 190 ve *Xgwm* 458 primerlerinin bant büyüklüğünün sırayla 205-235 baz ve 103-129 baz arasında değiştiği belirlenmiştir. *Xgwm* 261 ve *Xgwm* 325 primerlerinde de dokuz allel saptanırken bu primerlerden sırasıyla 160-196 baz ve 132-149 baz arasında değişen bant büyüklükleri elde edilmiştir.

Çizelge 4.1: Kullanılan mikrosatelit markörlerin allel sayısı ve allel büyüklüğü

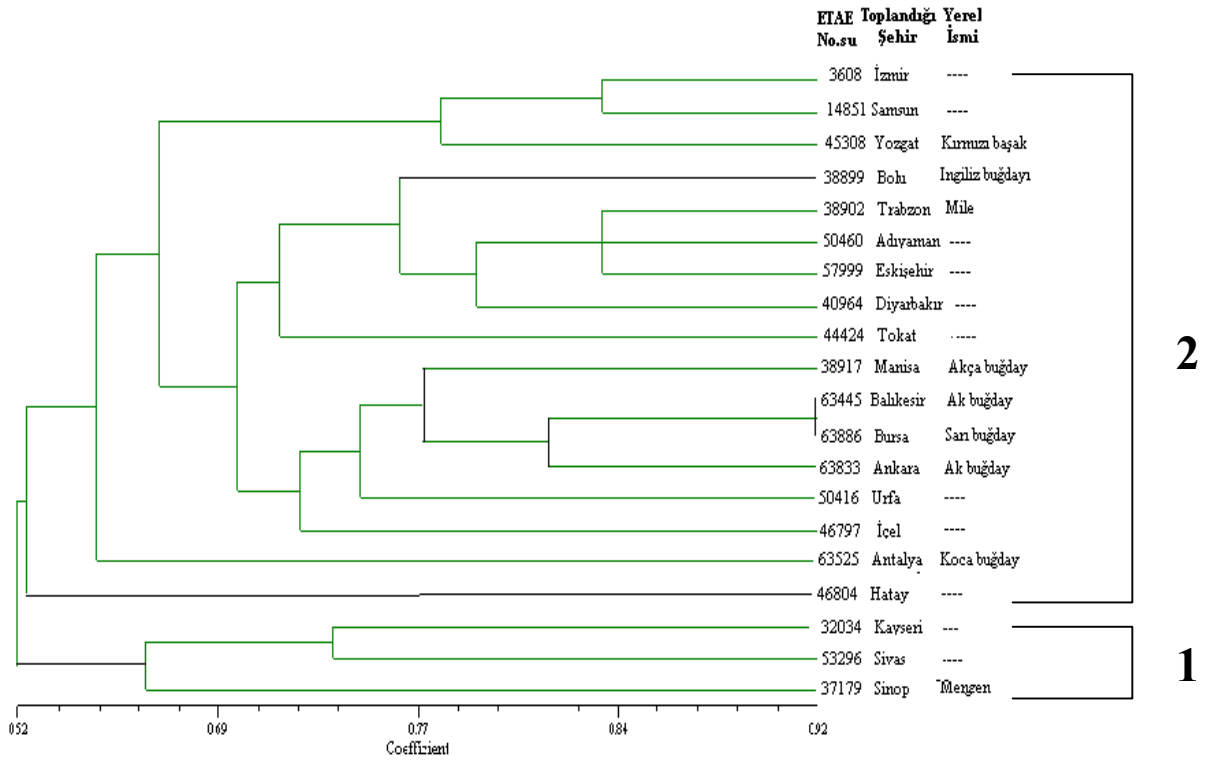
Mikrosatelit lokusu	Kromozom	Allel sayısı	Allel büyüklük aralığı (bp)	Opata ürün büyüklüğü (bp)
<i>Xgwm</i> 18	1B	7	180-210	189
<i>Xgwm</i> 95	2A	11	105-136	130
<i>Xgwm</i> 190	5D	8	205-235	220
<i>Xgwm</i> 261	2D	9	160-196	166
<i>Xgwm</i> 295	7D	11	195-250	235
<i>Xgwm</i> 325	6D	9	132-149	136
<i>Xgwm</i> 458	1D	8	103-129	114

Yedi primer kullanılarak 20 yerel ekmeklik buğday çeşidinden elde edilen polimorfik bantların oluşturduğu dendograma göre yerel çeşitler öncelikle iki ana gruba ayrılmıştır (Resim 4.8). 32034, 53296 ve 37179 yerel çeşitleri bir grubu oluştururken, kalan 17 çeşit (3608, 14851, 38899, 38902, 38917, 40964, 44424, 45308, 46797, 46804, 50416, 50460, 57999, 63445, 63525, 63833 ve 63886) diğer grubu oluşturmuştur.

Oluşan iki ana grupta kendi içinde iki alt gruba ayrılmıştır. Birinci ana grupta; 37179 ayrı bir alt grubu oluştururken, 32034 ve 53296 farklı bir alt grubu oluşturmuştur. İkinci ana grupta ise 46804 ayrı bir alt grupta bulunurken, diğer 16 çeşit başka bir alt grupta bulunmuştur. 16 çeşidin oluşturduğu alt grup da kendi arasında iki küçük alt gruba ayrılmıştır. Bu küçük alt grubun birinci bölümünü 63525 tek başına oluştururken, geriye kalan 15 çeşit alt grubun ikinci bölümünü oluşturmaktadır.

15 çeşidin oluşturduğu alt grup kendi arasında ikiye ayrılmıştır. Birinci grubu oluşturan 3608 ve 14851 bu grubun birinci kısmında yer alırken, 45308 ikinci kısmında yer almıştır. İkinci grup ise öncelikle iki büyük gruba daha sonrada kendi aralarında 4 alt gruba ayrılmıştır.

Dendograma göre 63445, 63886 ve 63833 çeşitlerinin birbirleri ile yakın akraba olduğu görülmektedir. Aynı şekilde 38902, 50460 ve 57999 çeşitleri de birbirleri ile yakın akrabadır. Bununla birlikte 32034 ile 53296 ve 3608 ile 14851 çeşitleri de yakın akrabadır. Genetik olarak birbirine en yakın akraba çeşitler 63445 ile 63886 olurken en uzak akraba çeşitler 37179 ile 3608 olmuştur.



Resim 4.8: Tüm primerler için yerel çeşitler arasındaki genetik ilişki dendogramı

Yapılan analizler sonucunda yerel çeşitler arasında oldukça fazla genetik farklılık saptanmıştır. Yerel çeşitlerin toplandığı bölgesel farklılığın, genetik farklılığa da yansıdığı görülmektedir. Bu durum farklı bölge çiftçilerinin seleksiyon kriterlerinin farklı olmasından kaynaklanmış olabilir. Ayrıca bölgelere ait farklı ekolojik koşullar, hastalık ve zararlı populasyonlarının benzer olmaması gibi etmenler de çeşitlerin genetik farklılığı üzerinde etkili olmuş olabilir. Örneğin bir bölgede külleme hastalığının varlığı o hastalığa dayanıklı çeşitlerin yaygınlaşması ile sonuçlanırken, hastalığın görülmediği bölgelerde bu yönde bir seleksiyon söz konusu değildir. Bununla birlikte gerek tüm primerlerin oluşturduğu dendograma gerekse her bir primerin ayrı ayrı oluşturduğu dendogramlara bakılacak olursa aynı bölgeden alınan çeşitlerin genetik olarak birbirleri ile akraba olduğu görülmektedir. Strelchenko et al. (2002), SSR markörlerini kullanarak yerel ekmeçlik buğday çeşitleri arasındaki genetik farklılığı inceledikleri çalışmada aynı coğrafik bölgeden orjinlenen çeşitlerin aynı gruba girdiğini saptamışlardır. Bunun yanında farklı

bölgelerden alınan çeşitlerin birbirleriyle yakın akraba oldukları veya aynı bölgeden alınan çeşitlerin birbirleriyle uzak akraba oldukları da görülmektedir. Bu durum yerel çeşitlerin genetik tabanının genişliğinin bir göstergesidir.

Ek 1’de her bir primer için ayrı ayrı verilen çizelgelere bakıldığında yerel çeşitlerin aksesyonlarında dahi genetik varyasyon görüldüğü dikkat çekmektedir. Primerlere ait allel sayıları ve dendogramlar da bu farklılığı açıkça göstermektedir. Bu durum yerel çeşitlerin homozigot genetik yapıya sahip olmalarına rağmen heterojen özellik göstermesinin en güzel örneğidir. Yerel bir çeşidin kendi içinde dahi genetik varyasyona sahip olması beklenmedik dış olaylara karşı yerel çeşitlere üstünlük sağlamaktadır (Allard and Bradshaw, 1964). Ülkemiz yerel çeşitler içinde görülen bu genetik varyasyon ile bitki genetik kaynakları bakımından dünyada eşsiz bir yere sahiptir (Zohary, 1970).

Elde edilen sonuçlara göre yerel ekmeklik buğday genotiplerinin tanımlama ve sınıflandırmalarının yapılabilmesi için SSR markörlerinin kullanılmasının oldukça yararlı ve kullanışlı olduğu saptanmıştır. Aynı şekilde McLauchlan et al. (2001) da yabani buğday akrabaları ve hexaploid buğdayda yaptıkları mikrosatelit analizinde, mikrosatelit markörlerinin buğday ebeveynleri arasında ve içinde genetik akrabalık ve farklılık miktarını hesaplamada çok yararlı araçlar olduğunu belirtmişlerdir. Yine birçok araştırmacı tarafından farklı materyallerle yapılan çalışmalarda da benzer sonuçlar elde edilmiştir (Struss and Plieske, 1998; Mahmood et al., 2004).

5. SONUÇ

Bu çalışma buğdayın daralan genetik varyasyonu sorununa çözüm olabilecek yerel çeşitlerin seçiminin kolaylaşması ve bu yerel çeşitler ile ileride yapılacak bazı ıslah çalışmaları için temel teşkil etmesi bakımından önemlidir.

Yerel çeşitlerin bitki ıslahı programlarında etkili bir şekilde kullanılması, öncelikle materyalde gerekli genetik varyasyonun varolup olmadığının belirlenmesine (Akkaya ve Büyükcinal, 2004), bu varyasyon içinden istenen genlerin bulunması ve ticari çeşitlere başarılı bir şekilde, kısa sürede ve nispeten düşük maliyetle aktarılmasına (Yıldırım ve ark., 2004 a) bağlıdır. Dolayısıyla bu çalışma bitki ıslahı programlarının temelini teşkil etmektedir. Daha sonra yapılacak olan belirli karakterlere yönelik gen taramaları bitki ıslahında kullanım imkanlarını artıracak ve gen aktarımlarında DNA markör destekli seleksiyona (MAS) olanak tanıyacaktır.

Ülkemizdeki gen kaynaklarının tanımlanıp, tescil edilmemiş olması, bunların korunmalarını zorlaştırmakta, yurtdışına götürülerek başka ülkeler adına tescil edilmeleri, Türkiye’de ıslah amaçlı kullanılmamaları bunların ekonomik faydaya dönüştürülmelerini engellemektedir (Kün ve ark., 2005). Dolayısıyla bu çalışma aynı zamanda, içinde önemli genleri barındırma ihtimali bulunan ve ülkemiz gen kaynaklarının buğday ıslahı açısından en önemlilerinden olan yerel çeşitlerimizin DNA parmak izlerinin belirlenmesi anlamına da gelmektedir. Bu çalışmanın devamında yapılacak olan belirli özelliklere ve genlere yönelik çalışmalar, elde edilen sonuçların buğday ıslahında kullanılma olanağını da sağlayacaktır.

6. KAYNAKLAR

- ADAMS, W.T., NEALE, D.B., and LOOPSTRA, C.A., 1988. Verifying controlled crosses in conifer tree-improvement programs. *Silvae Genet.*37: 147-152.
- AHMAD, M., 2002. Assessment of genomic diversity among wheat genotypes as determined by simple sequence repeats. *Genome* 45: 646-651.
- AKAR, T., 2002. Türkiye’de yetiştirilen yerel makarnalık buğday çeşitlerinde genetik farklılığın polimorfik DNA analizi ile belirlenmesi. Doktora Tezi. Ankara Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Ana Bilim Dalı.
- AKKAYA, M.S., BHAGWAT, A.A., and CREGAN, P.B., 1992. Length polymorphisms of simple sequence repeat DNA in soybean. *Genetics* 132: 1131-1139.
- AKKAYA, M.S., and BÜYÜKÜNAL, E.B., 2004. Assessment of genetic variation of bread wheat varieties using microsatellite markers. *Euphytica* 135: 179–185.
- ALAMEREW, S., CHEBOTAR, S., HUANG, X., RÖDER, M. S., and BÖRNER, A., 2004. Genetic diversity in Ethiopian hexaploid and tetraploid wheat germplasm assessed by microsatellite markers. *Genet. Resour. Crop Evol.* 51: 559–567.
- ALLARD, R.W., and BRADSHAW, A.D., 1964. Implications of genotype-environment interaction in applied plant breeding. *Crop Science.* 4: 503-508.
- ANONİM, 2004. www.tarim.gov.tr / Gıda Paneli.
- ARESHCHENKOVA, T., and GANAL, M.W., 1999. Long tomato microsatellites are predominantly associated with centromeric regions. *Genome* 42: 536–544.
- BARUTÇULAR, C., KOÇ, M., and GENÇ, İ., 1993. Bazı yerel ve ıslah edilmiş makarnalık buğday çeşitlerinde bayrak yaprak stoma direncinin tane dolum dönemindeki seyri. *Makarnalık Buğday ve Mamulleri Sempozyumu*, 30 Kasım- 3 Aralık, Ankara, 467-485.
- BELL, C.J., and ECKER, J.R., 1994. Assignment of 30 microsatellite loci to the linkage map of *Arabidopsis*. *Genomics* 19: 137-144.
- BEN AMER, I.M., BÖRNER, A., and RÖDER, M.S., 2001. Detection of genetic diversity in Libyan wheat genotypes using wheat microsatellite markers. *Gen. Res. Crop Evol.* 48: 579-585.
- BENNETT, M.D., and LEITCH, I.J., 1995. Nuclear DNA amounts in angiosperms. *Ann. Bot.* 76: 113–176.

- BOHN, M., UTZ, F.H., and MELCHINGER, A.E., 1999. Genetic similarities among winter wheat cultivars determined on the basis of RFLPs, AFLPs, and SSRs and their use for predicting progeny variance. *Crop Sci.* 39: 228-237.
- BOLSTEIN, D., WHITE, R.L., SKOLNICK, M., and DAVIS, R.W., 1980. Construction of a genetic linkage map in man using Restriction Fragment Length Polymorphism. *American Journal Human Genetics.* 32: 314-331.
- BÖRNER, A., CHEBOTAR, S., and KORZUN, V., 2000 a. Molecular characterization of the genetic integrity of wheat (*Triticum aestivum* L.) germplasm after long-term maintenance. *Theor. Appl. Genet.* 100: 494-497.
- BÖRNER, A., RÖDER, M.S., UNGER, O., and MEINEL, A., 2000 b. The Detection and molecular mapping of a major gene for non-specific adultplant disease resistance against stripe rust (*Puccinia striiformis*) in wheat. *Theor. Appl. Genet.* 100: 1095–1099.
- BRUFORD, M.W., and WAYNE, R.K., 1993. Microsatellites and their application to population genetic studies. *Curr. Opin. Genet. Develop.* 3: 939–943.
- BURKHAMER, R.L., LANNING, S.P., MARTENS, R.J., MARTIN, J.M., and TALBERT, L.E., 1998. Predicting progeny variance from parental divergence in hard red spring wheat. *Crop Sci.* 38: 243–248.
- CADALEN, T., BOEUF, C., BARNARD, S., and BERNARD, M., 1997. An intervarietal molecular marker map in *Triticum aestivum* L. Em. Thell. and comparison with a map from a wide cross. *Theor. Appl. Genet.* 94: 367-377.
- CHALMERS, K.J., CAMPBELL, A.W., KRETSCHMER, J., KARAKOUSIS, A., HENSCHKE, P., PIERENS, S., HARKER, N., PALOTTA, M., CORNISH, G.B., SHARIFLOU, M.R., RAMPLING, L.R., MCLAUCHLAN, A., DAGGARD, G., SHARP, P.J., HOLTON, T.A., SOUTHERLAND, M.W., APPELS, R., and LANGRIDGE, P., 2001. Construction of three linkage maps in bread wheat, *Triticum aestivum*. *Aust. J. Agric. Res.* 52: 1089-1119.
- CORDEIRO, G.M., TAYLOR, G.O., and HENRY, R.J., 2000. Characterisation of microsatellite markers from sugarcane (*Saccharum* sp.), a highly polyploid species. *Plant Sci.* 155: 161–168.
- CUADRADO, A., and SCHWARZACHER, T., 1998. The chromosomal organization of simple sequence repeats in wheat and rye genomes. *Chromosoma*, 107: 587-594.
- DALE, G., and CHAPARRO, J., 1996. Integration of molecular markers into tree-breeding and improvement programs. In: Dieters MJ, Matheson AC, Nikles DG, Harwood CE, Walker SM (eds) *Tree improvement for sustainable tropical forestry*. Proc QFRIIUFRO Conf, Caloundra, Australia. pp 472-477.

- DIRLEWANGER, E., COSSON, P., TAVAUD, M., ARANZANA, M.J., POIZAT, C., ZANETTO, A., ARUS, P., and LAIGRET, F., 2002. Development of microsatellite markers in peach [*Prunus persica* (L.) Batsch] and their use in genetic diversity analysis in peach and sweet cherry (*Prunus avium* L.). *Theor. Appl. Genet.* 105: 127–138.
- DIWAN, N., and CREGAN, P.B., 1997. Automated sizing of fluorescent-labelled simple sequence repeat (SSR) markers to assay genetic variation in soybean. *Theor. Appl. Genet.* 95: 723–733.
- DOĞRAR, N., AKIN-YALIN, S., and AKKAYA, M.S., 2000. Discriminating durum wheat cultivars using highly polymorphic simple sequence repeat DNA markers. *Plant Breed.* 119: 360–362.
- DREISIGACKER, S., ZHANG, P., GINKEL, M., WARBURTON, M., HOISINGTON, D., BOHN, M., and MELCHINGER, A.E., 2004. SSR and pedigree analyses of genetic diversity among CIMMYT wheat lines targeted to different mega-environments. *Crop Sci.* In press.
- EL-KASSABY, Y., 1982. Associations between allozyme genotypes and quantitative traits in Douglas fir (*Pseudotsuga menziesii* (Mirb.) Franco). *Genetics* 101: 103-115.
- FAHIMA, T., RÖDER, M.S., WENDEHAKE, K., KIRZHNER, V.M., and NEVO, E., 2002. Microsatellite polymorphism in natural populations of wild emmer wheat, *Triticum dicoccoides*, in Israel. *Theor. Appl. Genet.* 104: 17–29.
- FAO, 2005. www.fao.org. Data Base 2005.
- FELDMAN, M., and SEARS, E.R., 1981. The Wild gene resources of wheat. *Scientific American*, 244: 102-112.
- 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. *Theor. Appl. Genet.* 81: 381-389.
- GAO, L.F., JING, R.L., HUO, N.X., LI, Y., LI, X.P., ZHOU, R.H., CHANG, X.P., TANG, J.F., MA, Z.Y. and JIA, J.Z., 2004. One hundred and one new microsatellite loci derived from ESTs (EST-SSRs) in bread wheat. *Theor. Appl. Genet.* 108: 1392–1400.
- GARDINER, S.E., BASSETT, H.C.M., NOITON, D.A.M., BUS, V.G., HOFSTEE M.E., WHITE, A.G., BALL, R.D., FORSTER, R.L.S., and RIKKERINK E.H.A., 1996. A detailed linkage map around an apple scab resistance gene demonstrates that two disease resistance classes both carry the V_1 gene. *Theor. Appl. Genet.* 93: 485-493.

- GASTIER, J.M., PULIDO, J.C., SUNDEN, S., BRODY, T., BUETOW, K.H., MURRAY, J.C., WEBER, J.L., HUDSON, T.J., SHEFFIELD, V.C., and DUYK, G.M., 1995. Survey of trinucleotide repeats in the human genome: assessment of their utility as genetic markers. *Hum. Mol. Genet.* 4: 1829–1836.
- GOODMAN, J.S., 1997. R-St CALC-A collection of computer programs for calculating estimates of genetic differentiation from microsatellite data and determining their significance. *Mol. Ecol.*, 6: 881-885.
- GOYAL, A., BANDOPADHYAY, R., SOURDILLE, P., ENDO, T.R., BALYAN, H.S., and GUPTA, P.K., 2005. Physical molecular maps of wheat chromosomes. *Functional and Integrative Genomics.* 5: 260–263.
- GÖKGÖL, M., 1939. Türkiye Buğdayları, Tom II.. İstanbul.
- GRUNBERG, A.M., COSTA, J.M., and KRATOCHVIL, R.J., 2001. Amplified fragment length polymorphism in a selected sample of soft red winter wheat. *Cereal Res Commun* 29: 251–258.
- GUPTA, P.K., BALYAN, H.S., SHARMA, P.C., and RAMESH, B. 1996. Microsatellites in plants: a new class of molecular markers. *Curr. Sci.* 70: 45–54.
- GUPTA, P.K., BALYAN, H.S., EDWARDS, K.J., ISAAC, P., KORZUN, V., RÖDER, M., GAUTIER, M.F., JOUDRIER, P., SCHLATTER, A.R., DUBCOVSKY, J., DE LA PENA, R.C., KHAIRALLAH, M., PENNER, G., HAYDEN, M.J., SHARP, P., KELLER, B., WANG, R.C.C., HARDOUIN, J.P., JACK, P., and LEROY, P., 2002. Genetic mapping of 66 new microsatellite (SSR) loci in bread wheat. *Theor. Appl. Genet.* 105: 413–422.
- HAKKI, E.E., SAVAŞKAN, Ç., and AKKAYA, M.S., 2001. Genotyping of Anatolian doubled-haploid durum lines with SSR markers. *Euphytica* 122: 257-262.
- HAMADA, H., PETRINO, M.G., and KAKUNAGA, T., 1982. A novel repeated element with Z-DNA-forming potential is widely found evolutionary diverse eucaryotic genomes. *Proceedings of National Academy of Science, USA.* 79: 6465-6469.
- HAMMER, K., FILATENKO A.A., and KORZUN, V., 2000. Microsatellite markers: a new tool for distinguishing diploid wheat species. *Genet. Res. Crop Evol.* 47: 497–505.
- HARKER, N., RAMPLING, L., SHARIFLOU, M., HAYDEN, M., HOLTON, T.A., MORELL, M., SHARP, P.J., HENRY, R.J., and EDWARDS, K.J., 2001. Microsatellites as markers for Australian wheat improvement. *Aust. J. Agric. Res.* 52: 1121–1130.
- HARLAN, J.R., 1975. Our vanishing genetic resources. *Science (Washington, D.C.)* 188: 618-621.

- HART, G.E., 2001. Molecular-marker maps of the cultivated wheats and other *Triticum* species. DNA-Based Markers in Plants. Phillips, R.L. and Vasil, I.K. (eds), Second Edition, Kluwer Academic Publishers, London, pp. 421.
- HATIPOĞLU, R., 2002. Bitki Biyoteknolojisi. Ç.Ü.Z.F. Genel Yayın No: 190. Ders Kitapları Yayın No: A-58. ADANA.
- HAZEN, P.S., LEROY, P., and WARD, R., 2002. AFLP in *Triticum aestivum* L.: Patterns of diversity and genome distribution. *Euphytica* 125: 89–102.
- HERNÁNDEZ, P., LAURIE, D.A., MARTIN, A., and SNAPE, J.W., 2002. Utility of barley and wheat simple sequence repeat (SSR) markers for genetic analysis of *Hordeum chilense* and *tritordeum*. *Theor. Appl. Genet.* 104: 735–739.
- HUANG, X.Q., BÖRNER A., RÖDER, M.S., and GANAL, M.W., 2002. Assessing genetic diversity of wheat (*Triticum aestivum* L.) germplasm using microsatellite markers. *Theor. Appl. Genet.* 105: 699–707.
- JOSHI, C.P., and NGUYEN, H.T., 1993. RAPD (randomly amplified polymorphic DNA) analysis based intervarietal genetic relationships among hexaploid wheats. *Plant Sci.* 93: 95–103.
- KANDEMİR, N., YILDIRIM, A., and KLEINHOF, A., 2004. Analysis of a QTL for spike nodding trait on barley chromosome 7(5H) using near isogenic lines. *Cereal Research Communications*, 32 (2):209-215.
- KHLESTKINA, E.K., RÖDER, M.S., EFREMOVA, T.T., BÖRNER, A., and SHUMNY, V.K., 2004. The genetic diversity of old and modern Siberian varieties of common spring wheat as determined by microsatellite markers. *Plant Breed.* 123: 122-127.
- KIMBER, G., 1993. Genomic relationships in *Triticum* and the availability of alien germplasm. pp. 9-16. *In* Damania, A.B. (ed.) *Biodiversity and wheat improvement*, John Wiley & Sons, Chichester, UK.
- KORZUN, V., BÖRNER, A., WORLAND, A.J., LAW, C.N., and RÖDER, M.S., 1997. Application of microsatellite markers to distinguish intervarietal chromosome substitution lines of wheat (*Triticum aestivum* L.). *Euphytica* 95: 149–155.
- KORZUN, V., RÖDER, M.S., GANAL, M.W., WORLAND, A.J., and LAW, C.N., 1998. Genetic analysis of the dwarfing gene (*Rht8*) in wheat. Part I. Molecular mapping of the *Rht8* on the short arm of chromosome 2D of bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theor. Appl. Genet.* 96: 1104–1109.
- KULEUNG, C., BAENZIGER, P. S., and DWEIKAT, I., 2004. Transferability of SSR markers among wheat, rye, and Triticale. *Theor. Appl. Genet.* 108: 1147–1150.

- KÜN, E., ÇİFTÇİ, C.Y., BİRSİN, M., ÜLGER, A.C., KARAHAN, S., ZİNCİRCİ, N., ÖKTEM, A., GÜLER, M., YILMAZ, N., and ATAĞ, M., 2005. Tahıl ve Yemelik Dane Baklagiller Üretimi. Türkiye Ziraat Mühendisliği VI. Teknik Kongresi, 3-7 Ocak 2005, Ankara.1: 367-407.
- LAGERCANTZ, U., ELLENGREN, H., and ANDERSSON, L., 1993. The abundance of various polymorphic microsatellite motifs differs between plants and vertebrates. *Nucleic Acids Res.* 21: 1111-1115.
- LANDJEVAL, S., KORZUN, V., and GANEVA, G., 2006. Evaluation of genetic diversity among Bulgarian winter wheat (*Triticum aestivum* L.) varieties during the period 1925–2003 using microsatellites. *Genetic Resources and Crop Evolution* 00: 1–10.
- LI, Y.-C., KOROL, A.B., FAHIMA, T., BEILES, A., and NEVO, E., 2002. Microsatellites: genomic distribution, putative functions and mutational mechanisms: a review. *Molecular Ecology*, 11: 2453-2465.
- LUIKART, G., and ENGLAND, P.R., 1999. Statistical analysis of microsatellite DNA data. *Trends in Ecology & Evolution* 14: 253–256.
- MAHMOOD, A., BAENZIGER, P.S., BUDAK, H., GILL, K.S., and DWEIKAT, I., 2004. The use of microsatellite markers for the detection of genetic similarity among winter bread wheat lines for chromosome 3A. *Theor. Appl. Genet.* 109: 1494–1503.
- MANIFESTO, M.M., SCHLATTER, A.R., HOPP, H.E., SUÁREZ, E.Y., and DUBCOVSKY, J., 2001. Quantitative evaluation of genetic diversity in wheat germplasm using molecular markers. *Crop Sci.* 41: 682-690.
- MARIC, S., BOLARIC, S., MARTINICIC, J., PEJIC, I., and KOZUMPLIK, V., 2004. Genetic diversity of hexaploid wheat cultivars estimated by RAPD markers, morphological traits and coefficients of parentage. *Plant Breed.* 123: 366–369.
- MCLAUCHLAN, A., HENRY, R.J., ISAAC, P.G., and EDWARDS, K.J., 2001. Microsatellite analysis in cultivated hexaploid wheat and wild wheat relatives. CAB International. *Plant Genotypis: DNA Fingerprinting of Plants*, Chapter,10.
- MELCHINGER, A.E., 1999. Genetic diversity and heterosis. p. 99–118. *In* J.G. Coors and S. Pandey (eds.) *The Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops*. CSSA, Madison, WI.
- MELCHINGER, A.E., 2004. Genetic diversity in elite lines and landraces of CIMMYT spring bread wheat and hybrid performance of crosses among elite germplasm.
- MESSMER, M. M., KELLER, M., ZANETTI, S., and KELLER, B., 1999. Genetic linkage map of a wheat x spelt cross. *Theor. Appl. Genet.* 98: 1163-1170.

- MILBOURNE, D., RUSSELL, J., and WAUGH, R., 1998. Comparison of molecular marker assays in inbreeding (barley) and outbreeding (potato) species. In: *Molecular Tools for Screening Biodiversity*. Chapman and Hall, London.
- NACHIT, M., ELOUAFI, I., PAGNOTTA, M.A., EL SALEH, A., IACONO, E., LABHILILI, M., ASBATI, A., AZRAK, M., HAZZAM, H., BENSCHER, D., KHAIRALLAH, M., RIBAUT, J., TANZARELLA, O.A., PORCEDDU, E. and SORRELLS, M.E. 2001. Molecular linkage map for an intraspecific recombinant inbred population of durum wheat (*Triticum turgidum* L. var. *durum*). *Theor. Appl. Genet.* 102: 177–186.
- NAGAOKA, T., and OGHIHARA, Y., 1997. Applicability of inter-simple sequence repeat polymorphisms in wheat for use as DNA markers in comparison to RFLP and RAPD markers. *Theor. Appl. Genet.* 94: 597–602.
- NEALE, D.B., DEVEY, M.E., JERMSTAD, K.D., AHUJA, M.R., ALOSI, M.C., and MARSHALL, K.A., 1992. Use of DNA markers in forest tree improvement research. *New For* 6: 391-407.
- OVESNÁ, J., POLÁKOVÁ, K., and LEIŠOVÁ, L., 2002. DNA analyses and their Applications in Plant Breeding. *Czech J. Genet. Plant Breed.* 38 (1): 29–40.
- PAILLARD, S., SCHNURBUSCH, T., WINZELER, M., MESSMER, M., SOURDILLE, P., ABDERHALDEN, O., KELLER, B., and SCHACHERMAYR, G., 2003. An integrative genetic linkage map of winter wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theor. Appl. Genet.* 107: 1235–1242.
- PARKER, G.D., CHALMERS, K.J., RATHJEN, A.J., and LANGRIDGE, P., 1998. Mapping loci associated with flour colour in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theor. Appl. Genet.* 97: 238–245.
- PARKER, G.D., FOX, P. N., LANGRIDGE, P., CHALMERS, K., WHAN, B., and GANTER, P., 2002. Genetic diversity within Australian wheat breeding programs based on molecular and pedigree data. *Euphytica* 124: 293-306.
- PAULL, J.G., CHALMERS, K.J., KARAKOUSIS, A., KRETSCHMER, J.M., MANNING, S., and LANGRIDGE, P., 1998. Genetic diversity in Australian wheat varieties and breeding material based on RFLP data. *Theor. Appl. Genet.* 96: 435–446.
- PEAKALL, R., GILMORE, S., KEYS, W., MORGANTE, M., and RAFASKE, A., 1998. Cross-species amplification of soybean (*Glycine max*) simple sequence repeat (SSRs) within the genus and other legume genera: implication for the transferability of SSRs in plants. *Mol. Biol. Evol.* 15: 1275–1287.

- PESTSOVA, E., GANAL, M.W., and RÖDER, M.S., 2000 a. Isolation and mapping of microsatellite markers specific for the D genome of bread wheat. *Genome* 43: 689–697.
- PESTSOVA, E., SALINA, E., BÖRNER, A., KORZUN, V., MAYSTRENKO, O.I., and RÖDER, M.S., 2000 b. Microsatellites confirm the authenticity of inter-varietal chromosome substitution lines of wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theor. Appl. Genet.* 101: 95–99.
- PESTSOVA, E., KORZUN, V., GONCHAROV, N.P., HAMMER, K., GANAL, M.W., and RÖDER, M.S., 2000 c. Microsatellite analysis of *Aegilops tauschii* germplasm. *Theor. Appl. Genet.* 101: 100–106.
- PLASCHKE, J., GANAL, M.W., and RÖDER, M.S., 1995. Detection of genetic diversity and in closely related bread wheat using microsatellite markers. *Theor. Appl. Genet.* 91: 1001-1007.
- POEHLMAN, J.M., 1987. *Breeding field crops 3rd edition*. AVI, Westport, Connecticut.
- RAMSAY, L., MACAULAY, M., IVANISSEVICH, S.D., MACLEAN, K., CARDLE, L., and FULLER J., 2000. A simple sequence repeat-based linkagemap of barley. *Genetics* 156: 1997–2005.
- REIF, J.C., ZHANG, P., DREISIGACKER, S., WARBURTON, M.L., M. VAN GINKEL, HOISINGTON, D., BOHN, M., and MELCHINGER, A.E., 2004. Wheat genetic diversity trends during domestication and breeding. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. In review.
- RODGERS, D.M., MURPHY, J.M., and FREY, K.J., 1983. Impact of Plant breeding on the grain yield and genetic diversity of spring oats. *Crop Sci.* 23: 737-740.
- ROHLF, F.J., 1992. *NTSYS-pc Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System*, version 1.70. Exeter Publications, New York.
- ROUSSEL, V., LEISOVA, L., EXBRAYAT, F., STEHNO, Z., and BALFOURIER, F., 2005. SSR allelic diversity changes in released from 1840 to 2000. *Theor. Appl. Genet.* 111: 162–170.
- RÖDER, M.S., PLASCHKE, P., KÖNIG, S.U., BÖRNER, A., SORRELLS, M.E., TANKSLEY, S.D., and GANAL, M.W., 1995. Abundance, variability and chromosomal location of microsatellites in wheat. *Mol. Gen. Genet.* 246: 327-333.
- RÖDER, M.S., KORZUN, V., WENDEHAKE, K., PLASCHKE, J., TIXIER, M.H., LEROY, P., and GANAL, M.W., 1998 b. A microsatellite map of wheat. *Genetics.* 149: 2007–2023.

- RÖDER, M., WENDEHAKE, K., KORZUN, V., BREDEMEIJER, G., LABORIE, D., BERTRAND, B., ISAAC, P., RENDEL, S., JACKSON, J., COOKE, R.J., VOSMAN, B., and GANAL, M.W., 2002. Construction and analysis of a microsatellite-based database of European wheat varieties. *Theor. Appl. Genet.* 106: 67-73.
- RUSSELL, J.R., ELLIS, R.P., THOMAS, W.T.B., WAUGH, R., PROVAN, J., BOOTH, A., FULLER, J., LAWRENCE, P., YOUNG, G., and POWELL, W., 2000. A retrospective analysis of spring barley germplasm Development from “foundation genotypes” to currently successful cultivars. *Mol. Breed.* 6: 553–568.
- SAAL, B., and WRICKE, G., 1999. Development of simple sequence repeat markers in rye (*Secale cereale* L.). *Genome* 42: 964–972.
- SHAROPOVA, N., MCMULLEN, M.D., and SCHULTZ, L., 2002. Development and mapping of SSR markers for maize. *Plant Mol. Biol.* 48: 463–481.
- SHEFFIELD, V.C., WEBER, J.L., BUETOW, K.H., MURRAY, J.C., EVEN, D.A., WILES, K., GASTIER, J.M., PULIDO, J.C., YANDAVA, C., SUNDEN, S., MATTES, G., BUSINGA, T., MCCLAIN, A., BECK, J., SCHERPIER, T., GILLIAM, J., ZHONG, J., and DUYK, G.M., 1995. A collection of tri- and tetra-nucleotide repeat markers used to generate a high quality, high resolution human genome-wide linkage map. *Hum. Mol. Genet.* 4: 1837–1844.
- SKOVMAND, B., BERTSCHINGER, L., and ROBINSON, J., 1994. Quantifying heterogeneity for reactions to the Russian wheat aphid in accessions of Turkish hexaploid wheat landraces previously identified as resistant. p. 139–142. *In Proc. of the Russian Wheat Aphid Workshop*, 6, Fort Collins, CO. 23–25 Jan. 1994.
- SKOVMAND, B., REYNOLDS, M.P., and DELACY, I.H., 2001. Mining wheat germplasm collections for yield enhancing traits. *Euphytica* 119: 25–32.
- SMITH, D.B., and FLAVELL, R.B., 1975. Characterisation of the wheat genome by renaturation kinetics. *Chromosome*, 50: 223–242.
- SOMERS, D.J., ISAAC, P., and EDWARDS, K., 2004. A high-density microsatellite consensus map for bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theor. Appl. Genet.* 109: 1105–1114.
- SONG, Q.J., FICKUS, E.W., and CREGAN, P.B., 2002. Characterization of trinucleotide SSR motifs in wheat. *Theor. Appl. Genet.* 104: 286–293.
- SONG, Q.J., MAREK, L.F., SHOEMAKER, R.C., LARK, K.G., SPECHT, J.E., CONCIBIDO, V.C., DELANNAY, X., and CREGAN, P.B., 2004. A new integrated genetic linkage map of the soybean. *Theor. Appl. Genet.* 109: 122– 128.

- SOURDILLE, P., TAVAUD, M., CHARMET, G., and BERNARD, M., 2001. Transferability of wheat microsatellites to diploid Triticeae species carrying the A, B and D genomes. *Theor. Appl. Genet.* 103: 346–352.
- STACHEL, M., LELLEY, T., GRAUSGRUBER, H., and VOLLMANN, J., 2000. Application of microsatellites in wheat (*Triticum aestivum* L.) for studying genetic differentiation caused by selection for adaptation and use. *Theor. Appl. Genet.* 100: 242–248.
- STEPHENSON, P., GLENN, B., KIRBY, J., COLLINS, A., DEVOS, K., BUSSO, C., and GALE, M., 1998. Fifty new microsatellite loci for the wheat genetic map. *Theor. Appl. Genet.* 97: 946–949.
- STRELCHENKO, P., KENNETH, S., MITROFANOVA, O., MACHAY, M., and BALFOURIER, F., 2002. Genetic diversity among hexaploid wheat landraces with different geographical origins revealed by microsatellites: Comparison with AFLP and RAPD.
- STRELCHENKO, P., STREET, K., MITROFANOVA, O., MACKAY, M., and BALFOURIER, F., 2004. Genetic diversity among hexaploid wheat landraces with different geographical origins revealed by microsatellites: Comparison with AFLP, and RAPD data. International Crop Science Congress Brisbane, Australia, 26 Sep–1 Oct 2004.
- STRUSS, D., and PLIESKE, J., 1998. The use of microsatellite markers for detection of genetic diversity in barley populations. *Theor. Appl. Genet.* 97: 308–315.
- ŞEHİRALİ, S., ve ÖZGEN, M., 1987. Bitki Genetik Kaynakları. Ankara Üniv. Ziraat Fak. Yayınları No: 1020. Ders Kitabı: 294.
- TANKSLEY, S.D., and MCCOUCH, S.R., 1997. Seed banks and molecular maps: unlocking genetic potential from the wild. *Science* 277: 1063–1066.
- TAUTZ, D., and RENZ, M., 1984. Simple sequences are ubiquitous repetitive components of eukaryotic genomes. *Nucleic Acids Res.* 12: 4127–4138.
- TEMNYKH, S., DECLERCK, G., LUKASHOVA, A., LIPOVICH L., CARTINHOOR, S., and MCCOUCH, S.R., 2001. Computational and experimental analysis of microsatellites in rice (*Oryza sativa* L.): frequency, length variation, transposon associations, and genetic marker potential. *Genome Research* 11: 1441–1452.
- VARSHNEY, R.K., PRASAD, M., ROY, J.K., RÖDER, M.S., BALYAN, H.S., and GUPTA, P.K., 2001. Integrated physical maps of 2DL, 6BS and 7DL, carrying loci for grain protein content and pre-harvest sprouting tolerance in bread wheat. *Cereal Res. Commun.* 29: 33–40.

- VAVILOV, N. I., 1926. Studies on the origin of cultivated plants. Bull. Appl. Bot. 26: 1-248.
- VAVILOV, N.I., 1951. The origin, variation, immunity, breeding of cultivated plant. Chron. Bot. 13: 1-364.
- VIRK, P.S., POONI, H.S., SYED, N.H., and KEARSEY, M.J., 1999. Fast and reliable genotype validation using microsatellite markers in *Arabidopsis thaliana*. Theor. Appl. Genet. 98: 462-464.
- VOS, P., HOGERS, M., BLEEKER, M., REIJANS, M., LEE, T., HORNES, M., FRIJTERS, A., POT, J., PELEMEN, J., KUIPER, M., and ZABEAU, M., 1995. AFLP: A new technique for DNA Fingerprinting. Nucleic Acid Research. 23: 4407-4414.
- WANG, Z., WEBER, J.L., ZHONG, G., and TANKSLEY, S.D., 1994. Survey of plant short tandem DNA repeats. Theor. Appl. Genet. 88: 1-6.
- WELSH, J., and McCLELLAND, M., 1990. Fingerprinting genomes using PCR with arbitrary primers. Nucleic Acids Research. 18: 7313-7318.
- WORLAND, A.J., SAYERS, E.J., and KORZUN, V., 2001. Allelic variation at the dwarfing gene Rht8 locus and its significance in international breeding programmes. Euphytica 119: 155-159.
- WU, K.S., and TANKSLEY, S.D., 1993. Abundance, polymorphisms and genetic mapping of microsatellites in rice. Mol. Gen. Genet. 241: 225-235.
- YILDIRIM, A., and KANDEMİR, N., 2001. Genetik markörler ve analiz metotları. Bitki Biyoteknolojisi. Cilt 2. Bitki Genetik Mühendisliği ve Uygulamaları. Editörler: S. Özcan, E. Gürel ve M. Babaoğlu. 23: 334-363. Selçuk Üniversitesi Vakıf Yayınları, KONYA.
- YILDIRIM, A., KARADAĞ, Y., SAKİN, M.A., GÖKMEN, S., KANDEMİR, N., AKKAYA, M.S., and YILDIRIM, F., 2004 a. Transfer of stripe rust resistance gene *Yr26* to Turkish wheats using microsatellite markers. Cereal Research Communications, 32 (1): 25-30.
- YILDIRIM, A., SAKİN, M.A., KARADAĞ, Y., GÖKMEN, S., KANDEMİR, N., AKKAYA, M.S., and YILDIRIM, F., 2004 b. Genetic markers mediated transfer of an alien gene, *Pm21*, into wheat conferring resistance to powdery mildew. Biotechnol. & Biotechnol. Eq., 18 (2): 15-19.
- YILDIRIM, A., 2005. Molecular marker facilitated pyramiding of resistance genes for fungal diseases of wheat. Workshop on Genomics and Marker Assisted Selection (MAS) in Plant Breeding 3-7 Ekim 2005, İzmir, (Sunulu Bildiri).

- YU, J.K., TANG, S., SLABAUGH, M.B., HEESACKER, A., COLE, G., HERRING, M., SOPER, J., HAN, F., CHU, W.C., WEBB, D.M., THOMPSON, L., EDWARDS, K.J, BERRY, S., LEON, A.J., GRONDONA, M., OLUNGU, C., MAES, N., and KNAPP, S.J., 2003. Towards a saturated molecular genetic linkage map for cultivated sunflower. *Crop Sci.* 43: 367–387.
- ZENCİRCİ, N., AKTAN, B., and ATLI, A., 1994. Genetic relationships of Turkish durum wheat cultivars. *Doga-Turkish, Journal of Agricultural and Forestry.* 18: 187-192.
- ZHUKOVSKY, P.M., 1933. *La Turquie agricole.* Selkhozgiz.Leningrad.
- ZOHARY, D., 1970. Centers of diversity and centers of origin. In: Frankel OH, Bonnet E (eds) *Genetic resources in plants – their exploration and conservation.* Blackwell, Oxford, pp 33–42.

Ek 1: Primerlerden elde edilen bant büyüklükleri**Çizelge 1:** *Xgwm* 190'dan elde edilen bant büyüklükleri

YEREL ÇEŞİTLER	ÖRNEKLER									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	225	225	220	220	220	220	220	220	210	210
2	220	220	220	220	220	220	220	220	220	220
3	220	220	220	210	210	218	218	218	218	220
4	235	235	235	235	235	230	235	235	230	230
5	220	220	220	220	220	220	218	218	218	218
6	215	218	218	218	220	220	225	225	220	220
7	230	230	220	225	220	230	225	215	220	215
8	215	215	215	210	210	210	210	210	210	210
9	230	230	230	225	225	225	225	220	220	220
10	205	205	210	210	205	205	205	205	205	210
11	218	218	218	218	218	218	218	218	218	215
12	215	218	220	220	220	220	220	220	220	220
13	215	215	215	215	215	215	215	215	215	215
14	220	220	220	220	215	218	220	220	220	220
15	230	230	230	235	230	225	230	230	230	225
16	218	218	220	220	220	220	220	220	220	225
17	215	215	215	215	215	210	210	210	210	210
18	220	220	220	220	215	215	215	215	215	215
19	215	220	220	220	215	220	225	225	215	220
20	210	210	210	215	210	210	215	215	215	215

Çizelge 3: *Xgwm* 18'den elde edilen bant büyüklükleri

YEREL ÇEŞİTLER	ÖRNEKLER									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	190	190	195	195	195	195	195	195	195	195
2	205	190	190	195	195	195	200	200	205	205
3	195	190	190	190	190	190	190	190	190	190
4	190	180	190	185	185	185	180	185	180	180
5	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----
6	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----
7	200	200	205	205	195	195	205	200	205	200
8	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----
9	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----
10	195	195	195	195	190	190	190	195	195	195
11	195	195	195	190	190	190	190	190	190	190
12	180	180	180	180	180	185	185	185	185	185
13	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----
14	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----
15	195	195	195	195	195	195	195	195	195	195
16	195	195	195	195	195	195	195	195	195	195
17	200	200	200	195	190	190	190	190	190	190
18	200	200	200	205	205	205	205	210	210	210
19	190	190	190	190	190	190	190	190	190	190
20	200	200	200	195	195	190	195	190	190	190

Çizelge 6: *Xgwm* 95'den elde edilen bant büyüklükleri

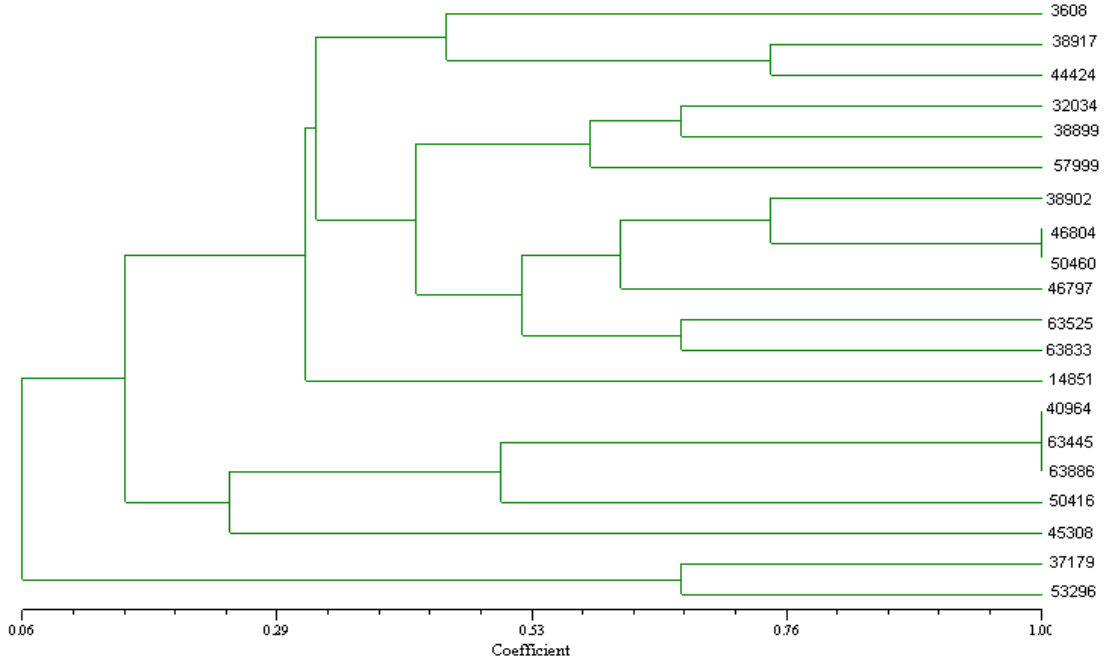
YEREL ÇEŞİTLER	ÖRNEKLER									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	127	127	127	127	127	127	127	127	124	124
2	127	127	124	121	121	121	121	124	124	127
3	117	111	111	111	111	111	111	111	105	111
4	105	105	105	105	105	111	117	111	111	117
5	117	111	111	111	111	111	111	111	111	111
6	136	136	136	136	136	136	136	136	136	136
7	134	134	134	134	134	134	134	134	134	134
8	131	131	124	124	124	127	127	127	127	131
9	127	127	127	127	127	127	127	127	131	127
10	127	127	121	121	121	127	121	121	121	118
11	127	127	127	134	124	134	124	124	134	134
12	117	117	127	117	117	127	124	124	124	134
13	129	129	129	129	129	129	129	129	129	129
14	131	131	131	131	134	134	134	131	134	134
15	131	131	131	131	131	131	131	131	131	131
16	129	129	134	134	134	134	134	134	134	134
17	131	134	134	131	131	131	131	131	134	134
18	131	131	131	134	134	134	134	134	134	134
19	131	131	131	129	129	129	129	129	129	129
20	129	129	129	129	129	129	129	131	131	134

Çizelge 7: *Xgwm* 295'den elde edilen bant büyüklükleri

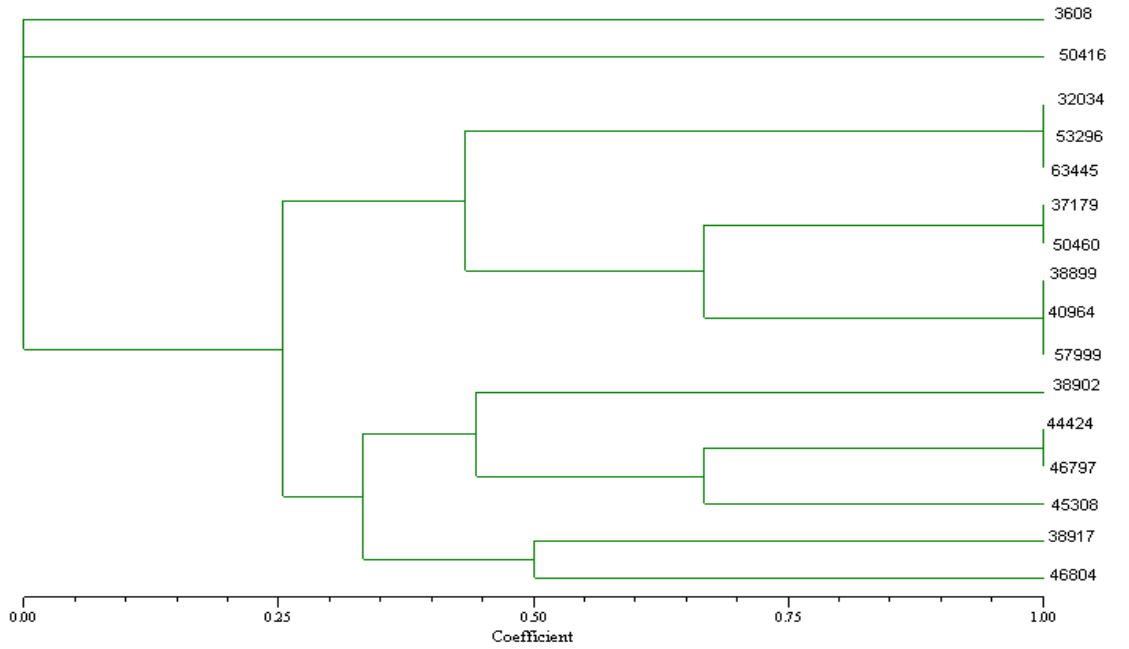
ÖRNEKLER										
----------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--

YEREL ÇEŞİTLER	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	210	210	210	210	210	210	210	210	205	205
2	230	226	226	226	226	226	226	226	226	230
3	236	236	241	241	241	241	241	241	241	241
4	236	236	236	236	236	236	236	236	236	236
5	241	241	241	241	241	245	241	241	250	241
6	226	226	226	226	226	226	226	226	226	226
7	236	236	236	236	236	236	236	236	236	236
8	236	236	236	236	236	236	236	236	236	236
9	241	236	236	236	236	236	236	236	236	241
10	210	210	205	205	205	205	205	205	205	195
11	233	233	233	236	230	236	230	230	236	236
12	223	223	236	226	226	236	230	230	230	241
13	233	233	233	233	233	233	233	233	233	233
14	236	236	236	236	236	236	236	236	236	236
15	236	236	236	236	236	236	236	236	236	236
16	236	236	233	233	236	236	236	236	236	233
17	230	233	233	230	230	230	230	230	233	233
18	233	233	233	233	236	236	236	236	236	236
19	233	233	233	230	230	230	230	230	230	230
20	230	230	230	230	230	230	230	230	233	233

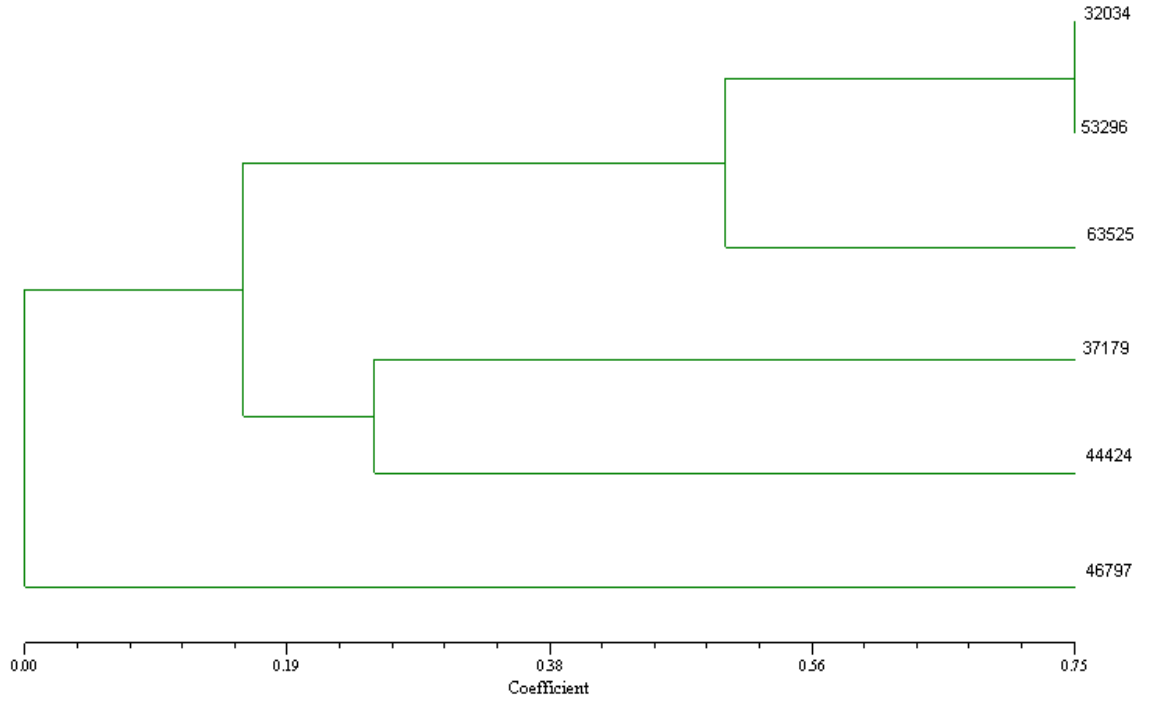
Ek 2: Her primer için yerel çeşitler arasındaki ilişkiyi gösteren dendogram



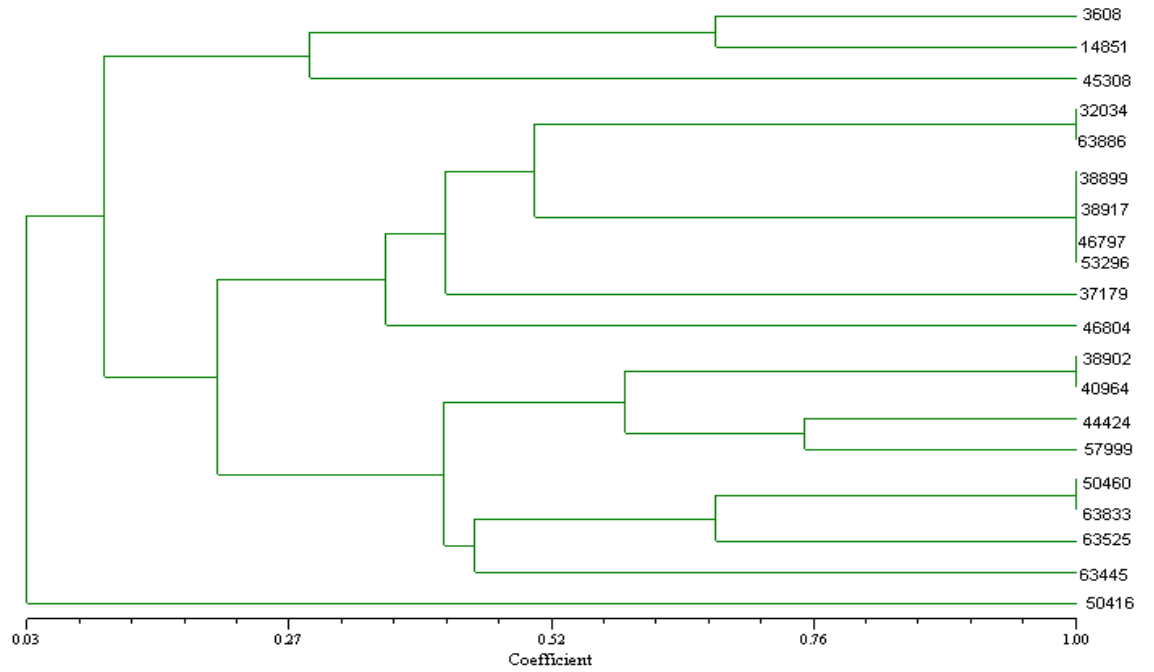
Resim 1: *Xgwm* 190 primeri için yerel çeşitler arasındaki ilişkiyi gösteren dendogram



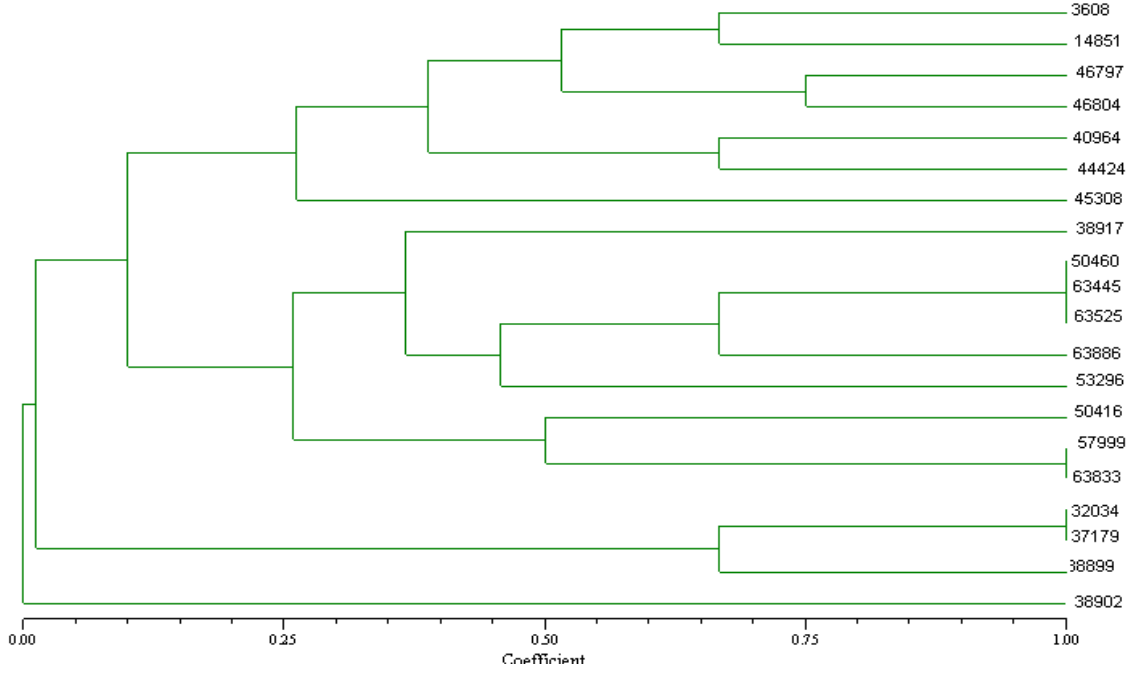
Resim 2: *Xgwm* 325 primeri için yerel çeşitler arasındaki ilişkiyi gösteren dendogram



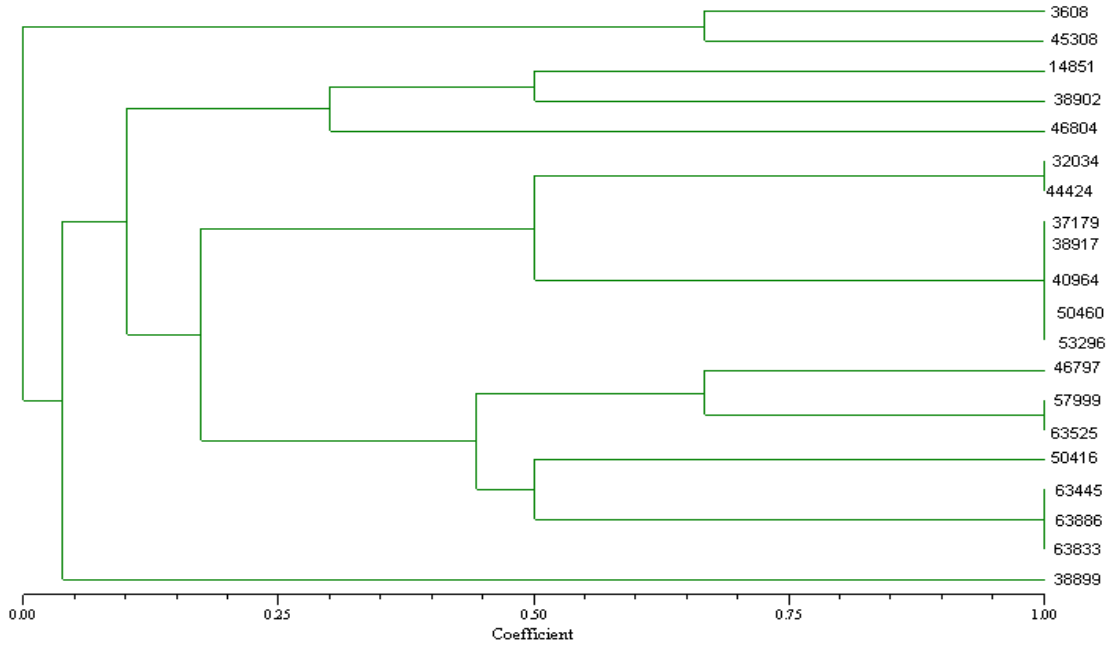
Resim 3: *Xgwm* 261 primeri için yerel çeşitler arasındaki ilişkiyi gösteren dendrogram



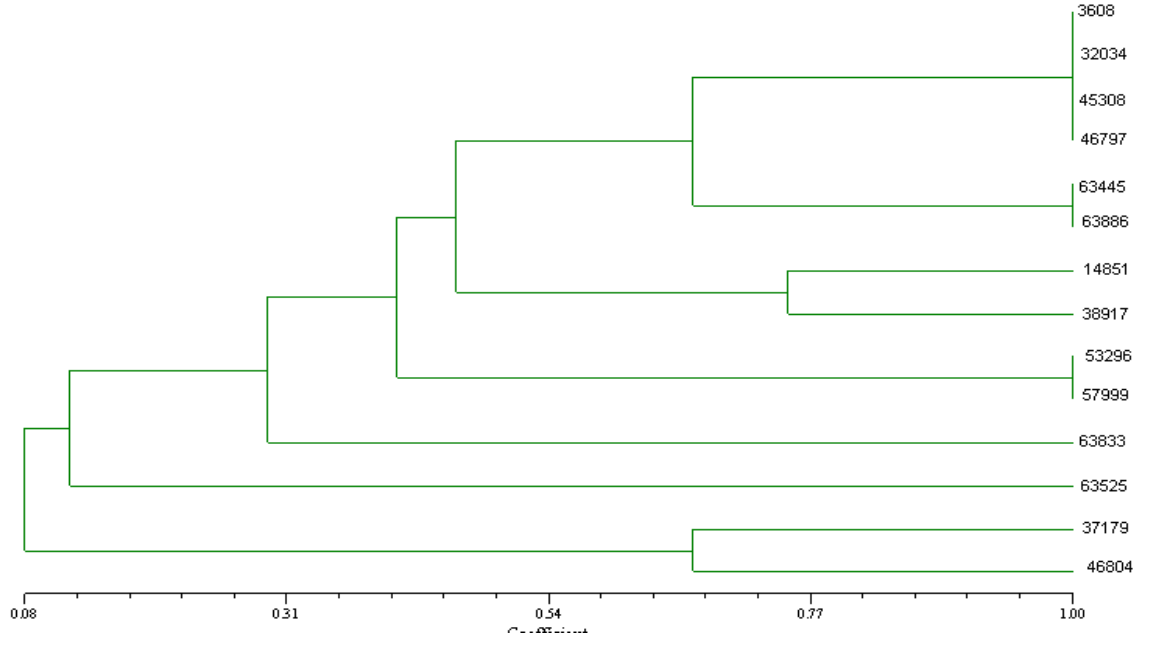
Resim 4: *Xgwm* 458 primeri için yerel çeşitler arasındaki ilişkiyi gösteren dendrogram



Resim 5: *Xgwm 95* primeri için yerel çeşitler arasındaki ilişkiyi gösteren dendrogram



Resim 6: *Xgwm 295* primeri için yerel çeşitler arasındaki ilişkiyi gösteren dendrogram



Resim 7: *Xgwm* 18 primeri için yerel çeşitler arasındaki ilişkiyi gösteren dendrogram

Matrix: G:\PEZIMM-1\DENDOG-1.NTS
Type: Symmetric (similarity)
With 20 rows and 20 columns

1 1.000000000000000000E+00 6.36734693877551020E-001 6.12244897959184E-001 4.48979591836735E-001 5.91836734693878E-001 6.93877551020408E-001 6.734693877551020E-001
2 8.36734693877551020E-001 1.0000000000000000E+00 5.714285714285714E-001 4.89795918367347E-001 5.91836734693878E-001 6.93877551020408E-001 6.12244897959184E-001
3 6.12244897959184E-001 5.714285714285714E-001 1.0000000000000000E+00 6.32653061224490E-001 7.34693877551020E-001 6.93877551020408E-001 6.12244897959184E-001
4 4.489795918367347E-001 4.89795918367347E-001 6.32653061224490E-001 1.0000000000000000E+00 5.91836734693878E-001 6.93877551020408E-001 6.12244897959184E-001
5 5.91836734693878E-001 5.91836734693878E-001 6.93877551020408E-001 5.91836734693878E-001 1.0000000000000000E+00 5.91836734693878E-001 6.93877551020408E-001
6 6.93877551020408E-001 6.93877551020408E-001 6.93877551020408E-001 6.93877551020408E-001 5.91836734693878E-001 1.0000000000000000E+00 6.93877551020408E-001
7 6.734693877551020E-001 7.14285714285714E-001 6.12244897959184E-001 6.12244897959184E-001 7.14285714285714E-001 8.163265306122449E-001 7.34693877551020E-001
8 7.14285714285714E-001 6.734693877551020E-001 6.12244897959184E-001 6.12244897959184E-001 7.14285714285714E-001 8.163265306122449E-001 7.34693877551020E-001
9 6.12244897959184E-001 6.53061224489796E-001 5.51020408163265E-001 5.51020408163265E-001 5.51020408163265E-001 7.14285714285714E-001 6.93877551020408E-001
10 7.755102040816326E-001 7.755102040816326E-001 7.755102040816326E-001 6.32653061224490E-001 5.51020408163265E-001 7.14285714285714E-001 6.93877551020408E-001
11 5.91836734693878E-001 6.12244897959184E-001 5.51020408163265E-001 6.32653061224490E-001 5.51020408163265E-001 7.14285714285714E-001 6.93877551020408E-001
12 4.89795918367347E-001 6.12244897959184E-001 6.32653061224490E-001 6.32653061224490E-001 5.91836734693878E-001 6.93877551020408E-001 6.12244897959184E-001
13 6.32653061224490E-001 6.32653061224490E-001 5.71428571428571E-001 5.71428571428571E-001 6.734693877551020E-001 7.34693877551020E-001 7.34693877551020E-001
14 5.71428571428571E-001 6.12244897959184E-001 6.12244897959184E-001 6.32653061224490E-001 6.93877551020408E-001 6.734693877551020E-001 7.34693877551020E-001
15 5.91836734693878E-001 5.91836734693878E-001 6.32653061224490E-001 6.93877551020408E-001 6.93877551020408E-001 6.93877551020408E-001 6.93877551020408E-001
16 6.53061224489796E-001 6.53061224489796E-001 6.53061224489796E-001 6.32653061224490E-001 6.734693877551020E-001 7.34693877551020E-001 7.34693877551020E-001
17 6.53061224489796E-001 6.93877551020408E-001 6.93877551020408E-001 6.93877551020408E-001 6.53061224489796E-001 6.53061224489796E-001 6.53061224489796E-001
18 5.51020408163265E-001 5.91836734693878E-001 6.12244897959184E-001 6.12244897959184E-001 5.51020408163265E-001 6.12244897959184E-001 6.12244897959184E-001
19 6.734693877551020E-001 7.14285714285714E-001 5.71428571428571E-001 5.71428571428571E-001 6.12244897959184E-001 6.12244897959184E-001 6.12244897959184E-001
20 6.53061224489796E-001 6.93877551020408E-001 6.32653061224490E-001 6.32653061224490E-001 6.53061224489796E-001 6.53061224489796E-001 6.53061224489796E-001

Ek 3: Tüm primelerin NTSYSpC 2.11 programından elde edilen genetik benzerlik ve uzaklık matrisi

Matrix: G:\FEZIMM~1\WMS261~1.NTS
Type: Symmetric (similarity)
With 6 rows and 6 columns

```
3 3 4 9 11 15 18
3 1.000000000000000E+000 1.66666666666667E-001 2.000000000000000E-001 0.000000000000000E+000 7.500000000000000E-001 6.000000000000000E-001
4 1.66666666666667E-001 1.000000000000000E+000 2.500000000000000E-001 0.000000000000000E+000 2.000000000000000E-001 1.66666666666667E-001
9 2.000000000000000E-001 2.500000000000000E-001 1.000000000000000E+000 0.000000000000000E+000 0.000000000000000E-001 2.000000000000000E-001
11 0.000000000000000E+000 0.000000000000000E+000 0.000000000000000E+000 1.000000000000000E+000 0.000000000000000E+000 0.000000000000000E+000
15 7.500000000000000E-001 2.000000000000000E-001 0.000000000000000E+000 0.000000000000000E+000 1.000000000000000E+000 4.000000000000000E-001
18 6.000000000000000E-001 1.66666666666667E-001 2.000000000000000E-001 0.000000000000000E+000 4.000000000000000E-001 1.000000000000000E+000
```

ÖZGEÇMİŞ

1981 yılında Tokat'ta doğdu. İlkokul, ortaokul ve lise eğitimini Tokat'ta tamamladı. 1999 yılında girdiği Gaziosmanpaşa Üniversitesi Meslek Yüksekokulu Seracılık Programını 2001 yılında ikincilikle; 2001 yılında girdiği Gaziosmanpaşa Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölümü'nü 2004 yılında birincilikle tamamladı. 2005 yılında Gaziosmanpaşa Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümü'nde yüksek lisansa başladı.