



**TÜRKİYE’İN FARKLI BÖLGELERİNDEN
TOPLANMIŞ YEREL BUĞDAY GENOTİPLERİNİN
MORFOLOJİK ve MOLEKÜLER
KARAKTERİZASYONU**

Fatih DEMİREL
Doktora Tezi

TARLA BİTKİLERİ ANABİLİM DALI
Danışman: Prof. Dr. Bünyamin YILDIRIM
2018

**T.C.
IĞDIR ÜNİVERSİTESİ**

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

DOKTORA TEZİ

**TÜRKİYE’NİN FARKLI BÖLGELERİNDEN TOPLANMIŞ YEREL BUĞDAY
GENOTİPLERİNİN MORFOLOJİK ve MOLEKÜLER
KARAKTERİZASYONU**

Fatih DEMİREL

TARLA BİTKİLERİ ANABİLİM DALI

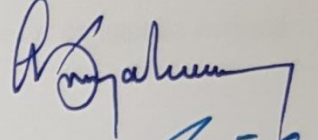
IĞDIR

2018

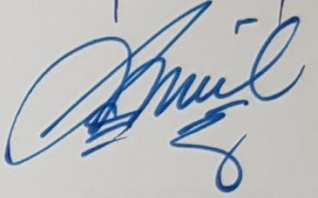
Her hakkı saklıdır

Prof. Dr. Bünyamin YILDIRIM'ın danışmanlığında Fatih DEMİREL tarafından hazırlanan bu çalışma 02.11.2018 tarihinde aşağıdaki jüri üyeleri tarafından Tarla Bitkileri Anabilim Dalı'nda Doktora Tezi olarak kabul edilmiştir.

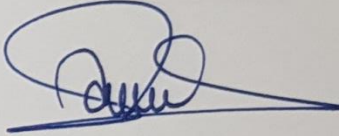
Başkan: Prof. Dr. Bünyamin YILDIRIM..... İmza:



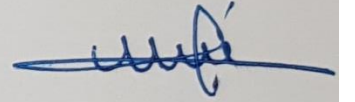
Üye: Prof. Dr. Kamil HALİLOĞLU..... İmza:



Üye: Doç. Dr. Ahmet Metin KUMLAY..... İmza:



Üye: Dr. Öğrt. Üyesi Uğur ŞİMŞEK..... İmza:

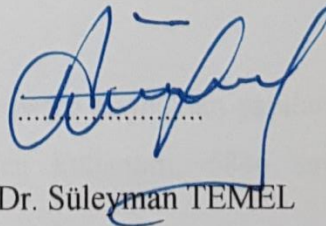


Üye: Dr. Öğrt. Üyesi Ayten EROĞLU..... İmza:



Fen Bilimleri Enstitüsü Yönetim kurulunun 24. / 12. /2018 tarih ve 2018/ 201. sayılı kararı ile onaylanmıştır.

(İmza)



Doç. Dr. Süleyman TEMEL

Enstitü Müdürü

TEZ BİLDİRİMİ

Tez içindeki bütün bilgilerin etik davranış ve akademik kurallar çerçevesinde elde edilerek sunulduğunu, ayrıca tez yazım kurallarına uygun olarak hazırlanan bu çalışmada orijinal olmayan her türlü kaynağa eksiksiz atıf yapıldığını bildiririm.

Fatih DEMİREL

Bu çalışma Iğdır Üniversitesi Bilimsel Araştırmalar Merkezi tarafından desteklenmiştir.

Proje No: 2017-FBE-D01

Not: Bu tezde kullanılan özgün ve başka kaynaktan yapılan bildirişlerin, çizelge, şekil ve fotoğrafların kaynak gösterilmeden kullanımı, 5846 sayılı Fikir ve Sanat Eserleri Kanunundaki hükümlere tabidir.

ÖZET

TÜRKİYE’NİN FARKLI BÖLGELERİNDEN TOPLANMIŞ YEREL BUĞDAY GENOTİPLERİNİN MORFOLOJİK VE MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU

DEMİREL, Fatih

Doktora Tezi, Tarla Bitkileri Anabilim Dalı

Danışman: Prof. Dr. Bünyamin YILDIRIM

Kasım 2018, 111 sayfa

Bu çalışmada, 13 adet makarnalık buğday (*Triticum durum*), 20 adet ekmeklik buğday (*Triticum aestivum*), 16 adet gernik buğdayı (*Triticum dicoccum*) ve 5 adet siyez buğdayı (*Triticum monococcum*) genotiplerine ek olarak, 2 adet makarnalık buğday (*Triticum durum*) çeşidi ve 2 adet ekmeklik buğday (*Triticum aestivum*) çeşidi olmak üzere 58 adet buğday genotipinin morfolojik ve moleküler özellikleri incelenmiştir. Bu genotiplerin morfolojik özellikleri bakımından ortalama; bitki boyu 78.81 cm, başak uzunluğu 6.84 cm, başakta dane sayısı 20.4 adet, başak verimi 0.7 g, bitki verimi 1.77 g, biyolojik verim 4.17 g, hasat indeksi %18.36, başaklanma süresi 63.01 gün, olgunlaşma süresi 88.98 gün, bin dane ağırlığı 33.44 g ve hektolitre ağırlığı 63.54 g olarak belirlenmiştir. Kalitatif özelliklerde ise tüylülük oranı %51.72 ve mumsuluk oranı %48.28 olarak saptanmıştır. 10 adet IPBS markörleri kullanılarak moleküler tanımlama yapılmış olup, toplamda 163 adet polimorfik bant görülmüş ve polimorfizm yüzdelerinin ortalaması da %95.08 olarak saptanmıştır. Markörlerin, ortalama gen çeşitliliği (H) değerleri 0.26 olarak, ortalama polimorfizm değeri (PIC) de 0.22 olarak hesaplanmıştır. Ortalama Dice benzerlik katsayı değeri 0.5948 olarak, korelasyon katsayı değeri (r) de 0.96011 olarak belirlenmiştir. Genotipler arasındaki genetik uzaklık, NTSYS-pc yazılımı kullanılarak hesaplanmış ve 0.1299 ile 0.8829 arasında değiştiği gözlenmiştir. Genotiplerin popülasyon yapısı STRUCTURE software ile incelenmiş ve en yüksek Delta K değeri 112.629 olarak hesaplanmıştır. Delta K’ya göre 58 buğday genotipinin genetik olarak üç alt popülasyona ayrıldığı belirlenmiştir. Genotiplerin morfolojik ve moleküler varyasyon gösterdiği belirlenmiş olup, genetik çeşitlilik ve popülasyon yapı analizlerine ait sonuçların gelecekteki buğday ıslah çalışmaları ve melezlemelerde ebeveyn seçimlerinin planlanmasında kullanılabileceği sonucuna varılmıştır.

Anahtar kelimeler: Gernik ve siyez, Ekmeklik ve makarnalık buğday, Polimorfizm, Islah, IPBS

ABSTRACT

MORPHOLOGICAL AND MOLECULAR IDENTIFICATION OF LANDRACE WHEAT GENOTYPES COLLECTED FROM DIFFERENT REGIONS OF TURKEY

DEMİREL, Fatih

PhD Thesis, Department Of Field Crops

Thesis Advisors: Prof. Dr. Bünyamin YILDIRIM

November 2018, 111 pages

In this study, 13 durum wheat (*Triticum durum*), 20 bread wheat (*Triticum aestivum*), 16 emmer wheat (*Triticum dicoccum*), 5 einkorn wheat (*Triticum monococcum*), four registered cultivars (2 durum and 2 bread wheats) were investigated in terms of agro-morphological and molecular properties. Mean for plant height, spike height, grain per spike, spike yield, plant yield, biomass, harvest index, heading time, maturity time, 1000 kernel weight and hektolitre were determined as 78.81 cm, 6.84 cm, 20.4, 0.7 g, 1.77 g, 4.17 g, 18.36 %, 63.01 days, 88.98days, 33.44 g, 63.54 g, respectively. In qualitative features, hairiness rate was 51.72% and waxiness rate was 48.28%. Molecular characterization was performed using 10 IPBS markers, and totally polymorphic bands and the average percentage of polymorphism were 163 and 95.08% respectively. The average gene diversity (H), mean polymorphism value (PIC), mean Dice similarity coefficient, correlation coefficient value (r) of the markers were determined as 0.26, 0.22, 0.5948 and 0.96011, respectively. The genetic distance between the genotypes was calculated using NTSYS-pc software and it was observed that it varied between 0.1299 and 0.8829. Population structure of the genotypes was analyzed with STRUCTURE software and the highest Delta K value was calculated as 112,629. According to Delta K, 58 wheat genotypes were genetically divided into three subpopulations. As a result of the analyzes carried out, it has been revealed that genotypes show morphological and molecular variations. Results of genetic diversity and structure analysis can be used for planing of wheat breeding program and for parental choices in hybridization.

Key words: Emmer and einkorn, Bread wheat and durum wheat, Polymorphism, Breeding, IPBS

ÖNSÖZ ve TEŞEKKÜR

Yapılan kazılardan çıkan sonuçlara göre buğdayın çok uzun yıllar önce Türkiye'yi kapsayan Mezopotamya bölgesinde kültüre alındığı belirtilmektedir. Ayrıca, buğdayın gen kaynağı olarak bilinen Türkiye'de; 1960'lı yıllardan sonra ekimi oldukça azalan, kavuzlu buğdaylar olarak bilinen ve günümüzde kullanılan ticari buğdayların atası olan bu buğdaylar, ıslah çalışmaları için önemli gen kaynakları olarak bilinmektedir. Bu çalışma ile Iğdır'da başlatılması planlanan ıslah programında farklı illerden toplanmış buğday genotiplerinin morfolojik ve moleküler varyasyonunun belirlenmesi hedeflenmiştir.

Çalışma konumun belirlenmesinde bana gösterdikleri desteklerden dolayı, çalışmalarında yardımlarını esirgemeyen hocalarım Prof. Dr. Bünyamin YILDIRIM ve Doç. Dr. Ahmet Metin KUMLAY'a teşekkürlerimi sunarım.

Laboratuvarında çalışmalarımı yapmama müsaade veren Prof. Dr. Kamil HALİLOĞLU'na ve yardımını hiç esirgemeyen Dr. Arash Hossein Pour hocalarımın teşekkürler ediyorum.

Bana çalışmalarında ilham veren Prof. Dr. Taner AKAR'a teşekkürlerimi sunarım.

Çalışmamın her aşamasında yardımını aldığım Arş. Gör. Barış EREN'e, arazi çalışmalarında bana yardım eden kardeşim Furkan DEMİREL'e teşekkür ediyorum.

Beni hep destekleyen, yanımda olan ve hiçbir zaman yokluğunu hissettirmeyen fedakâr aileme, sevgili eşim Arş. Gör. Serap DEMİREL'e sonsuz teşekkür ederim.

Tez çalışmamı projeye (2017-FBE-A03) destekleyen Iğdır Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri (BAP) Birimi'ne teşekkür ederim.

Fatih DEMİREL

Kasım, 2018

İÇİNDEKİLER

	Sayfa No
ÖZET.....	i
ABSTRACT	ii
ÖNSÖZ ve TEŞEKKÜR	iii
İÇİNDEKİLER	iv
SİMGELER ve KISALTMALAR DİZİNİ	vii
ŞEKİLLER DİZİNİ	x
ÇİZELGELER DİZİNİ	xii
1. GİRİŞ	1
2. KAYNAK ÖZETLERİ	6
3. MATERYAL ve METOT	16
3.1. Materyal.....	16
3.1.1. Deneme alanının seçimi, toprak ve iklim verileri.....	18
3.2. Metot	19
3.2.1. Materyallerin ekimi, bakımı ve hasadı.....	19
3.2.2. İncelenen morfolojik ve tarımsal özellikler.....	20
3.2.2.a. Bitki boyu (cm)	20
3.2.2.b. Başak uzunluğu (cm)	20
3.2.2.c. Başaktaki dane sayısı (adet)	21
3.2.2.ç. Başak verimi (g)	21
3.2.2.d. Bitki verimi (g)	21
3.2.2.e. Biyolojik verim (g)	21
3.2.2.f. Hasat indeksi (%)	21
3.2.2.g. Başaklanma süresi (gün)	21
3.2.2.ğ. Olgunlaşma süresi (gün)	21
3.2.2.h. Bin dane ağırlığı (g)	21
3.2.2.1. Hektolitre ağırlığı (g)	21
3.2.2.i. Kulakçık rengi.....	22
3.2.2.j. Tüylülük.....	22
3.2.2.k. Mumsuluk.....	22
3.2.2.1. Büyüme habitusu.....	22

3.2.2.m. Kavuzluluk.....	22
3.2.3. Morfolojik ve tarımsal verilerin analizi.....	22
3.2.4. Moleküler karakterizasyon.....	23
3.2.5. Moleküler karakterizasyon için bitki materyallerinin hazırlığı.....	24
3.2.6. Genomik DNA izolasyonu.....	24
3.2.7. Agaroz jel elektroforezinde DNA yoğunluğunun incelenmesi.....	25
3.2.8. DNA yoğunluğunun ölçülmesi.....	25
3.2.9. IPBS markör analizi.....	25
3.2.10. PCR ürünlerinin agaroz jel elektroforezi.....	26
3.2.11. Moleküler verilerin analizi.....	27
4. ARAŞTIRMA BULGULARI ve TARTIŞMA	29
4.1. Morfolojik Gözlemler.....	29
4.1.1. Bitki boyu.....	30
4.1.2. Başak uzunluğu.....	35
4.1.3. Başaktaki dane sayısı.....	38
4.1.4. Başak verimi.....	42
4.1.5. Bitki verimi.....	46
4.1.6. Biyolojik verim.....	50
4.1.7. Hasat indeksi.....	54
4.1.8. Başaklanma süresi.....	57
4.1.9. Olgunlaşma süresi.....	60
4.1.10. Bin dane ağırlığı.....	62
4.1.11. Hektolitre ağırlığı.....	64
4.1.12. Kulakçık rengi.....	67
4.1.13. Tüylülük.....	67
4.1.14. Mumsuluk.....	67
4.1.15. Büyüme habitusu.....	67
4.1.16. Kavuzluluk.....	68
4.2. Moleküler (IPBS) Veriler.....	70
4.3. Popülasyonlar ve Tescilli Çeşit Buğdayların Tanımlanması.....	73
4.4. IPBS Jel Görüntüleri	83
4.5. IPBS Verileri İle Elde Edilen UPGMA Dendogramı.....	88
4.6. Moleküler Verilere Dayalı Temel Bileşenler Analizi.....	91

4.7. Genotiplerin Popülasyon Yapısı.....	94
5. SONUÇLAR ve ÖNERİLER.....	98
KAYNAKLAR.....	101
ÖZGEÇMİŞ.....	112



SİMGELER ve KISALTMALAR DİZİNİ

Simgeler

%	Yüzde
(NH ₄) ₂ SO ₄	Amonyum sülfat
bp	Baz çifti
CaCO ₃	Kalsiyum Karbonat
cm	Santimetre
da	Dekar
dATP	Deoksiadenozin trifosfat
dCTP	Deoksisitidin trifosfat
dGTP	Deoksiguanozin trifosfat
dH ₂ O	Distile su
dNTP	Deoksiribonükleotit
dS	Decisiemens
dTTP	Deoksitimidin trifosfat
EC	Electric Conductivity (Elektrik iletkenliği)
g	Gram
ha	Hektar
HCl	Hidrojen klorür
K ₂ O	Potasyum Oksit
kb	Kilobaz
kg	Kilogram
L	Litre
m	Metre
M	Molar
mA	Miliamper
MgCl ₂	Magnezyum klorür
mM	Milimolar
N	Azot
ng	Nanogram
nM	Nanomol

°C	Santigrat
P₂O₅	Fosfor pentoksit
pH	Potentia Hydrogenia
pmol	Pikomol
ppm	parts per million
rpm	Rotations per minute (Dakikadaki devir sayısı)
sn	Saniye
v/v	Volume/Volume
µl	Mikrolitre

Kısaltmalar

<i>AFLP</i>	Amplified Fragment Length Polymorphism (Çoğaltılmış fragman uzunluğu polimorfizmi)
<i>EDTA</i>	Etilen diamintetraasetik asit
<i>DNA</i>	Deoksiribonükleik asit
<i>Dim</i>	Dimension (Boyut)
<i>FAO</i>	United Nations Food and Agriculture Organization (Birleşmiş Milletler Gıda ve Tarım Örgütü)
<i>IRAP</i>	İnter-Retrotransposon Amplification Polymorphism (Retrotranspozon arası çoğaltılmış polimorfizm)
<i>ISSR</i>	Internal Simple Sequence Repeats (Basit dizi tekrarları)
<i>IPBS</i>	inter-primer-binding sites
<i>LTR</i>	Long Terminal Repeat (Uzun uç tekrarı)
<i>MAS</i>	Marker Assisted Selection (Markör destekli seleksiyon)
<i>NTSYS</i>	Numerical Taxonomy Multivariate Analysis System (Değişkenli sayısal taksonomi analiz)

	sistemi)
PAUP	Phylogenetic Analysis Using Parsimony (Parsimony kullanılarak filegenetik analiz)
PCR	Polymerase chain reaction (Polimeraz zincir reaksiyonu)
QTL	Quantitative Trait Locus (Kantitatif karakter lokus)
RAPD	Random Amplified Polymorphic DNA (Rastgele çoğaltılmış polimorfik DNA)
REMAP	Retrotransposon-Microsatellite Amplified Polymorphism (Retrotranspozon-mikrosatellit çoğaltılmış polimorfizm)
RFLP	Randomly Fragment Length Polymorphism (Tesadüfi kesilmiş uzunluk polimorfizmi)
SNP	Single Nucleotide Polymorphism (Tek nükleotit polimorfizmi)
SRAP	Sequence Related Amplified Polymorphism (Sekansa bağlı çoğaltılmış polimorfizm)
SSAP	Sequence Specific Amplified Polymorphism (Sekans spesifik çoğaltılmış polimorfizm)
SSR	Simple Sequence Repeats (Basit dizi tekrarları)
STS	Sequence Tagged Site (Dizisi etiketlenmiş sekans)
UPGMA	Unweighted pair group method using arithmetic averages (Aritmetik ortalamayı kullanan ağırlıksız çift grup metodu)
UYO	Uzun yıllar ortalaması
V.K.	Varyasyon katsayısı

ŞEKİLLER DİZİNİ

	Sayfa No
Şekil 1.1. IPBS tekniği ile DNA'nın PCR ile amplifikasyonunun şematik gösterimi (Alzohairy <i>et al</i> (2014)'den modifiye edilmiştir).....	5
Şekil 3.1. Araziye buğday popülasyonlarının ekimi ve bitki çıkışları.....	20
Şekil 3.2. Morfolojik verilerin hesaplanmasında kullanılan temel istatistiksel formüller.....	22
Şekil 3.3. Laboratuvar çalışmasından görüntüler.....	23
Şekil 3.4. Elektroforez sistemi ve jele DNA'ların yüklenmesi.....	23
Şekil 4.1. Buğday gruplarının bitki boyu bakımından grafikleri.....	34
Şekil 4.2. Buğday gruplarının başak uzunluğu bakımından grafikleri.....	38
Şekil 4.3. Buğday gruplarının başakta dane sayısı bakımından grafikleri.....	42
Şekil 4.4. Buğday gruplarının başak verimi bakımından grafikleri.....	46
Şekil 4.5. Buğday gruplarının bitki verimi bakımından grafikleri.....	50
Şekil 4.6. Buğday gruplarının biyolojik verimi bakımından grafikleri.....	53
Şekil 4.7. Buğday gruplarının hasat indeksi bakımından grafikleri.....	57
Şekil 4.8. Buğday gruplarının başaklanma süresi bakımından grafikleri.....	59
Şekil 4.9. Buğday gruplarının olgunlaşma süresi bakımından grafikleri.....	62
Şekil 4.10. Buğday gruplarının bin dane ağırlığı bakımından grafikleri.....	64
Şekil 4.11. Buğday gruplarının hektolitreye ağırlığı bakımından grafikleri.....	66
Şekil 4.12. IPBS-2219 (solda) ve IPBS-2270 (sağda) markörlerine ait jel görüntüleri.....	83
Şekil 4.13. IPBS-2271 (solda) ve IPBS-2278 (sağda) markörlerine ait jel görüntüleri.....	84
Şekil 4.14. IPBS-2375 (solda) ve IPBS-2377 (sağda) markörlerine ait jel görüntüleri.....	85
Şekil 4.15. IPBS-2378 (solda) ve IPBS-2383 (sağda) markörlerine ait jel görüntüleri.....	86
Şekil 4.16. IPBS-2386 (solda) ve IPBS-2390 (sağda) markörlerine ait jel görüntüleri.....	87
Şekil 4.17. 58 buğday genotipi için DICE benzerlik indeksinden yararlanılarak oluşturulan UPGMA dendogramı.....	90
Şekil 4.18. IPBS verileriyle yapılan temel bileşenler analizi sonucu elde edilen iki boyutlu grafik.....	92

Şekil 4.19. IPBS verileriyle yapılan temel bileşenler analizi sonucu elde edilen üç boyutlu grafik.....	93
Şekil 4.20. Genotiplerin popülasyon yapısını gösteren tahmini K değeri.....	95
Şekil 4.21. 58 buğday genotipinin genetik popülasyonunun yapı analizinin şeması (K=3).....	95



ÇİZELGELER DİZİNİ

	Sayfa No
Çizelge 3.1: Bu çalışmada kullanılan genotiplere ait mevcut bilgiler.....	16
Çizelge 3.2: Denemenin kurulduğu arazinin toprak özellikleri	18
Çizelge 3.3: Iğdır ili 2017 yılı ve uzun yıllar ortalamalarına (UYO) ait iklim verileri.....	19
Çizelge 3.4: PCR işlemi için reaksiyon basamakları, süresi ve sıcaklıkları.....	26
Çizelge 3.5: PCR analizlerinde kullanılan IPBS markörleri ve sekansları.....	26
Çizelge 4.1: Araştırmada kullanılan genotiplerin tür adları.....	30
Çizelge 4.2: Araştırmada kullanılan genotiplerin bitki boyu (cm) gözlemleri.....	31
Çizelge 4.3: Araştırmada kullanılan genotiplerin başak uzunluğu (cm) gözlemleri.	35
Çizelge 4.4: Araştırmada kullanılan genotiplerin başaktaki dane sayısı (adet) gözlemleri.....	39
Çizelge 4.5: Araştırmada kullanılan genotiplerin başak verimi (g) gözlemleri.....	43
Çizelge 4.6: Araştırmada kullanılan genotiplerin bitki verimi (g) gözlemleri.....	47
Çizelge 4.7: Araştırmada kullanılan genotiplerin biyolojik verim (g) gözlemleri...	51
Çizelge 4.8: Araştırmada kullanılan genotiplerin hasat indeksi (%) gözlemleri.....	55
Çizelge 4.9: Araştırmada kullanılan genotiplerin başaklanma süresi (gün) gözlemleri.....	58
Çizelge 4.10: Araştırmada kullanılan genotiplerin olgunlaşma süresi (gün) gözlemleri.....	61
Çizelge 4.11: Araştırmada kullanılan genotiplerin bin dane ağırlığı (g) gözlemleri.	63
Çizelge 4.12: Araştırmada kullanılan genotiplerin hektolitreye ağırlığı (g) gözlemleri.....	65
Çizelge 4.13: Araştırmada kullanılan genetik materyallerde incelenen kalitatif gözlemler.....	68
Çizelge 4.14: 58 genotip için kullanılan IPBS markörlerinin karakterizasyon değerleri.....	73
Çizelge 4.15: IPBS verilerine göre DICE benzerlik katsayı değerleri.....	74
Çizelge 4.16: İlk üç anabileşenin eigen değerleri.....	94
Çizelge 4.17: Structure analizinde hesaplanan Delta K değerleri.....	94

Çizelge 4.18: 58 buğday genotipini alt popülasyonlara ayıran üyelik katsayıları....	96
Çizelge 4.19: Alt popülasyonlara ait beklenen heterozigotluk ve FST değerleri.....	97



1. GİRİŞ

Buğday, Gramineae familyasının *Triticeae* oymağında yer almaktadır. Buğdayın ticareti yapılan iki ana grubu bulunmaktadır. Hekzaploid ($2n=42$, AABBDD) olan ekmeklik buğday (*Triticum aestivum*) ve tetraploid ($2n=28$, AABB) olan makarnalık (*Triticum durum*) buğdaydır. Ayrıca, günümüzde kültürü yapılan diploid ($2n=14$, AA) olan siyez (*Triticum monococcum*) buğdayı ile tetraploid ($2n=28$, AABB) olan gernik (*Triticum dicoccum*) buğdaylarının azda olsa yetiştiriciliği yapılmaktadır. Kullanıldıkları yerlere göre bu türler değişik şekilde sınıflandırılmaktadır. Hekzaploid olan buğdaylar; baklava, ekmek, pasta, bisküvi ve börek yapımında kullanılmaktadır. Tetraploid buğdaylar; makarna ve bulgur yapımında yoğun olarak kullanılmakta olup, diploid buğdaylar ise bulgur ve makarna yapımında kullanılmaktadır (Yalçın, 2007; Šramková, 2009).

Buğday dünyada geniş ölçüde kültürü yapılan önemli besin kaynaklarından biridir. FAO verilerine göre; dünya buğday üretimi, 1961 yılından beri sürekli olarak artış göstermektedir. 2016 dünya geneli toplam buğday üretimine bakıldığında, 749,5 milyon tona ulaşıldığı görülmektedir. 2016 yılı için buğdayın toplam ekim alanı 220 milyon ha civarında iken buğday verimi ortalama 3,4 bin kg/ha olarak verilmiştir. Türkiye buğday üretim verilerine göre 2016 yılı için, 20,6 milyon ton üretim gerçekleşmiştir. 7,6 milyon ha alana ekimi gerçekleştirilen buğdayın verimi ise ortalama 2,7 bin kg/ha olarak belirtilmiştir (Anonymous, 2016).

İnsan beslenmesinde temel gıda olarak yer alan buğday başlıca ekmek ve makarna yapımında kullanılmaktadır. Buğday için talep son yıllarda diğer tarımsal ürünlerden daha hızlı olarak artmaktadır. Hızla büyüyen dünya popülasyonunun buğday ihtiyacını karşılamak için 2020 yılında 840 milyon ton (Rosegrant *et al.*, 1995) ve 1,05 milyar ton (Kronstad, 1998) arasında ihtiyaç olacağı öngörülmektedir. Ayrıca dünya popülasyonu hızla arttığından ve küresel ısınmadan dolayı, ıslahçılar ve çiftçiler 2050 yılında talebi karşılamak için buğday üretimini %70'e kadar artırma sorunu ile karşı karşıyadır ve bu da yıllık verimin %2,4 artırılması gerektiğini göstermektedir (Marcussen *et al.*, 2014). Fakat günümüzde ürün verimindeki artışın ortalama oranı sadece yıllık %0,9'dur. Bu değer arzu edilen orandan oldukça düşüktür (Ray *et al.*,

2013). Buğdayın yetiştirilmesi için gereken arazi sınırlı olduğundan, buğday üretimini ve verimi artırmanın yolu farklı tarımsal disiplinlerden araştırmacıların ve özellikle bitki ıslahçılarının geliştirdiği yeni çeşitler sayesinde olacağı belirtilmektedir (Braun *et al.*, 1998).

Bitkilerin besin içeriklerini zenginleştirmek, biyotik ve abiyotik koşullara dirençli hale getirmek, alerjik etkilere neden olanların yapısını değiştirmek, antioksidant ve flavonoidler gibi yararlı bileşenlerin miktarını artırmak gibi istenilen özelliklere sahip yeni bitkiler elde etmek için (Vardar Kanlıtepe ve ark., 2010) uzun yıllar süren bitki ıslah metodlarına hız kazandırmak amacıyla moleküler markörlerin kullanımının önemi vurgulanmaktadır (Yorgancılar ve ark., 2015). Moleküler markörler tek başına bir ıslah çalışmasına yeterli olamayacağı için klasik bitki ıslahına destekleyici teknikler olarak belirtilmiştir (Yorgancılar ve ark., 2015).

Moleküler markörler, elektroforeze dayalı olması, PCR (Polymerase Chain Reaction = Polimeraz Zincir Reaksiyonu)'a dayalı olması, tekrarlanabilirlik durumları, ucuz ya da pahalılık durumları, iş gücü yoğunlukları ve tasarlandıkları DNA bölgelerinin farklılık göstermeleri gibi durumlara sahiptirler (Kumlay ve ark., 2015). Bazı DNA markör sistemleri olarak; isozyme analizi (Oliver and Zapater, 1984; Rasmussen and Rasmussen, 1995), SSR (Simple Sequence Repeat=Basit Tekrar Dizilimi) veya Mikrosatellit DNA Markörleri (Kawchuk *et al.*, 1996), RFLP (Randomly Fragment Length Polymorphism = Tesadüfi Kesilmiş Uzunluk Polimorfizmi) (Ford and Taylor, 1997), RAPD (Randomly Amplified Polymorphic DNA = Tesadüfi Çoğaltılmış Polimorfik DNA), AFLP (Randomly Fragment Length Polymorphism = Kesilerek Çoğaltılmış Uzunluk Polimorfizmi), STS (Sequence Tagged Site = Dizisi Etiketlenmiş Sekans) (Hosaka *et al.*, 1994; Sosinski and Douches, 1996; Vos *et al.*, 1995; Yıldırım, 1999), ISSR (Inter Simple Sequence Repeat = Bazit Tekrarlı Diziler Arası Polimorfizm) (Levi *et al.*, 2006), SRAP (Sequence Related Amplified Polymorphism = Sekansa Bağlı Çoğaltılmış Polimorfizm) (Li and Quiros, 2001) ve SNP (Single Nucleotide Polymorphism = Tek Nükleotit Polimorfizmi) (Beissinger *et al.*, 2013) teknikleri geliştirilmiştir.

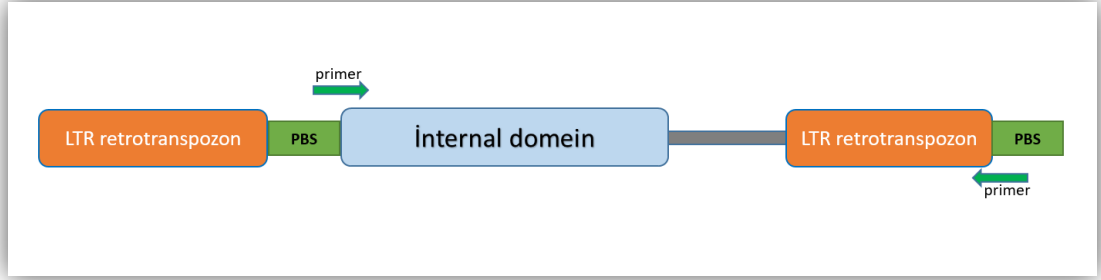
Moleküler markör olarak retrotranspozonların kullanılması; DNA temelli moleküler markörler, bir genom içerisinde yer alan bir gen bölgesi veya bir gen bölgesi

ile ilişkili DNA parçalarıdır. 1980'li yıllardan beri genetik ve ıslah çalışmalarında moleküler markörler kullanılmıştır. Morfolojik, fizyolojik ve moleküler düzeyde gerçekleştirilen analizler, canlılar arasında ki farklılıkları tanımlamak ve bu farklılıklara dayanarak canlıları sınıflandırmak için kullanılan yöntemlerdir (Yang *et al.*, 2009). Teknolojinin gelişmesi ile birlikte moleküler genetik ve biyoteknoloji alanlarında hızlı gelişmeler olmuştur. Moleküler markörler; genetik çeşitlilik, gen tanımlama, genetik karakterizasyon, filogenetik analizler, parmak izi ve özellikle MAS-esaslı bitki ıslahında arzu edilen özelliklerden sorumlu genlerin belirlenmesi gibi çalışmalar için önem taşımaktadır (Demirel *et al.*, 2018). Çoğu retrotranspozon insersiyonu genom boyunca dağıldığından ve genetik olarak kalıtım gösterdiğinden dolayı bitkiler arasında insersiyon polimorfizmi, filogenetik analizler ve genetik çeşitlilik çalışmaları için moleküler markörlerin geliştirilmesi amacıyla kullanılmıştır (Schulman *et al.*, 2004; Kalendar *et al.*, 2011; Poczai *et al.*, 2013). Retrotranspozonlar, filogenetik ve pedigrü analizlerinde de sıkça kullanılmıştır (Kalendar *et al.*, 2010).

Retrotranspozon insersiyonuna dayalı IRAP (inter-retrotranspozon amplification polymorphism) (Kalendar *et al.*, 1999; Smýkal *et al.*, 2011; Nasri *et al.*, 2013), REMAP (retrotranspozon microsatellite amplification polymorphism) (Kalendar *et al.*, 1999, Kalendar *et al.*, 2000; Antonius-Klemola *et al.*, 2006), RBIP (retrotranspozon-based insertion polymorphism) (Flavell *et al.*, 1998), S-SAP (sequence-specific amplified polymorphism) (Konovalov *et al.*, 2010) ve IPBS (inter-primer binding site) (Leigh *et al.*, 2003; Liu *et al.*, 2007; Trebichalsky *et al.*, 2012) çeşitli markör sistemleri geliştirilmiştir.

Primer arası bağlanma yeri (IPBS-Inter-Primer Binding Sequence): IPBS tekniği retrotranspozon polimorfizmin izolasyonu ve gösterimi amacıyla sıkça kullanılan bir yöntemdir. Kalendar *et al.* (2010), tarafından geliştirilen IPBS moleküler markörleri farklı LTR (Uzun Uç Tekrarı) sekanslarını tanımlamak için kullanılan ve çeşitler arasında polimorfizmi direkt olarak görselleştiren bir metottür. Bu metot 5' LTR'lere komşu olan ve farklı LTR retrotranspozon aileleri arasında korunmuş olan primer bağlanma dizi (PBS) bölgeleri üzerine odaklanmıştır. PBS bölgelerine dizayn edilmiş primerler ile PCR amplifikasyonu iki LTR sekansı içerisinde yerleşmiş PBS bölgeleri arasında gerçekleşmektedir (Şekil 1.1) (Alzohairy *et al.*, 2004). tRNA, geri (reverse)

transkripsiyonu başlatmak için PBS bölgelerine bağlanır, PBS sekansları tRNA'nın 3' ucu sekansına tamamlayıcıdır (complementary) ve bazıları hariç hemen hemen tüm LTR retrotranspozon aileleri boyunca korunmuştur (Kelly *et al.*, 2003; Hizi, 2008). Böylece bu bölgeye dizayn edilmiş PCR primerleri protein kodlama bölgelerinden yoksun TRIMs ve LARD gibi otonom olmayan elementlerin dahil olduğu farklı LTR sekanslarını içeren DNA parçalarını üretmektedir (Kalendar *et al.*, 2010). IPBS metodu farklı LTR sekanslarını taramak için çeşitli avantajlara sahiptir ve DNA parmak izi çalışmalarında kullanıma uygundur. Ayrıca, son yıllarda yeni nesil sekanslama teknolojileri daha kısa zamanda ve daha az maliyetle sekans verilerinin çokça elde edilmesini sağlayarak genetik ve genomik çalışmaları hızlandırmıştır. Böylece IPBS metodu ile genom çapında LTR retrotranspozon ailelerinin geniş çapta taranmasına imkan sağlanmıştır. IPBS tekniğinin avantajları; bitki genomlarında retrotranspozonlara sıkça rastlanması, IPBS markörlerin bir organizmada kullanımından sonra herhangi bir organizmada da uygulanabilir olması ve evrensel olmasıdır. Buğday, mısır, arpa, elma gibi birçok bitki ve hayvanda bu teknik başarılı bir şekilde uygulanmıştır (Kalendar *et al.*, 2010). Ayrıca, farklı araştırmacılar tarafından keten (Smýkal *et al.*, 2011), kayısı (Baranek *et al.*, 2012) ve nohut (Andeden *et al.*, 2013) gibi bitkilerde de bu teknik genetik çalışmalar için kullanılmıştır. Dolayısıyla bu metot PBS elementlerine sahip retrotranspozonları içeren birçok organizmada evrensel ve transfer edilebilir gözükmektedir (Gailite and Rungis, 2012). Özellikle IPBS amplifikasyon tekniği sekans bilgisi gerektirmeksizin uygulanabilen güçlü bir DNA parmak izi (DNA fingerprinting) teknolojisidir. Ayrıca IPBS moleküler markörleri uzun primer boyutundan ve yüksek bağlanma gücünden dolayı, yüksek derecede üretkenliğe sahiptirler. IPBS markörleri klon analizlerinde, genetik çeşitlilik analizlerinde ve filogenetik çalışmalarda başarılı bir şekilde uygulanmıştır (Smykal *et al.*, 2011; Baránek *et al.*, 2012; Gailite and Rungis, 2012).



Şekil 1.1. IPBS tekniği ile DNA'nın PCR ile amplifikasyonunun şematik gösterimi (Alzohairy *et al* (2014)'den modifiye edilmiştir)

Bu çalışma ile Türkiye'nin farklı bölgelerinden toplanmış ekmeklik ve makarnalık buğdaylar ile son yıllarda ekiliş oranı azalan, halk arasında kavılca, kavulca, kaplıca, gacer gibi isimlerle bilinen siyez ve gernik buğdaylarının (kavuzlu buğdaylar) IPBS markör sistemi ile genetik düzeyde varyasyonu ve akrabalık ilişkisini ortaya çıkarmak hedeflenmiştir. Ayrıca, bazı agro-morfolojik karakterlerin de incelenmesi yapılmıştır. Bu çalışmanın sonucunda elde edilen verilerin, oluşturulacak ıslah programlarına katkı sağlaması amaçlanmıştır.

2. KAYNAK ÖZETLERİ

Queen *et al.* (2003), buğdayda retrotranspozona dayalı moleküler markörler ile bağlantı (linkage) ve genetik çeşitlilik çalışması yürütmüşlerdir. Çalışmada BARE-1 ve Thv19 retrotranspozonlarına dayalı SSAP markör sistemi ve Tar1 ve Tagermina LTR'lerinden türevlenen retrotranspozon spesifik SSAP markörleri kullanılmıştır. 26 tanesi *Aegilops*, 9 tanesi *Triticum* olmak üzere 35 adet *Triticeae* örneği genetik çeşitlilik için kullanılmıştır. Genetik çeşitlilik için BARE-1/Wis-2-1 A ve Thv19 'un her ikisi yaklaşık olarak %13 polimorfik bant sergilemiş, Tagermina ise %17 SSAP bant polimorfizmi göstermiştir. Ayrıca Tar1 ise yaklaşık %18 SSAP bant polimorfizmi göstermiştir. PAUP'ye dayalı analiz metodu kullanılarak SSAP retrotranspozon markör verilerinden elde edilen filogenetik ağaçta *Triticum* ve *Aegilops* türlerinin birbirinden iki ana grupta ayrıldığı görülmüştür.

Yağdı (2004), Bursa koşullarında geliştirilmiş 12 hat ile 1 kontrol ekmeçlik buğday genotiplerinin bazı kalite özelliklerini iki yıl boyunca araştırmıştır. Çalışmalarında genotiplerin ilk yıl ve ikinci yıl ortalamalarının hektolitre ağırlığının 79,0-80,93 kg/100 L ve bin tane ağırlığının ise 42,88-51,17 g arasında değiştiğini belirtmiştir.

Zaki and Ghany (2004), allotetraploid pamuk örneklerinde (*Gossypium barbadense* L.) Ty3/gypsy retrotranspozonu araştırmışlardır. Ty3/gypsy'ün geri (reverse) transkriptaz geninin bir kısmı izole edilmiş, klonlanmış ve sekanslanmış, neticede bu retro elementlerin pamuk genomunda yüksek kopya sayısına sahip olduğu bulunmuştur.

Aydın ve ark. (2005), Samsun ve Amasya'da yetiştirdikleri 5 kontrol çeşidi ve 20 ekmeçlik buğday hatlarının verim ve kalite özelliklerini inceledikleri çalışmalarında; genotiplerin bitki boylarının Samsun'da 72,5-106,3 cm, Amasya'da ise 63,8-86,3 cm arasında değiştiğini bildirmişlerdir.

Sözen ve Yağdı (2005), on bir makarnalık buğday (*T. durum*) çeşidi ile 2001/2002 ve 2002/2003 yetiştirme yıllarında yaptıkları çalışma ile bu buğday genotiplerinin hektolitre ağırlıklarını, yaş öz değerlerini, sedimantasyon değerlerini ve protein oranlarını incelemişlerdir. Hektolitre ağırlığı ile protein oranı arasında olumlu ve

önemli bir ilişki buldukları çalışmalarında, 2001/2002 yetiştirme yıllarında genotiplerin hektolitre ağırlıklarının 79,7 kg/100 L ile 82,8 kg/100 L arasında olduğunu, 2002/2003 yetiştirme yıllarında ise genotiplerin hektolitre ağırlıklarının 79,9 kg/100 L ile 82,2 kg/100 L arasında değiştiğini saptamışlardır.

Pagnotta *et al.* (2005), İtalya ekolojisinde yapmış oldukları çalışmada 39 gernik buğdayında bazı morfolojik özellikler ile moleküler karakterizasyon araştırması yapmışlardır. Morfolojik çalışmalar kapsamında genotiplerinin bitki boyunu 93-115 cm aralığında, bin dane ağırlıklarını 39,6-66,9 g aralığında ve başaklanma sürelerini 7-25 gün aralığında olduğunu belirtmişlerdir. Gelecekteki ıslah programlarında bu gernik genotiplerinin kaynak olarak kullanılabilceğini belirttikleri çalışmada, SSR markörlerini kullanmışlardır. Bu markörlere ait Ho (Gözlenen genetik uzaklık) değerini 0,07 ve He (Beklenen genetik uzaklık) değerini 0,35 olarak saptamışlardır. Moleküler analizler neticesinde sadece çeşitler arasında değil, çeşitler içinde de genetik çeşitliliğin olduğu görülmüştür.

Çağlar ve ark. (2006), 25 ekmeklik buğday çeşitlerinde yaptıkları iki yıllık çalışmalarında, çeşitlerin vejetatif periyodunu, tane olum sürelerini, bitki boylarını, m² deki başak sayılarını, başaktaki tane sayılarını, bin tane ağırlıklarını, tane olum oranlarını, tane verimlerini, hektolitre ağırlıklarını ve ham protein oranlarını incelemişlerdir. Bitki boyu hariç, diğer karakterler yönünden yıl-çeşit interaksiyonlarını önemli olarak buldukları çalışmalarında; bitki boyu, başakta tane sayısı, bin tane ağırlığı ve hektolitre ağırlığı parametrelerinin ürün yıllarına göre ortalamalarını (1. yıl - 2. yıl) sırasıyla 72,5-99,3 cm, 19,9-30,4 adet, 34,1-42,5 g ve 75,3-79,3 kg olarak belirtmişlerdir.

Yalçın (2007), 5 ekmeklik buğday (*T. aestivum* ssp. *aestivum*) ve 5 makarnalık buğday (*T. turgidum* ssp. *durum*) ile 70 yabancı gernik (*T. turgidum* ssp. *dicoccoides*) genotiplerinin morfolojik ve fizyolojik özelliklerini saptamak için araştırma yapmıştır. Çalışmasının sonucunda bazı morfolojik ve fizyolojik özellikler bakımından yabancı gerniklerin makarnalık ve ekmeklik çeşitlerden daha çok genetik varyasyon gösterdiğini belirtmiştir.

Kaydan ve Yağmur (2008), Van ekolojik koşullarında iki yıllık çalışmalarında bazı ekmeklik buğday çeşitlerinde verim ve verim öğeleri üzerine bir araştırma gerçekleştirmişlerdir. Kışlık ekim yaptıkları çalışmada başaklanma süresi, başak uzunluğu, bitki boyu, başakta dane sayısı, başakta dane verimi ve bin dane ağırlığı özelliklerinin birinci ve ikinci yıllardaki ortalamalarının en az ve en çok olarak sırasıyla 180,75-190,62 gün, 5,72-7,27 cm, 66-86,05 cm, 20,32-27,47 adet, 0,65-0,93 g ve 29,26-37,45 g olduğunu belirtmişlerdir.

Yazar ve Karadoğan (2008), Ankara'da taban ve kıraç arazide iki yıl süreyle 8 makarnalık buğday çeşidi ile 2 ıslah hattının verim ve kalite özelliklerini incelemişlerdir. Yaptıkları çalışmalarında hat ve çeşitlerin ortalama olarak bin tane ağırlıklarının 38,60-47,87 g arasında ve hektolitreye ağırlıklarının da 75,40-79,50 kg arasında olduğunu bildirmişlerdir.

Peleg *et al.* (2008), yabancı makarnalık buğdayda allel farklılığı ile ekocoğrafik farklılık arasındaki ilişkiyi incelemek için SSR markörlerini kullanmışlardır. Çalışmada, 25 adet popülasyona ait 145 genotip kullanılarak 54 SSR primer çifti ile analiz edilmiştir. SSR verilerine dayalı analizler sonucunda popülasyon içi varyasyon %56 iken, popülasyonlar arası varyasyon %44 olarak bulunmuştur. Çalışma sonucunda araştırmacılar genetik farklılık ile coğrafik uzaklık arasında ilişki olmadığını belirtmişlerdir.

Konovalov *et al.* (2010), BARE-1 ve Jeli LTR retrotranspozonları üzerine dayalı moleküler markörleri kullanarak diploid buğdayda evrimsel ilişkiyi araştırmışlardır. 30 *Triticum boeoticum*, 4 *Triticum monococcum*, 1 *Triticum sinskajae* ve 17 *Triticum urartu* olmak üzere toplam 52 adet buğday çalışılmıştır. BARE-1 retrotranspozon esaslı SSAP markörü için 284 polimorfik bant sayısı bulunurken, Jeli retrotranspozon esaslı SSAP için 199 polimorfik bant sayısı bulunmuştur. Ayrıca ortalama PIC değeri BARE-1 için 0,280 iken, Jeli için 0,310 bulunmuştur. Her iki markör için de allel frekansı hesaplanmış olup BARE-1'in allel frekansı 0,263 ve Jeli'nin allel frekansı 0,314 bulunmuştur. Çalışmanın sonunda Gypsy sınıfı LTR retrotranspozon ailesinden olan Jeli'nin B ve D genomları ile karşılaştırıldığında A genomunda daha fazla amplifiye olduğu gözlenmiştir. Araştırmacılar her iki markör sisteminin filogenetik çalışmalar,

genetik haritalama, QTL analizi ve tür ya da çeşit tanımlaması gibi çeşitli çalışmalarda kullanılabileceğini ifade etmişlerdir.

Rungis *et al.* (2012), AFLP ve IPBS markörlerini kullanarak ıslahçılar tarafından geliştirilmiş buğday, arpa ve yulafa ait ileri ıslah hatlarının genetik çeşitliliğini değerlendirmişlerdir. *Triticale* 9402-3 hattının alt hatlarında polimorfik AFLP lokus ve polimorfik IPBS lokus sayısı 2008, 2009 ve 2010 yıllarında değişim göstermiştir. 2008 yılında polimorfik AFLP lokus %99,52 iken 2009 ve 2010 yıllarında sırasıyla %93,58 ve %47,44 olarak bulunmuştur. IPBS için polimorfik lokus 2008 yılında %96,55 iken, 2009 ve 2010 yıllarında sırasıyla %82,89 ve %63,89 olarak saptanmıştır. Ayrıca çalışmada Nei (1978)'nin genetik uzaklığı her iki markör sistemi ile her 3 yıl için hesaplanmıştır. Ortalama genetik uzaklık üç yıl boyunca sırasıyla AFLP markörü için 0.147, 0.076 ve 0.025 iken, IPBS retrotranspozon markörü için 0.122, 0.085 ve 0.025 değerleri bulunmuştur. Çalışmada her iki moleküler markör sistemi ve morfolojik seçim yöntemi birlikte kullanılarak ileri ıslah hatlarında genetik çeşitliliğin azaltılması sağlanmıştır.

Andeden *et al.* (2013), yabancı nohut türlerinde genetik çeşitliliği ve ilişkiyi belirlemek amacıyla IPBS retrotranspozon ve ISSR markörlerini kullanmışlardır. 6 nohut türüne (*C. bijugum*, *C. pinnatifidum*, *C. echinospermum*, *C. reticulatum*, *C. judaicum* ve *C. arietinum*) ait toplam 71 örnek IPBS ve ISSR markörü ile taranmış olup ISSR markörü ile toplam 136 skorlanabilir bant elde edilirken, IPBS için 130 bant elde edilmiştir. ISSR markörü için ortalama polimorfizm 13,5 iken (%99,3), IPBS için ortalama polimorfizm 13,0 (%100) olarak bulunmuştur. 71 genotip arasındaki ortalama genetik çeşitlilik 0,27 iken, bu değer 0,05 ile 0,50 arasında dağılım göstermiştir. *C. echinospermum* ve *C. pinnatifidum* türlerine ait genotipler arasında polimorfizm açısından en fazla çeşitliliğin olduğu, *C. arietinum* genotiplerinde ise düşük polimorfizm görüldüğünü açıklamışlardır. Her iki markör sistemi içinde PIC değeri 0,91 olarak bulunmuştur. ISSR ve IPBS markörlerinden elde edilen genetik benzerlik mantel testi ile karşılaştırılmış olup, korelasyon katsayısı (r) 0,89 olarak bulunmuştur. Bir genotip hariç (ILWC73068 (*C. echinospermum*)) aynı türe ait genotipler kümeleme analizi sonucunda aynı grup altında birlikte kümelenmişlerdir. Mevcut çalışmada IPBS

retrotranspozonlarının yabani ve kültüre alınmış nohut türlerinde çeşitlilik çalışmaları için kullanışlı olduğuna değinilmiştir.

Demirel (2013), diploid ve tetraploid köy çeşitleri ile tescilli çeşitlerin arasındaki moleküler ve morfolojik özelliklerin tanımlanması için araştırma yapmıştır. Yaptığı çalışmada morfolojik gözlemlerden bitki verimini, biyolojik verimini, hasat indeksini ve olgunlaşma sürelerini ortalama olarak sırasıyla 0,64 g, 1,85 g, %34,24 ve 107,20 gün olarak belirtmiştir. ISSR markörlerini kullanarak yaptığı moleküler çalışmasında ortalama DICE benzerlik katsayısını 0,55, ortalama polimorfik bant sayısını 10,21 ve ortalama polimorfizm oranını ise %95,42 olarak saptamıştır.

Krupin *et al.* (2013), tuz stresine karşı tuza tolerantlı buğdaylar geliştirmek için buğdaygil çimininde (*Thinopyrum*) yer aldığı, buğdayın yabani akrabaları arasında gen donörü araştırmışlardır. Hibrit 10 tuza tolerant buğday-buğday çimi hattının farklı sodyum klorid (100, 150 ve 200 mM) konsantrasyonlarında çimlenmeden sonra 3'üncü ve 7'nci günde kök ve yaprak büyüme oranları hesaplanmıştır. Çalışmada araştırılan hatlar arasındaki genetik uzaklığı bulmak için IPBS, RAPD ve ISSR markörleri kullanılmıştır. Çalışma sonunda tuz toleransı benzer olan hatların genetik olarak da birbirine benzer olduğu kanısına varılmıştır.

Yılmaz and Gözükırmızı (2013), arpa doku kültüründe, kültüre almanın genetik etkisini araştırmak için BAGY2 retrotranspozon markörlerini kullanmışlardır. Çalışmada kültür süresine bağlı olarak BAGY2 polimorfizm oranlarının arttığını gözlemlemişlerdir. Çalışmada kontrol grubu ile 45 ve 90 günlük kalluslar birbirleriyle ve kendi içlerinde karşılaştırılmıştır. Kontrol grubu kendi içinde homomorfik iken, kontrol grupları ile 45 ve 90 günlük kallusları karşılaştırdıklarında polimorfizm oranlarını sırası ile %5 ve %20 olarak belirlemişlerdir. Araştırmacılar bulguları değerlendirdiğinde gruplar arasında görülen BAGY2 retrotranspozon markörü bant profillerinin farklı olmasının, doku kültürünün süresi ve koşulları ile ilgili olabileceğini ifade etmişlerdir.

Guo *et al.* (2014), üzüm çeşitlerinde IPBS markörleri ile moleküler çeşitliliği araştırmışlardır. Çalışmada bu amaç için 35 üzüm çeşidi ve 15 IPBS markörü kullanmışlardır. IPBS markörleri ile 35 genotipte toplamda 99 stabil ve skorlanabilir

bant seçilmiş olup, IPBS primerleri için her markör başına ortalama bant sayısını 6,6 olarak bulmuşlardır. Polimorfik bant yüzdesi %42,9 ile %100 arasında değişmiş, ortalama değeri ise %86,3 olarak saptamışlardır. Bu markörlerden elde edilen moleküler veriler ile genetik benzerlik matrisi oluşturulmuş, benzerlik matrisinden yararlanılarak UPGMA dendrogramı elde edilmiş ve dendrogramda 3 ana küme olduğu, yabani ve kültür çeşitlerinin birbirinden ayrı gruplandığı gözlenmiştir. Ayrıca, çalışmada Mantel testi gerçekleştirilmiş ve kophenetik korelasyon sayısının (r) 0,81 olduğu ve oluşturulan dendrogramın IPBS markörlerinden elde edilen verileri iyi temsil ettiği belirtilmiştir. Çalışmanın sonucunda hem kültüre alınmış Çin çeşitlerinde hem de yabani üzüm çeşitlerinde genetik çeşitliliğin fazla olduğu, üzüm germplazmalarının genetik çeşitliliğini değerlendirmek için IPBS markörlerinin uygun olduğu kanısına varmışlardır.

Kılıç ve ark. (2014), Güneydoğu Anadolu Bölgesi ekolojik koşullarında ileri kademe ekmeklik buğday hatları ve tescilli çeşitler ile yaptıkları çalışmada farklı çevrelerde genotiplerin bazı kalite özelliklerini incelemişlerdir. Diyarbakır lokasyonunda yaptıkları çalışmada genotiplere ait ortalama başaklanma süresini 124 gün ile 133 gün arasında, bitki boyunu 75 ile 100 cm aralığında, hektolitre ağırlığını 75,3 kg ile 80 kg arasında ve bin dane ağırlığını ise 26 g ile 33,4 g aralığında olduğunu saptamışlardır.

Baloch *et al.* (2015a), mercimekte genetik çeşitliliği ve mercimek çeşitlerinin birbirleri ile arasındaki ilişkiyi araştırmak için 10 ISSR markörü ve 73 IPBS retrotranspozon markörü kullanmışlardır. 6 farklı çeşite ait genotiplerde hem IPBS hem de ISSR markörlerinden 10 tanesi tekrarlanabilir ve kesin fragmentler ürettiği için seçilmiştir. 10 IPBS için 151 bant skorlanmış bunlardan 150 tanesi polimorfik (%99,3) bulunmuştur. 10 ISSR için ise 138 bant skorlanmış ve skorlanan bu bantların hepsinin polimorfik (%100) olduğu tespit edilmiştir. IPBS için ortalama PIC değeri 0.90 iken, ISSR için ise 0,97 olarak saptanmıştır. *L. culinaris* subsp. *orientalis* ve *L. ervoides* için IPBS markörlerinden iyi sonuçlar elde ederken; *L. Lamottei*'de bu markör sistemi düşük polimorfizm göstermiştir. Sonuç olarak *Lens culinaris* subsp. *culinaris* ve *Lens culinaris* subsp. *orientalis* arasında gözlenen yakın ilişkinin IPBS retrotranspozon markörleriyle açıkça ortaya konulduğu görülmüştür.

Baloch *et al.* (2015b), Türkiye germplazmındaki bezelyelerin popülasyon yapısını araştırmak amacıyla DNA temelli IPBS retrotranspozon markörlerini kullanmışlardır. Çalışmada 104 tane köy çeşidi ve 34 tane tarla ıslah hattı kullanılmıştır. Çalışmada kullanılan 12 IPBS retrotranspozon markörünün toplamda 106 adet skorlanabilir bant verdiği ve bunların 81'inin polimorfik olduğu sonucuna varılmıştır. Ayrıca kullanılan bu primerlerin ortalama PIC değerinin 0,61 olduğunu ve 0,33 ile 0,84 arasında dağıldığını rapor etmişlerdir. Çalışmada popülasyon yapısını incelemek için STRUCTURE programı kullanılmış olup K değeri 3 ve 5 olarak saptanmıştır. Türk köyçeşidi bezelyelerde gözlenen yüksek genetik çeşitliliğin coğrafiksel orijin ile ilişkili olmadığı açıklanmıştır. IPBS markörlerinin bezelye germplazmının moleküler karakterizasyonu için uygun olduğu önerilmiştir.

Shizuka *et al.* (2015), Türkiye'ye ait yabancı makarnalık buğday popülasyonlarında kloroplast SSR markörlerini kullanarak genetik çeşitliliği araştırmışlardır. Gaziantep bölgesinden toplanmış 91 adet yabancı makarnalık buğday genotipi 24 adet kloroplast SSR primer çifti ile taranmıştır. 24 adet SSR marköründen 9 tanesi polimorfik olarak bulunmuş ve ortalama allel sayısının 2,17 olduğu saptanmıştır. Popülasyonlar için beklenen genetik çeşitlilik (H_e) 0,00 ile 0,70 arasında değişirken, genetik çeşitlilik ortalamasının 0,28 - 0,29 arasında değiştiği görülmüştür. Araştırmacılar çalışmada kullanılan yabancı makarnalık buğday popülasyonlarında genetik varyasyonun yüksek olduğunu rapor etmişlerdir.

Yıldız *et al.* (2015), Türk bamya germplazmlarında genetik çeşitliliği araştırmak için IPBS retrotranspozon ve SSR markörlerini kullanmışlardır. 66 bamya köy çeşidi genetik çeşitlilik için değerlendirilmiştir. 13 IPBS markörü ile toplamda 88 bant elde edilmiş, bu bantların %40,2'sinin polimorfik olduğu, her primer başına ortalama bant sayısının 6,8 olduğu belirtilmiştir. IPBS markörü için genetik çeşitlilik ve Shannon'un bilgi içeriği sırasıyla 0,01 ile 0,13 ve 0,02 ile 0,021 arasında değişim göstermiştir. SSR için ise genetik çeşitlilik ve Shannon'un bilgi içeriği (Bir toplulukta verilen farklı türlere ait çeşitliliğin matematiksel olarak ölçümü (Chao and Shen, 2003)) sırasıyla 0,06 ile 0,46 ve 0,14 ile 0,65 arasında değişim göstermiştir. SSR markörü için PIC değeri 0,52 ile 0,81 arasında iken, IPBS için bu değer 0,12 ile 0,99 arasında saptanmıştır. SSR ve IPBS verilerine dayalı Neighbor Joining (NJ) analizi bütün genotipleri 4 gruba

bölmüştür. Fakat SSR markörleri IPBS'ye göre bamyaları orijinleri bakımından gruplamada daha etkin bulunmuştur. Çalışmada popülasyonun yapısını belirlemek amacıyla STRUCTURE programı kullanılmış ve popülasyon sayısı iki olarak ($K=2$) belirtilmiştir. Türk banya çeşitlerinde genetik çeşitliliğin az olduğu ve genetik bir dar boğaz yaşandığı ortaya konulmuştur. İslah öncesi veri oluşturmak için kullanılan IPBS markör sisteminin daha büyük genetik varyasyon oluşturmak için ıslahçılara kolaylık sağlayacağını belirtmişlerdir.

Kırdök and Çiftçi (2016), Akdenize ait fıstık çeşitlerinde genetik çeşitliliği tanımlamaya çalışmışlardır. Bu kapsamda IPBS, IRAP ve REMAP markör sistemleri kullanılmıştır. Çalışmada kullanılan 7 fıstık türü şunlardır; *Pistacia vera* L. cv. Siirt, *P. khinjuk* Stocks, *P. mutica* Fischer, *P. atlantica* Desf., *P. palaestina* Boiss., *P. terebinthus* L. ve *P. lentiscus* L.'dir. IPBS markör sistemi diğer markör sistemleri ile karşılaştırıldığında en fazla lokus bilgisi sağlamıştır (toplam 319 lokus, her bir markör başına 35,44 polimorfik lokus sayısı). Ancak her 3 markör sisteminde (IPBS, IRAP ve REMAP) polimorfizm oranı (0,94, 0,93 ve 0,93), beklenen heterozigotluk (0,35, 0,32 ve 0,3) ve PIC değerleri (0,35, 0,35 ve 0,32) birbirine yakın olarak tespit edilmiştir. Ayrıca çalışmada IPBS ve IRAP markörleri arasında Mantel testi gerçekleştirilmiş ve Mantel korelasyon değeri 0,79 olarak bulunmuştur. IPBS, IRAP ve REMAP arasındaki korelasyon ise 0,96 olarak saptanmıştır. Ancak REMAP ve diğer iki markör sistemi birlikte karşılaştırıldığında Mantel korelasyon değerinin 0,47 ile oldukça düşük olduğu belirtilmiştir. Neighbor joining metodu ile oluşturulan ağaç Akdeniz fıstık türlerini genel olarak 3 grupta kümelemiştir. İlk grup *P. vera* ve *P. khinjuk* türlerine ait genotiplerinden oluşurken, 2'nci grup *P. mutica* ve *P. atlantica*, 3'üncü grubun ise *P. lentiscus*, *P. palaestina* ve *P. terebinthus*'a ait genotiplerden oluştuğu ifade edilmektedir. Ayrıca çalışma sonucunda elde edilen mantel test sonuçlarının literatür ile karşılaştırıldığında yüksek olmadığı ve bunun sebebinin her bir markör sisteminin farklı mobil retrotranspozon bölgeleri hedef almasından kaynaklı olabileceği öne sürülmüştür. Araştırmacılar retrotranspozona dayalı moleküler markörlerin diğer fıstık türleri için moleküler karakterizasyon ve moleküler ıslah çalışmaları için kullanılabileceğini ifade etmişlerdir.

Yüzbaşıoğlu *et al.* (2016), yürüttükleri çalışmalarında pirinçte Hopi/Osr27 ve Houba/Tos5/Osr13 retrotranspozonlarını incelemişlerdir. Çalışmada *Oryza sativa*'ya ait Ipsala, Beser ve Osmancık-97 çeşitlerine ait 10 günlük kök ve yapraklarında retrotranspozon hareketi araştırılmıştır. Petri disklerde her 3 çeşide ait 3 bitki olacak şekilde filtre kağıdı arasında çimlendirilen bitkiciklerin yaprak ve kök örnekleri 10 gün sonra toplanılmıştır. Toplanan örneklerden genomik DNA izolasyonundan sonra PCR ile DNA'lar çoğaltılmıştır. Hopi/Osr27 için polimorfizm oranı %0 ile %17 arasında iken, Houba/Tos5/Osr13 için ise polimorfizm oranının %10 ile %87 arasında dağıldığı bulunmuştur. Ayrıca çalışmada sadece çeşitler arasında değil aynı bitkinin farklı organları arasında da retrotranspozon hareketinin farklı olduğunu belirtmişlerdir.

Gürcan *et al.* (2017), Türkiye'nin bazı köy çeşidi buğdaylarının moleküler ve agro-morfolojiksel karakterizasyonunu araştırmışlardır. Çalışmada, Kastamonu, Kayseri ve Konya illerinden toplanan 50 kavuzlu buğday genotipi, Kars'dan toplanan 15 ekmeçlik buğday genotipi ve 5 ticari çeşidi kullanmışlardır. Bitki boyu, başak başına dane sayısı, bitki verimi, başaklanma süresi, olgunlaşma süresi, bin dane ağırlığı ve protein oranı gibi bazı morfolojik karakterler değerlendirilmiştir. Kars'dan toplanan bütün buğday popülasyonlarının kavuzsuz olduğu, Konya ve Kayseri'den toplanan buğday popülasyonlarının kavuzlu olduğu belirtilmiştir. Kastamonu'dan toplanan 23 kavuzlu buğdayın 14'ü siyez, 9'u ise gernik olarak ayrılmıştır. Bitki verimi ve ploidi seviyesi arasında açık bir ilişki olduğu ifade edilmiştir. 11 SSR primer çifti moleküler karakterizasyonu ve genetik çeşitliliği tanımlamak amacıyla kullanılmıştır. 11 SSR primer çifti toplamda skorlanabilir 104 allel vermiştir. Lokus başına allel sayısı 6 ile 16 arasında dağılım gösterirken, ortalama allel sayısı 9,45 olarak bulunmuştur. Ortalama PIC değeri 0,67 iken, en düşük ve en yüksek PIC değeri sırasıyla 0,50 ve 0,86 olarak saptanmıştır. PIC değerleri üzerine dayalı ortalama genetik çeşitlilik 0.67 olarak bulunmuştur. Ayrıca melezleme katsayısını (inbreeding coefficient) veren Wright'ın fiksasyon indeksi (F) (Wright's fixation index) 0,69 ile 1 arasında değişmiş ve ortalama değeri 0,9 olarak bulunmuştur. Genetik yapıyı analiz etmek için Fit, Fis ve Fst değerleri PopGene32 programı ile hesaplanmıştır. Popülasyonlar arasındaki en yüksek genetik varyasyon (0,80) Xgwm312 markörü ile ortaya konulmuştur. SSR markörlerinden elde edilen veriler ile genetik ilişkiyi ortaya koymak adına maksimum bileşik olabilirlik

mesafesi (composite likelihood distance) metodu ile Mega Software (7.0.14 version) kullanılarak UPGMA dendogramı elde edilmiştir. 70 buğday genotipi dendogram üzerinde iki ana grupta kümelmiştir. Maksimum benzerlik Kayseri'den toplanan genotipler arasından Kayseri2, Kayseri5 ve Kayseri11 genotiplerinde gözlenmiştir. Popülasyonun genetik yapısını değerlendirmek amacıyla STRUCTURE programı kullanılmış ve K=6 olarak bulunmuştur. 70 genotipten 55'inin STRUCTURE analizi sonucunda saf olduğu ve geriye kalanların hibrit olduğu sonucuna varılmıştır. Çalışma sonunda araştırmacılar SSR markörlerinin farklı ploidi seviyelerindeki buğday genotiplerini ayırmada etkili olduğunu belirtmişlerdir.

Vuorinen *et al.* (2018), yabancı gernik buğdayında (*Triticum turgidum* ssp. *dicoccoides*) genetik çeşitliliği değerlendirmek amacıyla retrotranspozon markörleri kullanmışlardır. Çalışmada 1 Türk ve 14 İsrail popülasyonunu toplam 17 IRAP ve REMAP retrotranspozon markör metodu ile incelemişlerdir. Bu markör sistemleri toplamda 224 polimorfik bant üretmiştir. Ortalama polimorfik lokus oranı 0,360 iken, genetik uzaklığın derecesinin 0,138 ile 0,063 arasında değiştiğini saptamışlardır. Beklenen heterozigotluk 0,002 ile 0,204 arasında değişmiş olmakla birlikte en düşük beklenen heterozigotluk BeT-Oren popülasyonuna ait iken, en yüksek değer ise Mt. Hermon popülasyonuna ait bulunmuştur. Genetik uzaklık açısından popülasyonlar değerlendirildiğinde en uzak popülasyonlar Bet-Oren ve Yehudiyya (0,9421) iken en yakın popülasyonlar Mt. Gilboa ve Mt. Gerizim (0,2185) olarak saptanmıştır. Yehudiyya (genetik uzaklık $\geq 0,6391$), Tabigha (genetik uzaklık $\geq 0,6068$) ve Bet-Oren (genetik uzaklık $\geq 0,5994$) çeşitlerinin diğer çeşitlerden ve birbirinden genetik olarak uzak olduğu belirlenmiştir. PCA (Principal Component Analysis= Ana Bileşenler Analizi) analizi sonucunda Türkiye'den alınan buğday genotiplerinin (West Diyarbakır) İsrail genotiplerinden ayrı konumlanmış olduğu görülmektedir. Çalışmanın sonucunda örneklerin coğrafik dağılımının genetik uzaklık ile tutarlı olmadığı sonucuna varılmıştır.

3. MATERYAL ve METOT

3.1. Materyal

Çalışmanın yapıldığı materyaller, Türkiye'nin Kars, Kastamonu, Mersin, Konya, Sivas, Erzincan, Çankırı, Kayseri, Kahramanmaraş, Mardin, Aksaray, Niğde, Diyarbakır, Yozgat, Adıyaman ve Van illerinden köy çeşidi popülasyonlar toplanmıştır. Çizelge 3.1'de genotiplerin toplandığı bölgeler verilmiş olup, çalışmanın diğer aşamalarında da kullanılan genotip numaraları belirtilmiştir.

Çizelge 3.1. Bu çalışmada kullanılan genotiplere ait mevcut bilgiler

Genotip Numarası	İl	İlçe/Köy
1	Diyarbakır	Merkez
2	Kayseri	Epçe köyü
3	Kars	Kuyucuk Köyü
4	Kahramanmaraş	Elbistan
5	Kastamonu	İhsangazi
6	Konya	Merkez
7	Kastamonu	İhsangazi
8	Aksaray	Merkez
9	Van	Gedelova
10	Kastamonu	İhsangazi
11	Kayseri	Yeniköy
12	Kayseri	Pınarbaşı
13	Kastamonu	İhsangazi
14	Kayseri	Hotça Köyü
15	Mersin	Silifke
16	Kayseri	Develi
17	Iğdır	Merkez
18	Kars	Geçit Köyü
19	Van	Merkez
20	Kastamonu	İhsangazi
21	Kars	Merkez
22	Erzincan	Merkez

Çizelge 3.1'in devamı

Genotip Numarası	İl	İlçe/Köy
23	Kars	Büyükçatma
24	Kayseri	Gümüşören
25	Kars	Merkez
26	Kastamonu	Merkez
27	Kastamonu	İhsangazi
28	Kars	Büyükçatma
29	Çankırı	Merkez
30	Kayseri	Epçe köyü
31	Niğde	Merkez
32	Kars	Geçit Köyü
33	Kars	Küçükçatma
34	Kastamonu	İhsangazi
35	Kars	Geçit Köyü
36	Mardin	Merkez
37	Yozgat	Merkez
38	Kayseri	Yemliha
39	Sivas	Divriği
40	Konya	Merkez
41	Adıyaman	Merkez
42	Sivas	Merkez
43	Sivas	Gemerek
44	Kastamonu	İhsangazi
45	Sivas	Gürün
46	Kars	Güvercin Köyü
47	Mersin	Merkez
48	Kastamonu	İhsangazi
49	Iğdır	Merkez
50	Şanlıurfa	Merkez
51	Van	Gedelova
52	Mersin	Çarkçılı köyü

Çizelge 3.1'in devamı

Genotip Numarası	İl	İlçe/Köy
53	Konya	Merkez
54	Kars	Duraklı Köyü
55	Ahmetağa	Bahri Dağdaş Uluslararası Tarımsal Araştırma Enstitüsü
56	Aydın-93	GAP Uluslararası Tarımsal Araştırma ve Eğitim Merkezi
57	Fırat-93	GAP Uluslararası Tarımsal Araştırma ve Eğitim Merkezi
58	Cemre	GAP Uluslararası Tarımsal Araştırma ve Eğitim Merkezi

3.1.1. Deneme alanının seçimi, toprak ve iklim verileri

Araştırmanın morfolojik gözlem ve incelemeleri; Iğdır ili koşullarında, Iğdır Üniversitesi Tarımsal Araştırma ve Uygulama Merkezi'nin deneme alanında yapılmıştır. Iğdır ovası, Doğu Anadolu Bölgesinin mikroklima özelliği gösteren en düşük rakımlı, çevre illere göre farklı özellik gösteren (iklim, toprak ve bitki örtüsü gibi) ve yüzölçümü geniş olan ovalardan biridir (Karaoğlu, 2011).

Çizelge 3.2. Denemenin kurulduğu arazinin toprak özellikleri

İncelenen Özellikler	Değerleri
pH	8,60
EC (dS/m)	1,37
CaCO₃ (%)	22,25
Toplam N (%)	0,06
Organik madde (%)	1,20
P₂O₅ (ppm)	51,50
K₂O (ppm)	851,50

Deneme alanının farklı noktalarından alınan 0-20 cm derinliğindeki toprağın killi-tınlı bünyeye sahip olduğu, toprak pH'sının 8,6'ya (şiddetli alkali) sahip olduğu, organik madde miktarının %1,20, kireç (CaCO₃) miktarının %22,25, azot miktarının (N) %0,06, potasyum miktarının (K₂O) 851,5 ppm, fosfor miktarının 51,5 ppm ve elektriksel iletkenlik değerinin 1,37 dS/m olduğu saptanmıştır (Çizelge 3.2).

Çizelge 3.3. Iğdır ili 2017 yılı ve uzun yıllar ortalamalarına (UYO) ait iklim verileri

Aylar	Yağış (mm)		Sıcaklık (°C)		Nispi Nem (%)	
	Yetiştirme Sezonu	UYO	Yetiştirme Sezonu	UYO	Yetiştirme Sezonu	UYO
Mart	8,5	20,7	6,7	6,9	59,9	51,8
Nisan	14,5	38,1	13,4	13,4	47,2	49,6
Mayıs	51,7	47,5	18,6	17,6	54,0	51,1
Haziran	6,9	33,6	24,2	22,3	42,9	47,1
Temmuz	6,1	13,4	28	26,2	41,9	45,1
Ağustos	8,0	9,4	27,8	25,6	44,3	46,7
Toplam/Ort	95,7	162,6	19,8	18,7	48,4	48,6

*Meteoroloji Genel Müdürlüğü, 2017

2017 yılı yağış, sıcaklık ve nispi nem verileri incelendiğinde; materyallerin ekili olduğu dönemlerin yağış miktarının uzun yıllar ortalamasının yağış miktarından 1,7 kat daha az olduğu, sıcaklığın bir miktar fazla olduğu ve nispi nemin benzer miktarda kaldığı görülmüştür (Çizelge 3.3). Yağış miktarının olumsuz etkilerini gidermek için materyaller düzenli olarak sulanmıştır.

3.2. Metot

3.2.1. Materyallerin ekimi, bakımı ve hasadı

Tarlaya önce 31 Mart 2017’de her bir popülasyon 1 metre uzunluğundaki sıralara beşerli sıralar halinde olacak şekilde sıra üzeri yaklaşık 10 cm’lik mesafeler ile 3 tekerrürlü olacak şekilde; toplanmış 54 köy çeşidi ve 4 tescilli çeşit araziye tesadüf blokları deneme desenine göre ekilmiştir. Saf olacak şekilde toplam 6 kg/da azotun yarısı ve 4 kg/da fosforun tamamı ekimle birlikte verilmiş olup, kalan azot ise kardeşlenme ve sapa kalkma zamanlarında verilmiştir. Ekimden sonra çıkış ve çimlenmenin garanti altına alınması için genetik materyaller 10 Nisan 2017 tarihinden sonra sulanmaya başlanmıştır. 26 Mayıs 2017 tarihinde denemenin yabancı ot kontrolü için elle yolma yapılmıştır. Materyaller elle hasat edilmiştir.

Materyaller ayrıca oluşabilecek olumsuz durumlara karşı 13 Nisan 2017 tarihinde torf dolu viyollere ekilmiştir. Toplamda 67 popülasyon viyollere ekilmiş, bunların 58’i çimlenmiştir. Çıkışların görüldüğü (1-2 yapraklı) andan sonra 25 Nisan

2017 tarihinde tarlaya şaşırtılmıştır. Tarlaya her bir popülasyon 1 metre uzunluğundaki sıralara beşerli sıralar halinde olacak şekilde sıra üzeri yaklaşık 15 cm'lik mesafeler ile 3 tekerrürlü olarak araziye şaşırtılmıştır. Materyaller elle hasat edilmiştir.



Şekil 3.1. Araziye buğday popülasyonlarının ekimi ve bitki çıkışları

3.2.2. İncelenen morfolojik ve tarımsal özellikler

Denemede, popülasyonların genel görünümüne bakılarak mumsuluk, tüylülük, kulakçık rengi, kavuzluluk, büyüme habitusu, olgunlaşma süresi, başaklanma süresi, başak uzunluğu ve bitki boyu özellikleri Yalçın (2007) ve Demirel (2013)'e göre incelenmiştir. Laboratuvarında, her popülasyondan tesadüfen seçilen 3 ila 10 bitkinin ölçümleri yapıldıktan sonra bunların ortalaması alınarak standart sapma ve varyasyon katsayıları hesaplanmıştır. Yapılan analizlere ilişkin detaylı bilgiler aşağıda verilmiştir.

3.2.2.a. Bitki boyu (cm)

Her popülasyondan hasat öncesi 3-10 adet bitki belirlenip, ana sapın toprak yüzeyinden başağın ucuna kadar olan mesafe (kılçıklar hariç) cm cinsinden ölçülüp, ortalaması alınarak bulunmuştur.

3.2.2.b. Başak uzunluğu (cm)

Her popülasyondan tesadüfü olarak alınan 3-10 adet ana sap başağının, başak alt boğumundan, en üstteki başakçık ucuna kadar olan (kılçıklar hariç) uzunluk ölçülerek cm olarak ölçülmüştür.

3.2.2.c. Başaktaki dane sayısı (adet)

Başak boyu ve uzunluğu alınan bitkilerin başakları toplanıp, elle harman edilerek ve daneler sayılarak bir başaktaki dane sayısı bulunmuştur.

3.2.2.ç. Başak verimi (g)

Bir başaktan çıkan daneler, hassas terazide tartılarak başak verimi ölçülmüştür.

3.2.2.d. Bitki verimi (g)

Bir bitkiden elde edilen tüm daneler hassas terazide tartılarak bitki verimi bulunmuştur.

3.2.2.e. Biyolojik verim (g)

Bir bitkinin toprak üstü tüm kısımları terazide tartılarak, biyolojik verimleri belirlenmiştir.

3.2.2.f. Hasat indeksi (%)

Bir bitkiden elde edilen dane veriminin biyolojik verime bölünüp 100 ile çarpılmasıyla hasat indeksi hesaplanmıştır. Hasat indeksi, dane miktarının yüzde olarak toplam bitki miktarının ne kadarlık kısmını oluşturduğunu belirtmektedir.

3.2.2.g. Başaklanma süresi (gün)

Çimlenme ve çıkıştan sonra parseldeki bitkilerin yaklaşık %75'inin başağını, yaprak kınından çıkardığı tarih arasındaki gün sayılarak bulunmuştur.

3.2.2.ğ. Olgunlaşma süresi (gün)

Çimlenme ve çıkıştan sonra parseldeki bitkilerin yaklaşık %90'ının hasat olgunluğuna geldiği tarih arasındaki günler sayılarak hesaplanmıştır.

3.2.2.h. Bin dane ağırlığı (g)

Harman edilmiş daneler 100'er adet olmak üzere 4 defa sayılarak tartılmış ve ortalamaları alındıktan sonra 10 ile çarpılarak 1000 dane ağırlığı gram olarak belirlenmiştir.

3.2.2.ı. Hektolitre ağırlığı (g)

Popülasyonların 100 ml'sinin tartılarak ağırlıkları gram olarak hesaplanmıştır.

3.2.2.i. Kulakçık rengi

Tüm popülasyonların vejetatif büyüme dönemi sırasında kulakçık renklerine bakılarak mor veya beyaz olarak gözlemlenip belirlenmiştir.

3.2.2.j. Tüylülük

Tüm popülasyonların gövdesi incelenerek gövde tüylülüğüne bakılmış, gövdesinde tüy olanlar var olarak, tüy olmayanlar yok olarak belirlenmiştir.

3.2.2.k. Mumsuluk

Tüm popülasyonların gövdeleri incelenerek gövdedeki mumsuluğuna bakılmıştır. Gövdesinde mumsuluk olanlar var olarak, mumsuluk olmayanlar yok olarak saptanmıştır.

3.2.2.l. Büyüme habitusu

Bitkilerin gelişim durumlarına göre yatık, yarı yatık ve dik olup olmadıkları belirlenmiştir.

3.2.2.m. Kavuzluluk

Hasattan sonra kavuzlu olan popülasyonlar var, kavuzlu olmayanlar ise yok olarak belirlenmiştir.

3.2.3. Morfolojik ve tarımsal verilerin analizi

Kalitatif özellik olan kulakçık rengi, tüylülük, mumsuluk, büyüme habitusu ve kavuzluluk gibi özelliklerin kesikli veri olması göz önüne alınarak elde edilen sonuçlar yüzde (%) olarak sınıflandırılmıştır. Bunların dışındaki tüm gözlemler kantitatif veriler olup, süreklilik içermesinden dolayı elde edilen verilerin varyasyonunu belirlemek amacıyla temel istatistiksel unsurlardan olan ortalama, varyasyon katsayısı ve standart sapma ayrı ayrı hesaplanmıştır (Düzgüneş ve ark., 1983).

<i>Aritmetik Ortalama</i>	<i>Standart Sapma</i>	<i>Varyasyon Katsayısı</i>
$\bar{X} = \frac{\sum_{i=1}^n X_i}{n} = \frac{X_1 + X_2 + \dots + X_n}{n}$	$SS = \sqrt{\frac{\sum X_i^2 - \frac{(\sum X_i)^2}{n}}{n-1}} = \sqrt{\frac{\sum (X_i - \bar{X})^2}{n-1}}$	$V = \frac{S}{\bar{X}} \times 100$
<p>X₁ : Birinci ölçüm değeri X₂ : İkinci ölçüm değeri X_n : n'inci ölçüm değeri</p>	<p>SS : Standart sapma X_i : i'nci ölçüm değeri \bar{X} : n sayıda ölçümün ortalaması n : Ölçüm sayısı</p>	<p>S : Standart sapma X : Ortalama V : Varyasyon Katsayısı</p>

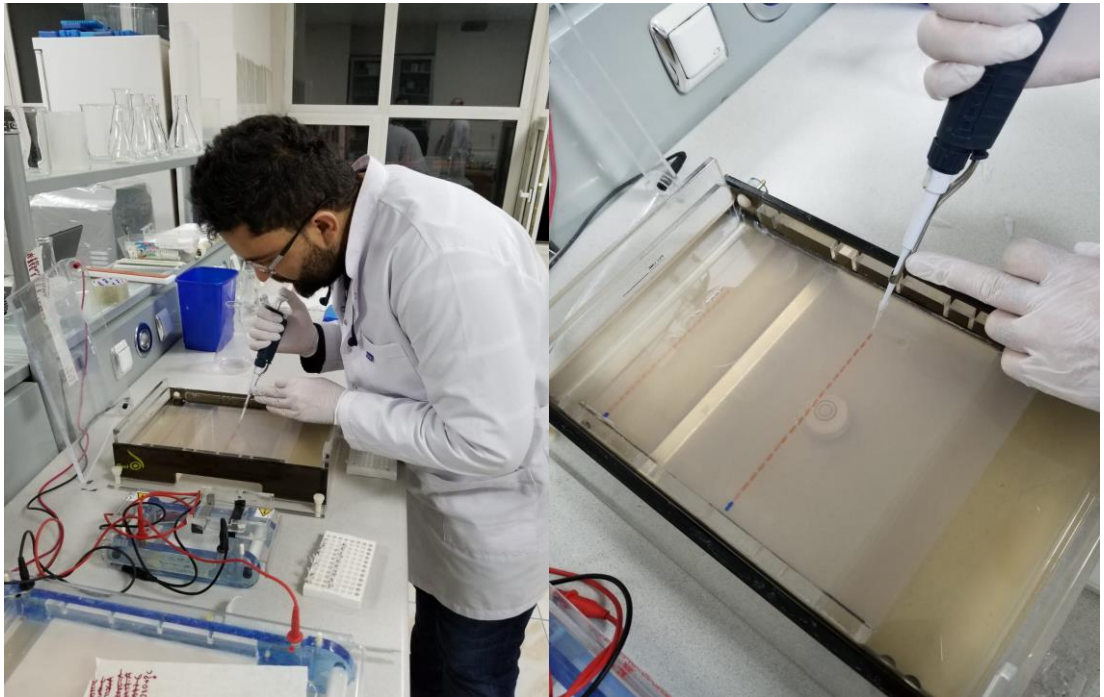
Şekil 3.2. Morfolojik verilerin hesaplanmasında kullanılan temel istatistiksel formüller (Demirel, 2013)

3.2.4. Moleküler karakterizasyon

Çalışmanın moleküler karakterizasyon kısmı için Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümüne ait moleküler genetik laboratuvarı kullanılmıştır (Şekil 3.3 ve Şekil 3.4).



Şekil 3.3. Laboratuvar çalışmasından görüntüler



Şekil 3.4. Elektroferez sistemi ve jele DNA'ların yüklenmesi

3.2.5. Moleküler karakterizasyon için bitki materyallerinin hazırlığı

Araziden hasat edilen buğday popülasyonları laboratuvar ortamında saklanmıştır. Her bir popülasyondan alınan 4-5 adet buğday örnekleri moleküler analiz için Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümüne ait seralarda viyollere ekilip çimlendirme yapılmıştır.

3.2.6. Genomik DNA izolasyonu

DNA izolasyonu; Doyle and Doyle (1990)'e göre CTAB (Cetyltrimethylammonium bromide) protokolü modifiye edilerek uygulanmıştır. Uygulanan DNA izolasyon protokolüne göre; genotiplerin genç yapraklarından 0,30-0,35 g olacak şekilde yaprak parçaları tartılıp sıvı azot kullanılarak havan içerisinde pudra haline getirilerek eppendorf tüplere aktarılmıştır. Eppendorf tüp içerisinde yaprak örneklerinin üzerine 1000 µl CTAB buffer ilave edilip, karışması için 1-2 kez alt üst edildikten sonra bir saat boyunca 65-70 °C'deki su banyosunda bekletilmiştir. Her on dakikada bir 4-5 kez çok yavaş bir şekilde alt üst edilmiştir. Daha sonra oda sıcaklığında 10 dakika bekletilmiştir. 24 °C'de 14000 devirde (rpm) 20 dakika santrifüj edilmiştir. Santrifüjlenen tüplerin süpernatant kısmından 800 µl alınıp, yeni eppendorf tüplere aktarılmıştır. Üzerine daha sonra kloroform:izoamilalkol (24:1) (v/v) karışımından 800 µl ilave edilmiştir. Birkaç kez alt üst edildikten sonra 4 °C'de 14000 devirde 20 dakika santrifüj edilmiştir. Santrifüjlenen tüplerin üst faz kısmından 600 µl alınıp yeni tüplere aktarılmıştır. Daha sonra üzerine kloroform:izoamilalkol (24:1) (v/v) 600 µl ilave edilerek bir dakika boyunca alt üst edilmiştir. 4 °C'de 14000 devirde 20 dakika santrifüj edilmiştir. Santrifüj edilen tüplerin içerisindeki üst faz kısmından 500 µl alınıp buz içerisinde yerleştirilen yeni eppendorf tüplerin içerisine aktarılmıştır. Üzerine 100 µl amonyum asetat (10 M), 100 µl sodyum asetat (3 M) ve 500 µl soğuk isopropanol ilave edilip birkaç kez alt üst edilmiştir. 4 °C'de 14000 devirde 20 dakika santrifüj edilmiştir. -20 °C'den çıkarılan %70'lik etil alkolden 200 µl ekleyip bir dakika beklettikten sonra 4 °C'de 14000 devirde 5 dakika santrifüj edilmiştir. Sıvı faz çöpe dökülüp DNA topağı oda sıcaklığında kurumaya bırakılmış ve topak kurduktan sonra 100 µl 1x'lik TE (10 mM Tris, 0,1 mM EDTA, pH 7,4) içinde çözdürülerek muhafaza edilmiştir.

3.2.7. Agaroz jel elektroforezinde DNA yoğunluğunun incelenmesi

%1'lik agaroz jeli hazırlamak için gerekli agaroz, 1X Tris-Asetikasit-EDTA (TAE) tamponu ve jelin boyanması için 100 ml agaroz solüsyonu başına 10 µl olacak şekilde SafeView™ Classic (G108, ABM) eklenmiştir. 100°C'de kaynatılarak homojen hale getirilmiştir. Daha sonra elektroforez kasalarına dökülerek taraklar takılıp jel polimerize olduktan sonra yüklemeye hazır hale getirilmiştir. İzolasyonu yapılmış örneklerden 2 µl alınarak ve üzerlerine 8 µl ultra saf su ve 2 µl brom fenol blue ilave edilmiştir. Elde edilen bu karışım mikropipet yardımıyla kuyucuklara yüklenmiştir. İlk kuyucuğa, 2 µl 1kb (DNA ladder, Fermentas GeneRuler™) konulmuştur. Elektroforez işlemi 60 Volt gerilim ve 400 mA akımla iki saat süre ile yürütülmüştür. Elektroforez işleminden sonra yürütülen örnekler Gel Doc™ XR+ görüntüleme sistemi ile Ultraviyole (UV) ışık altında agaroz jel görüntülenerek bilgisayara aktarılmıştır.

3.2.8. DNA yoğunluğunun ölçülmesi

Moleküler markör tekniklerinden herhangi biri kullanılarak yapılacak çalışmalarda genotiplere ait DNA'ların kalitesinin ve yoğunluklarının bilinmesi gerekmektedir. DNA'nın kalitesi ve saflığı ile ilgili bilgileri veren A₂₃₀ ve A₂₈₀ dalga boylarındaki absorbans oranının yaklaşık 1,8 nm olması beklenir (Wilfinger *et al.*, 1997). İzolasyonu yapılan ve agaroz jel elektroforezinde saflıkları belirlenen DNA'ların miktarları, Qubit® 2.0 (Fluorometer, INVITROGEN) cihazıyla çift sarmal DNA'ların A₂₃₀ ve A₂₈₀ değerleri ölçümlenmiştir. Saflık görüntüsüne ve kalite analizine göre stok DNA'lar 5 ng/µl olacak şekilde seyreltilerek çalışma solüsyonu hazırlanmıştır. PCR reaksiyonlarında kullanılmak amacıyla stok DNA'lar -20°C'de muhafaza edilmiştir.

3.2.9. IPBS markör analizi

Primerlerin amplifikasyon ve polimorfizm durumunu incelemek için 4 buğday genotipinde PCR uygulanmıştır. Literatürden elde edilen 20 markör içerisinden en parlak bant veren ve en iyi amplifikasyon olan 10 IPBS-retrotranspozons markörleri kullanılmıştır (Kalender *et al.*, 2010). PCR Thermal Cycler cihazında Çizelge 3.3'de belirtildiği şekilde reaksiyona tabi tutulmuştur.

IPBS-retrotranspozons Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR) bileşenleri 7 µl dH₂O, 2 µl primer (10 pmol), 2 µl 10X PZR buffer (750 mM Tris-HCl pH 8.8, 200 mM (NH₄)₂SO₄, % 0,1 (v/v) Tween-20), 2 µl MgCl₂ (25 mM), 0,5 µl dNTP (2 mM her bir

dNTP (dATP, dGTP, dCTP ve dTTP)), 0,5 µl Taq DNA polymerase (Applied Biological Materials (ABM, Canada)) ve 4 µl DNA (5 ng/µl) olmak üzere toplam hacim 20 µl olacak şekilde hazırlanmıştır.

Çizelge 3.4. PCR işlemi için reaksiyon basamakları, süresi ve sıcaklıkları

Reaksiyon Basamağı	Sıcaklık (°C)	Süre (sn)	Reaksiyon Döngü Sayısı
Ön bozulma (Denatürasyon)	94	30	1
Bozulma (Denatürasyon)	94	25	42
Yapışma (Annealing)	Markör bağlanma sıcaklığı	45	42
Uzama (Extension)	72	60	42
Son Uzama	72	300	1

PCR analizi için kullanılan markörlerin isimleri ve sekans bilgileri Çizelge 3.4'de yer almaktadır.

Çizelge 3.5. PCR analizlerinde kullanılan IPBS markörleri ve sekansları

Numara	Markör Adı	Markör Sekansları 5'--3'	Amplifikasyon	Polimorfizm
1	IPBS -2219	GAACTTATGCCGATACCA	Var	Var
2	IPBS -2270	ACCTGGCGTGCCA	Var	Var
3	IPBS -2271	GGCTCGGATGCCA	Var	Var
4	IPBS -2278	GCTCATGATACCA	Var	Var
5	IPBS -2375	TCGCATCAACCA	Var	Var
6	IPBS -2377	ACGAAGGGACCA	Var	Var
7	IPBS -2378	GGTCCTCATCCA	Var	Var
8	IPBS -2383	GCATGGCCTCCA	Var	Var
9	IPBS -2386	CTGATCAACCCA	Var	Var
10	IPBS -2390	GCAACAACCCCA	Var	Var

3.2.10. PCR ürünlerinin agaroz jel elektroforezi

PTC-225 Peltier Thermal Cycler (MJ Research, Nevada, USA) cihazından çıkan (PCR) DNA örnekleri yatay jel elektroforez cihazında yürütülmüştür. %1,5'lik Sodyum hidroksit (NaOH) - Borik asit - EDTA (SB) agaroz jeli hazırlanırken jelin boyanması için 100 ml agaroz solüsyonu başına 10µl olacak şekilde SafeView™ Classic (G108,

ABM) eklendikten sonra elektroforez kasasına dökülerek örnek sayısına uygun taraklar takılmıştır. Jel donduktan sonra 1X SB tamponu bulunan kasa içerisine yerleştirilmiştir. PCR tüplerindeki amplifikasyon ürünü ve boyanın karışması sağlandıktan sonra örnekler kuyulara yüklenmiştir. İlk kuyucuğa 2 µl işaretleyici (100 bp plus DNA ladder, Thermo GeneRuler™) konulmuştur. Elektroforez işlemi 140 volt'ta iki buçuk saat süre ile gerçekleştirilmiştir.

3.2.11. Moleküler verilerin analizi

Markörün farklı genotipleri ayırt edebilmesine polimorfizm (farklılık gösterme) denmekte olup markörlerin polimorfizm oranları markör tipine ve bitki türüne göre büyük ölçüde değişmektedir (Yıldırım ve Kandemir, 2001). Çalışmada kullanılan IPBS markörlerinin polimorfizm oranları, markörlerden elde edilen toplam polimorfik bant sayısının, toplam bant sayısına bölünerek 100 ile çarpılması sonucu aşağıda belirtilen formül ile bulunmuştur:

$$(\text{Polimorfik bant sayısı} / \text{Toplam bant sayısı}) \times 100 = \text{Polimorfizm Oranı (\%)}$$

DNA bantlarının var olması durumunda "1", yokluğu durumunda "0" olarak sonuçlar bir veri dosyasına kaydedilmiştir. PCR başarısızlığı veya herhangi bir deneme hatası nedeniyle olmadığı düşünülen bantlar ise kayıp veri (missing data) "9" olarak kaydedilmiştir. Elde edilen DNA verileri NTSYS (Numerical Taxonomy Multivariate Analysis System), NTSYS-pc version 2.11f, Exeter Software paket programı kullanılarak analiz edilmiştir (Rohlf, 2000). Bu program kullanılarak, popülasyonlar arasındaki benzerlik indeksleri hesaplanmıştır (Dice, 1945) ve benzerlik indeksinden yararlanılarak UPGMA metodu ile dendrogram oluşturulmuştur. DICE benzerlik matrisine dayalı UPGMA dendrogramı ve varyans-kovaryans matrisine dayalı Temel Bileşenler Analizi yapılmıştır. DICE benzerlik katsayısına dayalı matris UPGMA metoduna göre bireyler arasındaki genetik ilişkiyi belirlemek için SIMQUAL modülünde $2a/(2a+b+c)$ formülüne göre; a: Her çift arasındaki karşılaştırılan bant varlığının toplamı; b: Toplam bant sayısının ilk birey için varlığı; c: Toplam bant sayısının ikinci birey için varlığı oluşturulmuştur. DICE benzerlik katsayısına dayalı matris ilk olarak COPH. modülü kullanılarak ağaç matrisi ultrametrik benzerlik matrisine çevrilip sonra MxCOMP modülü kullanılarak ultrametrik benzerlik matrisi ile benzerlik matrisi kıyaslanmıştır. Temel Bileşenler Analizi için öncelikle SIMINT

modülü kullanılarak korelasyon matrisi oluşturulmuş olup bu matris EIGEN modülü kullanılarak eigen vektörleri hesaplanmıştır. Eigen vektörleri PROJ modülünde kullanılarak iki boyutlu (2D) ve üç boyutlu (3D) grafikler elde edilmiştir. IPBS markörlerine ait bazı değerler (H ve PIC) PowerMarker programı ile hesaplanmıştır.

Popülasyon yapısını tanımlamak için STRUCTURE version 2.3.4 (Pritchard *et al.*, 2000) paket programı ile kümeleme metodu kullanılarak elde edilmiştir. Popülasyon sayısı 1'den 10'a kadar belirlenmiş ve 5000 tekrar ile 5000 yakma periyodu ayarlanarak yapı analizi gerçekleştirilmiştir. Popülasyon sayılarını belirlemek için Delta K (ΔK) ardışık değerleri arasındaki verinin kayıt ihtimalindeki değişim oranı temellendirilmiştir. Delta K için STRUCTURE HARVESTER 0.6.94 Web version programı kullanılmıştır.

4. ARAŞTIRMA BULGULARI ve TARTIŞMA

4.1. Morfolojik Gözlemler

Bu çalışma çerçevesinde sulu koşullarda yetiştirilen 54 köy çeşidi popülasyonlarından 13 tanesi makarnalık buğday (*Triticum durum*), 20 tanesi ekmeçlik buğday (*Triticum aestivum*), 16 tanesi gernik buğdayı (*Triticum dicoccum*) ve 5 tanesi siyez buğdayı (*Triticum monococcum*)'dır. 4 tescilli buğday çeşidinden 2 tanesi makarnalık buğday (*Triticum durum*) ve 2 tanesi ekmeçlik buğday (*Triticum aestivum*)'dır. SPSS paket programında, bitki boyu, başak uzunluğu, başakta dane sayısı, başak verimi, bitki verimi, biyolojik verim ve hasat indekslerine ait verilerin varyans analizleri yapılmıştır (Çizelge 4.1). Ortalamalar arasındaki farkların önem düzeylerini belirlemek için gruplama (Duncan Testi) uygulanmıştır. Popülasyon ve çeşitlere ait genotip numaraları Çizelge 4.2'de belirtilmiş ve alınmış morfolojik gözlemler ise takip eden çizelgelerde verilmiştir.

Çizelge 4.1. Bazı morfolojik değerlere ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	SD	F Değeri						
		BB	BU	BDS	BV	BTV	BYV	Hİ
Tekerrür	2	3,23*	0,02 ^{öd}	0,25 ^{öd}	3,53*	4,24*	3,81*	0,65 ^{öd}
Çeşit	57	35,55**	282,38**	61,03**	16,20**	17,59**	43,24**	29,04**
Hata	114							
Genel	173							

** : %1 seviyesinde önemli, * : %5 seviyesinde önemli, öd: Önemli Değil, SD: Serbestlik derecesi, BB: Bitki boyu, BU: Başak uzunluğu, BDS: Başakta dane sayısı, BV: Başak verimi, BTV: Bitki verimi, BYV: Biyolojik verim, Hİ: Hasat indeksi

Varyans analizi sonuçları incelendiğinde, tekerrürler arasında bitki boyu, başak verimi, bitki verimi ve biyolojik verim bakımından önemli ($p \leq 0,05$) varyasyonlar gözlemlenmişken, başak verimi, başakta dane sayısı ve hasat indeksi yönünden istatistiksel anlamda bir farklılık olmamıştır. Çeşitler arasında bitki boyu, başak uzunluğu, başakta dane sayısı, başak verimi, bitki verimi, biyolojik verim ve hasat indeksi bakımından istatistiksel anlamda çok önemli ($p \leq 0,01$) varyasyonlar gözlemlenmiştir.

Çizelge 4.2. Araştırmada kullanılan genotiplerin tür adları

Genotip Numarası	Tür Adı	Genotip Numarası	Tür Adı	Genotip Numarası	Tür Adı
1	<i>Triticum durum</i>	21	<i>Triticum dicoccum</i>	41	<i>Triticum aestivum</i>
2	<i>Triticum dicoccum</i>	22	<i>Triticum aestivum</i>	42	<i>Triticum aestivum</i>
3	<i>Triticum dicoccum</i>	23	<i>Triticum dicoccum</i>	43	<i>Triticum durum</i>
4	<i>Triticum aestivum</i>	24	<i>Triticum aestivum</i>	44	<i>Triticum dicoccum</i>
5	<i>Triticum monococcum</i>	25	<i>Triticum dicoccum</i>	45	<i>Triticum aestivum</i>
6	<i>Triticum aestivum</i>	26	<i>Triticum durum</i>	46	<i>Triticum dicoccum</i>
7	<i>Triticum dicoccum</i>	27	<i>Triticum monococcum</i>	47	<i>Triticum durum</i>
8	<i>Triticum aestivum</i>	28	<i>Triticum dicoccum</i>	48	<i>Triticum monococcum</i>
9	<i>Triticum aestivum</i>	29	<i>Triticum durum</i>	49	<i>Triticum durum</i>
10	<i>Triticum monococcum</i>	30	<i>Triticum aestivum</i>	50	<i>Triticum durum</i>
11	<i>Triticum dicoccum</i>	31	<i>Triticum aestivum</i>	51	<i>Triticum aestivum</i>
12	<i>Triticum aestivum</i>	32	<i>Triticum durum</i>	52	<i>Triticum durum</i>
13	<i>Triticum dicoccum</i>	33	<i>Triticum dicoccum</i>	53	<i>Triticum durum</i>
14	<i>Triticum dicoccum</i>	34	<i>Triticum monococcum</i>	54	<i>Triticum dicoccum</i>
15	<i>Triticum durum</i>	35	<i>Triticum durum</i>	55	<i>Triticum aestivum</i>
16	<i>Triticum dicoccum</i>	36	<i>Triticum aestivum</i>	56	<i>Triticum durum</i>
17	<i>Triticum durum</i>	37	<i>Triticum aestivum</i>	57	<i>Triticum durum</i>
18	<i>Triticum aestivum</i>	38	<i>Triticum aestivum</i>	58	<i>Triticum aestivum</i>
19	<i>Triticum aestivum</i>	39	<i>Triticum aestivum</i>		
20	<i>Triticum dicoccum</i>	40	<i>Triticum aestivum</i>		

4.1.1. Bitki boyu

Bütün popülasyonların bitki boyu bakımından ortalamaları incelendiğinde, yerel popülasyonlar içerisinde bitki boyu 98,50 cm ile 42 numaralı genotip en uzun olarak belirlenmişken, en küçük bitki boyunun ise 54,25 cm ile 8 numaralı genotipe ait olduğu

görülmüştür. Yerel makarnalık (*Triticum durum*) popülasyonlar kendi içerisinde incelendiğinde ise bitki boyu bakımından en uzun 91,75 cm ile 15 numaralı genotip iken en kısa 57,25 cm ile 47 numaralı genotip olduğu saptanmıştır. Yerel ekmeklik (*Triticum aestivum*) popülasyonlar kendi içerisinde incelendiğinde ise bitki boyu bakımından en uzun 98,50 cm ile 42 numaralı genotip iken en kısa 54,25 cm ile 8 numaralı genotip olduğu belirlenmiştir. Gernik (*Triticum dicoccum*) buğday popülasyonları kendi içerisinde incelendiğinde ise bitki boyu bakımından en uzun 95,75 cm ile 46 numaralı genotip iken en kısa 69 cm ile 3 numaralı genotipe ait olduğu rastlanmıştır. Siyez (*Triticum monococcum*) buğday popülasyonları kendi içerisinde incelendiğinde ise bitki boyu bakımından en uzun 94,25 cm ile 48 numaralı genotip iken en kısa 62 cm ile 34 numaralı genotip olduğu saptanmıştır. Makarnalık buğday çeşitleri de bitki boyu bakımından en uzun 76,50 cm ile 57 numaralı Fırat-93 çeşidi iken en kısa 59,25 cm ile 56 numaralı Aydın-93 çeşidi olduğu belirlenmiştir. Ekmeklik buğday çeşitleri de bitki boyu bakımından incelendiğinde en uzun 63 cm ile 58 numaralı Cemre çeşidi iken en kısa 56,25 cm ile 55 numaralı Ahmetağa çeşidi olduğu saptanmıştır.

Çizelge 4.3. Araştırmada kullanılan genotiplerin bitki boyu (cm) gözlemleri

Genotip Numarası	Ortalama	Standart Sapma (±)	V.K. (%)	En Kısa	En Uzun
1	63,00 uv	2,58	4,10	60,00	66,00
2	75,00 rst	4,16	5,55	70,00	80,00
3	69,00 tu	1,83	2,65	68,00	71,00
4	63,00 vu	3,46	5,50	59,00	65,00
5	91,00 bcdef	3,37	3,70	87,00	95,00
6	56,25 yz	1,71	3,04	54,00	57,00
7	69,75 st	4,03	5,78	65,00	74,00
8	54,25 z	4,19	7,73	53,00	60,00
9	93,75 abc	6,34	6,77	85,00	100,00
10	81,00 hijklmnopr	4,55	5,61	76,00	87,00
11	78,50 lmnopr	4,51	5,74	75,00	85,00
12	84,50 ghijklm	4,20	4,97	80,00	90,00

Çizelge 4.3'ün devamı

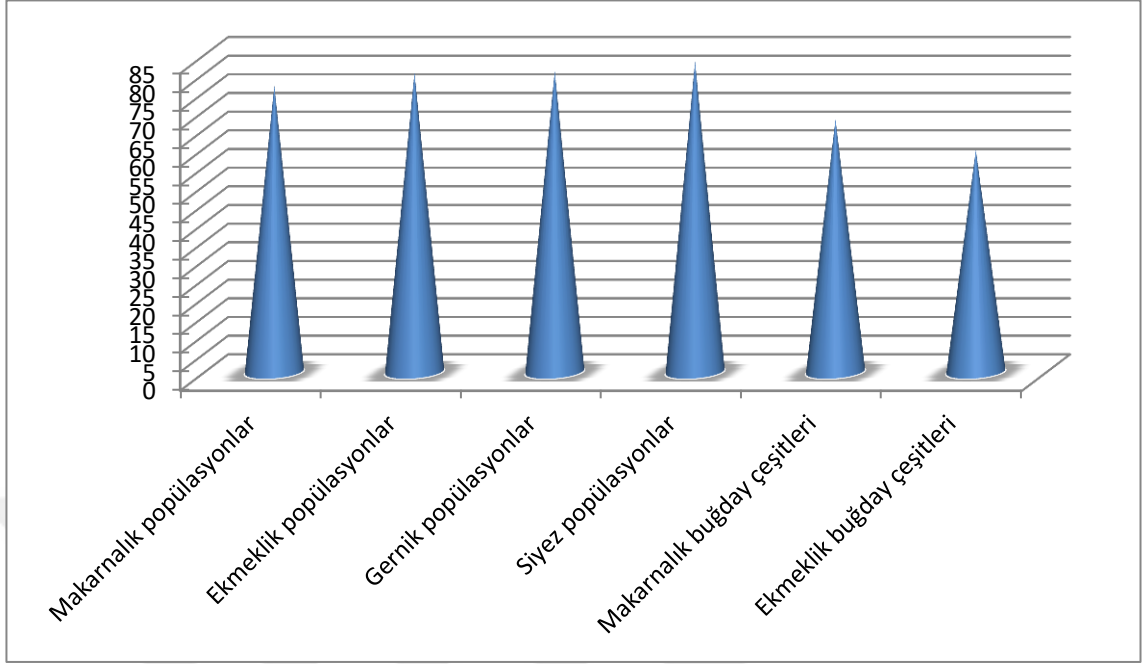
Genotip Numarası	Ortalama	Standart Sapma (±)	V.K. (%)	En Kısa	En Uzun
13	80,25 jklmnopr	8,26	10,29	70,00	90,00
14	83,25 ghijklmnop	5,85	7,03	76,00	90,00
15	91,75 abcde	8,42	9,18	80,00	100,00
16	80,25 klmnopr	2,63	3,28	78,00	84,00
17	74,50 rst	1,29	1,73	73,00	76,00
18	93,50 ab	7,90	8,44	87,00	105,00
19	83,25 ghijklmno	5,91	7,10	75,00	89,00
20	87,00 efghi	2,58	2,97	84,00	90,00
21	86,50 efghij	3,11	3,59	82,00	89,00
22	85,75 fghijk	1,71	1,99	84,00	88,00
23	77,00 mnopr	3,16	4,11	73,00	80,00
24	92,00 bcde	2,58	2,81	89,00	95,00
25	82,25 ghijklmnop	4,35	5,29	83,00	86,00
26	88,00 efgh	2,16	2,45	85,00	90,00
27	88,75 cdefg	3,20	3,61	84,00	91,00
28	74,50 rs	4,73	6,34	68,00	78,00
29	63,75 uv	2,87	4,51	60,00	67,00
30	96,75 ab	2,50	2,58	94,00	100,00
31	78,00 mnopr	2,94	3,77	75,00	81,00
32	77,67 nopr	4,93	6,35	72,00	81,00
33	75,67 opr	4,51	5,96	71,00	80,00
34	62,00 vy	2,45	3,95	60,00	65,00
35	70,75 st	2,63	3,72	67,00	73,00
36	59,25 vyz	2,63	4,44	57,00	63,00
37	75,25 rst	4,99	6,63	70,00	80,00
38	83,75 ghijklmn	1,71	2,04	82,00	86,00
39	82,25 ghijklmnop	1,71	2,08	80,00	84,00
40	80,50 ijklmnopr	4,12	5,12	75,00	85,00
41	78,00 mnopr	3,27	4,19	74,00	82,00

Çizelge 4.3'ün devamı

Genotip Numarası	Ortalama	Standart Sapma (±)	V.K. (%)	En Kısa	En Uzun
42	98,50 a	2,52	2,55	96,00	102,00
43	83,75 ghijklmn	2,87	3,43	80,00	87,00
44	84,50 ghijklm	3,32	3,92	81,00	89,00
45	82,75 ghijklmnop	0,96	1,16	82,00	84,00
46	95,75 ab	1,71	1,78	94,00	98,00
47	57,25 vyz	2,22	3,87	54,00	59,00
48	94,25 abcd	1,26	1,34	93,00	96,00
49	81,00 jklmnopr	1,83	2,25	79,00	83,00
50	76,50 pr	2,65	3,46	74,00	80,00
51	85,50 fghijkl	1,29	1,51	84,00	87,00
52	83,00 ghijklmnop	2,58	3,11	80,00	86,00
53	87,75 defg	2,75	3,14	85,00	91,00
54	94,50 abc	2,08	2,20	92,00	97,00
55	56,25 yz	1,71	3,04	54,00	57,00
56	59,25 vyz	2,63	4,44	57,00	63,00
57	76,50 pr	2,65	3,46	74,00	80,00
58	63,00 uv	2,58	4,10	60,00	66,00

Aynı harfle gösterilen ortalamalar arasında 0,05 ihtimal seviyesinde fark yoktur

Bitki boyuna ait ortalama değerler incelendiğinde, makarnalık popülasyonlar kendi içerisinde ortalama 76,82 cm, ekmeklik popülasyonlar kendi içerisinde ortalama 80,33 cm, gernik popülasyonlar kendi içerisinde ortalama 80,85 cm, siyez popülasyonlar kendi içerisinde ortalama 83,40 cm, makarnalık buğday çeşitleri kendi içerisinde ortalama 67,88 cm ve ekmeklik buğday çeşitleri kendi içerisinde ortalama 59,63 cm olduğu belirlenmiştir.



Şekil 4.1. Buğday gruplarının bitki boyu bakımından grafikleri

Yalçın (2007), tarafından yürütülen bir çalışmada gernik, ekmeklik ve makarnalık buğday çeşitlerine ait bazı morfolojik parametreler arasında bitki boyu da değerlendirilmiştir. En yüksek bitki boyu (190 cm) ile en düşük bitki boyu (83 cm) gernik popülasyonlarında görülmüştür. Bizim çalışmamızda da her ne kadar siyez buğdayların ortalaması en yüksek olsa da, en yüksek bitki boyu gernik popülasyonları arasında görülmektedir. Dolayısı ile bizim çalışmamızda elde edilen değerler mevcut çalışma ile benzerlik arz etmektedir. Demirel (2013), tarafından yürütülen çalışmada ise siyez popülasyonlarda en yüksek bitki boyu ölçülmüş olup bizim çalışmamız ile farklılık göstermiştir. Bizim gözlemlediğimiz gernik popülasyonlarının bitki boyu, Pagnotta *et al.* (2005), tarafından gözlenen bitki boyundan (93-115 cm) düşük olmuştur. Bizim çalışmamızdaki ekmeklik ve makarnalık popülasyonlar genel olarak, Aydın ve ark. (2005), tarafından iki farklı lokasyonda yürütülen çalışmalar ile benzer sonuçları vermiştir. Aydın ve ark. (2005)'nin yaptığı çalışmalar göstermiştir ki farklı lokasyonlarda bitki boylarında farklılık olmuştur. Nitekim, Iğdır koşullarında yaptığımız çalışmamızda da genotipxçevre interaksiyonundan kaynaklı farklı bitki boylarının gözlemlenebileceği ayrıca çok farklı bölgelerden toplanan buğdayların varyasyonunun da geniş olması bu sonucu çıkarmıştır.

4.1.2. Başak uzunluğu

Bütün popülasyonların başak uzunluğu bakımından ortalamaları incelendiğinde, yerel popülasyonlar içerisinde başak uzunluğu 11,88 cm ile 41 numaralı genotip en çok olarak belirlenmişken, en kısa başak uzunluğu ise 4,44 cm ile 16 numaralı genotipe ait olduğu görülmüştür. Yerel makarnalık (*Triticum durum*) popülasyonlar kendi içerisinde incelendiğinde ise başak uzunluğu bakımından en uzun 11,36 cm ile 1 numaralı genotip iken en kısa 4,48 cm ile 50 numaralı genotip olduğu saptanmıştır. Yerel ekmeklik (*Triticum aestivum*) popülasyonlar kendi içerisinde incelendiğinde ise başak uzunluğu bakımından en çok 11,88 cm ile 41 numaralı genotip iken en az 4,62 cm ile 12 ve 19 numaralı genotipler olduğu belirlenmiştir. Gernik (*Triticum dicoccum*) buğday popülasyonları kendi içerisinde incelendiğinde ise başak uzunluğu bakımından en çok 6,94 cm ile 21 numaralı genotip iken en az 4,44 cm ile 16 numaralı genotipe ait olduğu rastlanmıştır. Siyez (*Triticum monococcum*) buğday popülasyonları kendi içerisinde incelendiğinde ise başak uzunluğu bakımından en çok 5,56 cm ile 34 numaralı genotip iken en az 4,48 cm ile 10 numaralı genotip olduğu saptanmıştır. Makarnalık buğday çeşitleri de başak uzunluğu bakımından en çok 10,08 cm ile 56 numaralı Aydın-93 çeşidi iken en az 4,48 cm ile 57 numaralı Fırat-93 çeşidi olduğu belirlenmiştir. Ekmeklik buğday çeşitleri de başak uzunluğu bakımından incelendiğinde en çok 11,36 cm ile 58 numaralı Cemre çeşidi iken en az 7,38 cm ile 55 numaralı Ahmetağa çeşidi olduğu saptanmıştır.

Çizelge 4.4. Araştırmada kullanılan genotiplerin başak uzunluğu (cm) gözlemleri

Genotip Numarası	Ortalama	Standart Sapma (±)	V.K. (%)	En Kısa	En Uzun
1	11,36 b	0,30	2,68	11,00	11,80
2	4,86 xy	0,11	2,35	4,70	5,00
3	5,40 uv	0,16	2,93	5,20	5,60
4	9,60 de	0,16	1,65	9,40	9,80
5	4,90 wxy	0,21	4,33	4,60	5,10
6	7,38 no	0,15	2,01	7,20	7,60
7	5,34 uv	0,29	5,40	5,00	5,80
8	8,40 ij	0,29	3,47	8,00	8,70

Çizelge 4.4'ün devamı

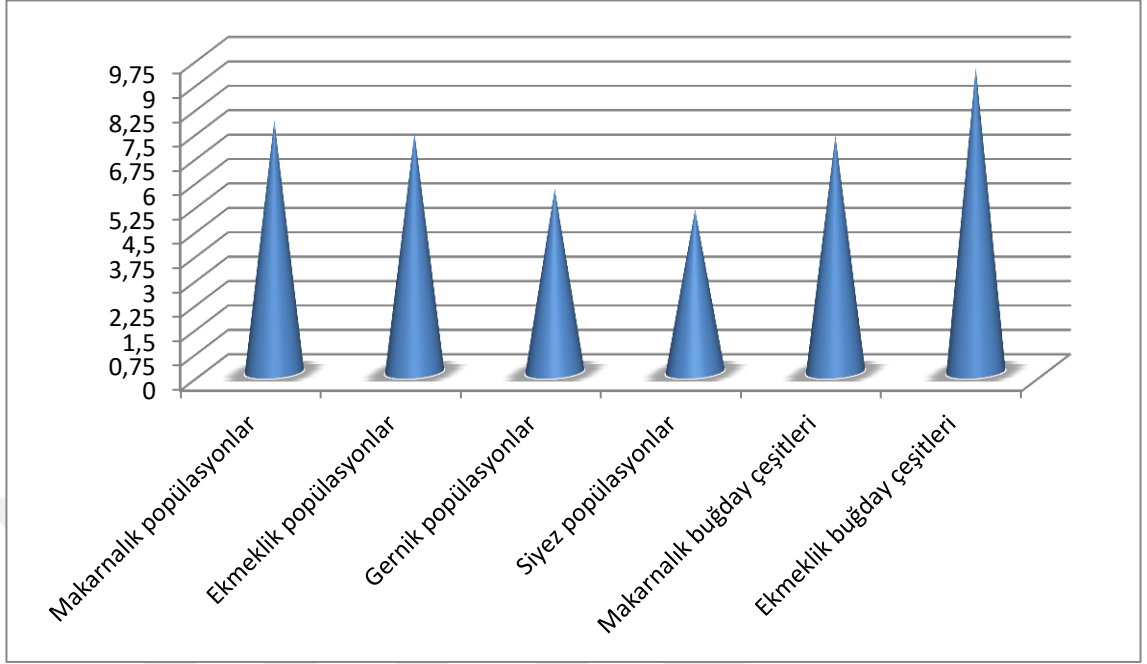
Genotip Numarası	Ortalama	Standart Sapma (±)	V.K. (%)	En Kısa	En Uzun
9	7,76 lm	0,21	2,67	7,50	8,00
10	4,48 z	0,33	7,30	4,10	4,90
11	6,08 rs	0,26	4,26	5,80	6,50
12	4,62 xyz	0,31	6,74	4,10	4,90
13	5,54 tu	0,26	4,71	5,20	5,90
14	6,24 qrs	0,18	2,91	6,00	6,50
15	7,86 kl	0,25	3,19	7,50	8,20
16	4,44 z	0,29	6,49	4,10	4,80
17	9,24 ef	0,19	2,11	9,00	9,50
18	8,82 gh	0,26	2,93	8,50	9,20
19	4,62 xyz	0,19	4,16	4,40	4,90
20	6,56 q	0,34	5,12	6,20	6,90
21	6,94 p	0,32	4,62	6,50	7,30
22	8,66 hi	0,24	2,78	8,40	9,00
23	6,14 qrs	0,34	5,47	5,80	6,70
24	4,88 wxy	0,26	5,30	4,50	5,20
25	4,52 yz	0,24	5,28	4,20	4,80
26	9,36 ef	0,23	2,46	9,00	9,60
27	5,52 tu	0,19	3,48	5,20	5,70
28	6,46 q	0,23	3,56	6,10	6,70
29	7,44 mno	0,30	3,99	7,10	7,90
30	7,70 lmn	0,21	2,75	7,50	8,00
31	7,76 lmn	0,23	2,97	7,50	8,10
32	7,10 op	0,23	3,30	6,90	7,50
33	5,08 vwx	0,15	2,92	4,90	5,30
34	5,56 tu	0,25	4,51	5,20	5,90
35	9,98 cd	0,16	1,65	9,80	10,20
36	10,08 c	0,22	2,15	9,80	10,40
37	9,28 ef	0,47	5,08	8,70	9,90

Çizelge 4.4'ün devamı

Genotip Numarası	Ortalama	Standart Sapma (±)	V.K. (%)	En Kısa	En Uzun
38	4,66 xyz	0,32	6,89	4,20	5,00
39	4,70 xyz	0,31	6,56	4,20	5,00
40	8,20 jk	0,25	3,11	7,90	8,60
41	11,88 a	0,26	2,18	11,50	12,20
42	8,82 gh	0,38	4,27	8,20	9,20
43	4,72 xyz	0,24	5,06	4,40	5,00
44	4,76 xyz	0,30	6,23	4,30	5,10
45	4,72 xyz	0,30	6,43	4,30	5,10
46	6,22 qr	0,29	4,74	5,80	6,50
47	5,28 uvw	0,33	6,20	4,90	5,80
48	4,60 yz	0,52	11,40	4,00	5,30
49	10,10 c	0,32	3,21	9,70	10,60
50	4,48 yz	0,41	9,12	4,00	4,90
51	4,64 yz	0,26	5,62	4,20	4,90
52	4,68 xyz	0,36	7,76	4,10	5,10
53	9,14 fg	0,30	3,25	8,80	9,60
54	5,84 st	0,40	6,91	5,20	6,30
55	7,38 no	0,15	2,01	7,20	7,60
56	10,08 c	0,22	2,15	9,80	10,40
57	4,48 yz	0,41	9,12	4,00	4,90
58	11,36 b	0,30	2,68	11,00	11,80

Aynı harfle gösterilen ortalamalar arasında 0,05 ihtimal seviyesinde fark yoktur

Başak uzunluğuna ait ortalama değerler incelendiğinde, makarnalık popülasyonlar kendi içerisinde ortalama 7,75 cm, ekmeklik popülasyonlar kendi içerisinde ortalama 7,36 cm, gernik popülasyonlar kendi içerisinde ortalama 5,65 cm, siyez popülasyonlar kendi içerisinde ortalama 5,01 cm, makarnalık buğday çeşitleri kendi içerisinde ortalama 7,28 cm ve ekmeklik buğday çeşitleri kendi içerisinde ortalama 9,37 cm olduğu belirlenmiştir.



Şekil 4.2. Buğday gruplarının başak uzunluğu bakımından grafikleri

Başak uzunluğu bakımından çalışmadaki ekmeklik ve makarnalık popülasyonların değerleri, Kaydan ve Yağmur (2008)' un yaptığı çalışmadaki başak uzunlukları verileri ile kısmen örtüşmekle beraber bu çalışmada daha uzun başaklı buğdayların olduğu görülmektedir. Yalçın (2007), tarafından yürütülen çalışmada gernik popülasyonlarının başak uzunlukları (9-15 cm), mevcut çalışmaya göre (4,44-6,94 cm) yüksek olduğu gözlemlenmiştir. Siyez popülasyonlarında Demirel (2013), tarafından gerçekleştirilen çalışmanın sonucuna göre daha uzun başakların olduğu belirlenmiştir.

4.1.3. Başaktaki dane sayısı

Bütün popülasyonların başakta dane sayısı bakımından ortalamaları incelendiğinde, yerel popülasyonlar içerisinde başakta dane sayısı 34,67 adet ile 15 numaralı genotip en çok olarak belirlenmişken, en az başakta dane sayısı ise 11,20 adet ile 24 numaralı genotipe ait olduğu görülmüştür. Yerel makarnalık (*Triticum durum*) popülasyonlar kendi içerisinde incelendiğinde ise başakta dane sayısı bakımından en çok 34,67 adet ile 15 numaralı genotip iken en az 13,20 adet ile 1 numaralı genotip olduğu saptanmıştır. Yerel ekmeklik (*Triticum aestivum*) popülasyonlar kendi içerisinde incelendiğinde ise başakta dane sayısı bakımından en çok 31,60 adet ile 36 numaralı genotip iken en az 11,20 adet ile 24 numaralı genotip olduğu belirlenmiştir. Gernik

(*Triticum dicoccum*) buğday popülasyonları kendi içerisinde incelendiğinde ise başakta dane sayısı bakımından en çok 29,33 adet ile 20 numaralı genotip iken en az 12 adet ile 25 numaralı genotipe ait olduğu tespit edilmiştir. Siyez (*Triticum monococcum*) buğday popülasyonları kendi içerisinde incelendiğinde ise başakta dane sayısı bakımından en çok 21,33 adet ile 27 numaralı genotip iken en az 12,50 adet ile 5 numaralı genotip olduğu saptanmıştır. Makarnalık buğday çeşitleri de başakta dane sayısı bakımından en çok 31,60 adet ile 56 numaralı Aydın-93 çeşidi iken en az 25,20 adet ile 57 numaralı Fırat-93 çeşidi olduğu belirlenmiştir. Ekmeklik buğday çeşitleri de başakta dane sayısı bakımından incelendiğinde en çok 18 adet ile 55 numaralı Ahmetağa çeşidi iken en az 13,20 adet ile 58 numaralı Cemre çeşidi olduğu saptanmıştır.

Çizelge 4.5. Araştırmada kullanılan genotiplerin başaktaki dane sayısı (adet) gözlemleri

Genotip Numarası	Ortalama	Standart Sapma (±)	V.K. (%)	En Az	En Çok
1	13,20 nop	1,64	12,45	11,00	15,00
2	20,33 gh	1,53	7,51	19,00	22,00
3	13,00 nop	1,63	12,56	11,00	15,00
4	18,50 hij	1,29	6,98	17,00	20,00
5	12,50 op	1,29	10,33	11,00	14,00
6	18,00 ijk	0,71	3,93	17,00	19,00
7	15,60 klm	1,14	7,31	14,00	17,00
8	17,20 ijkl	1,30	7,58	16,00	19,00
9	15,25 klm	2,06	13,52	13,00	18,00
10	14,25 mno	0,96	6,72	13,00	15,00
11	16,60 ijklm	2,07	12,49	15,00	20,00
12	16,60 jklm	2,30	13,87	14,00	20,00
13	18,75 hij	1,71	9,11	17,00	21,00
14	25,00 de	1,63	6,53	23,00	27,00
15	34,67 a	2,08	6,00	33,00	37,00

Çizelge 4.5'in devamı

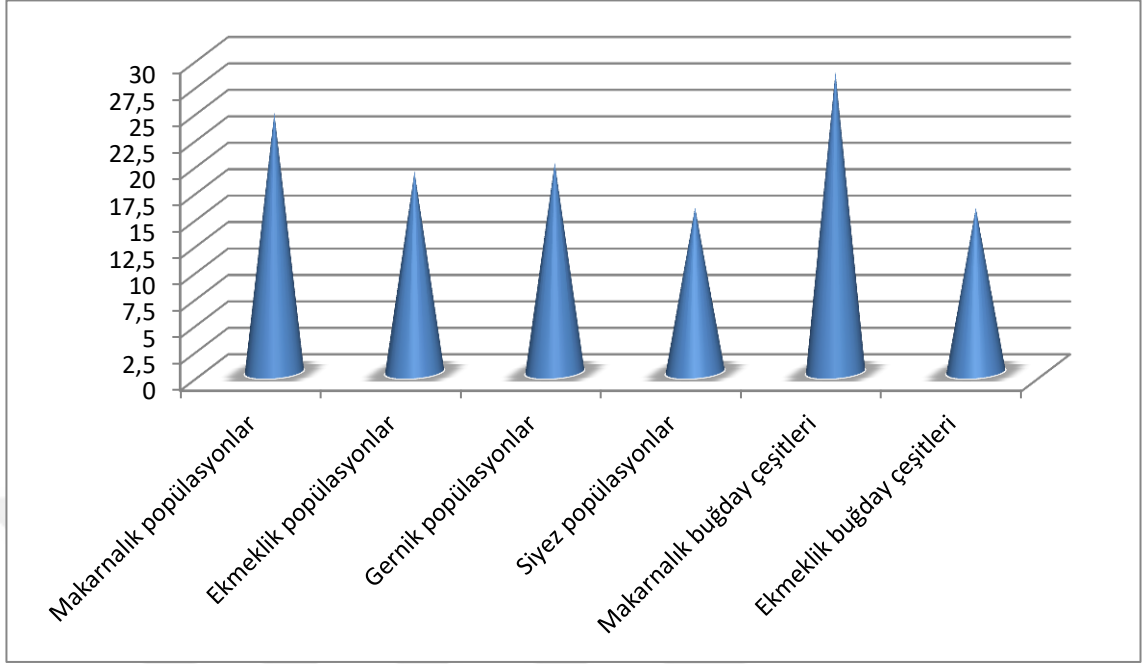
Genotip Numarası	Ortalama	Standart Sapma (±)	V.K. (%)	En Az	En Çok
16	19,80 gh	1,92	9,71	18,00	23,00
17	29,25 c	1,71	5,84	27,00	31,00
18	22,67 ef	0,58	2,55	22,00	23,00
19	16,25 jklm	0,96	5,89	15,00	17,00
20	29,33 bc	0,58	1,97	29,00	30,00
21	23,50 def	0,71	3,01	23,00	24,00
22	18,00 ijk	0,82	4,54	17,00	19,00
23	18,75 hi	0,96	5,11	18,00	20,00
24	11,20 p	0,84	7,47	10,00	12,00
25	12,00 p	1,87	15,59	10,00	15,00
26	20,33 gh	1,53	7,51	19,00	22,00
27	21,33 fg	0,58	2,71	21,00	22,00
28	23,00 def	1,87	8,13	20,00	25,00
29	30,33 bc	1,53	5,04	29,00	32,00
30	15,25 lmno	1,26	8,25	14,00	17,00
31	18,00 ijk	1,41	7,86	16,00	19,00
32	23,33 def	1,53	6,55	22,00	25,00
33	16,75 ijklm	0,96	5,72	16,00	18,00
34	13,00 nop	1,87	14,39	10,00	15,00
35	24,80 de	1,48	5,98	23,00	27,00
36	31,60 b	2,30	7,29	29,00	35,00
37	29,20 bc	1,64	5,63	27,00	31,00
38	16,60 ijklm	2,30	13,87	14,00	20,00
39	17,20 jklm	2,86	16,65	13,00	21,00
40	15,33 klmn	1,53	9,96	14,00	17,00
41	24,00 def	2,45	10,21	21,00	27,00
42	24,75 de	2,22	8,96	23,00	28,00
43	16,50 jklm	2,08	12,62	14,00	19,00
44	17,50 ijkl	0,71	4,04	17,00	18,00

Çizelge 4.5'in devamı

Genotip Numarası	Ortalama	Standart Sapma (±)	V.K. (%)	En Az	En Çok
45	17,33 ijkl	1,53	8,81	16,00	19,00
46	24,20 de	0,45	1,85	24,00	25,00
47	24,67de	0,58	2,34	24,00	25,00
48	17,00 ijkl	0,82	4,80	16,00	18,00
49	30,25 bc	0,96	3,17	29,00	31,00
50	25,20 d	1,10	4,35	24,00	27,00
51	17,50 ijklm	2,65	15,12	14,00	20,00
52	16,75 ijkl	2,06	12,31	14,00	19,00
53	30,00 bc	3,08	10,27	25,00	32,00
54	23,50 def	1,29	5,49	22,00	25,00
55	18,00 ijk	0,71	3,93	17,00	19,00
56	31,60 b	2,30	7,29	29,00	35,00
57	25,20 d	1,10	4,35	24,00	27,00
58	13,20 nop	1,64	12,45	11,00	15,00

Aynı harfle gösterilen ortalamalar arasında 0,05 ihtimal seviyesinde fark yoktur

Başakta dane sayısına ait ortalama değerler incelendiğinde, makarnalık popülasyonlar kendi içerisinde ortalama 24,56 adet, ekmeçlik popülasyonlar kendi içerisinde ortalama 19,02 adet, gernik popülasyonlar kendi içerisinde ortalama 19,85 adet, siyez popülasyonlar kendi içerisinde ortalama 15,62 adet, makarnalık buğday çeşitleri kendi içerisinde ortalama 28,40 adet ve ekmeçlik buğday çeşitleri kendi içerisinde ortalama 15,60 adet olduğu belirlenmiştir.



Şekil 4.3. Buğday gruplarının başakta dane sayısı bakımından grafikleri

Çalışma sonucunda makarnalık ve ekmeklik popülasyonların başakta dane sayılarının en az ve en çok değerleri, Kaydan ve Yağmur (2008)'un yaptıkları çalışmadaki başakta dane sayıları verilerine göre (20,32-27,47 adet) hem yüksek hem de düşük dane sayılarına sahip popülasyonların olduğunu göstermektedir. Ayrıca, Çağlar ve ark. (2006), tarafından yürütülen çalışmadaki başakta dane sayılarının verilerine göre de (19,9-30,4 adet) bu çalışmadaki ekmeklik ve makarnalık popülasyonlarından daha geniş varyasyon gösterdiği belirlenmiştir. Yalçın (2007)'a ait çalışmadaki ekmeklik (62-79 adet) ve makarnalık (46-63 adet) popülasyonların başakta dane sayısı verilerinin, mevcut çalışmadaki popülasyonlara ait değerlerden yüksek olduğu saptanmıştır. Gernik popülasyonlarına ait başakta dane sayısı (12-29,33 adet) verilerinin ortalaması, Demirel (2013)'in başakta dane sayısı (13,5-19,3 adet) ortalamasından daha yüksek iken, Yalçın (2007)'in başakta dane sayısı (14-36 adet) ortalamasından düşük olduğu görülmüştür. Siyez popülasyonlarının ise başakta dane sayısı (12,5-21,33 adet) ortalamasının Demirel (2013)'in başakta dane sayısı (19,3-33,3 adet) ortalamasından düşük olduğu belirlenmiştir.

4.1.4. Başak verimi

Bütün popülasyonların başak verimi bakımından ortalamaları incelendiğinde, yerel popülasyonlar içerisinde başak verimi 1,27 g ile 20 numaralı genotip en çok olarak

belirlenmişken, en az başak veriminin ise 0,22 g ile 24 numaralı genotipe ait olduğu saptanmıştır. Yerel makarnalık (*Triticum durum*) popülasyonlar kendi içerisinde incelendiğinde ise başak verimi bakımından en çok 1,26 g ile 15 numaralı genotip iken en az 0,49 g ile 1 ve 43 numaralı genotipler olduğu saptanmıştır. Yerel ekmeklik (*Triticum aestivum*) popülasyonlar kendi içerisinde incelendiğinde ise başak verimi bakımından en çok 1,26 g ile 36 numaralı genotip iken en az 0,22 g ile 24 numaralı genotip olduğu belirlenmiştir. Gernik (*Triticum dicoccum*) buğday popülasyonları kendi içerisinde incelendiğinde ise başak verimi bakımından en çok 1,27 g ile 20 numaralı genotip iken en az 0,35 g ile 25 numaralı genotipe ait olduğu saptanmıştır. Siyez (*Triticum monococcum*) buğday popülasyonları kendi içerisinde incelendiğinde ise başak verimi bakımından en çok 0,52 g ile 27 ve 48 numaralı genotipler iken en az 0,23 g ile 5 numaralı genotip olduğu saptanmıştır. Makarnalık buğday çeşitleri de başak verimi bakımından en çok 1,26 g ile 56 numaralı Aydın-93 çeşidi iken en az 1,10 g ile 57 numaralı Fırat-93 çeşidi olduğu belirlenmiştir. Ekmeklik buğday çeşitleri de başak verimi bakımından incelendiğinde en çok 0,58 g ile 55 numaralı Ahmetağa çeşidi iken en az 0,49 g ile 58 numaralı Cemre çeşidi olduğu saptanmıştır.

Çizelge 4.6. Araştırmada kullanılan genotiplerin başak verimi (g) gözlemleri

Genotip Numarası	Ortalama	Standart Sapma (\pm)	V.K. (%)	En Az	En Çok
1	0,49 oprst	0,10	20,12	0,34	0,61
2	0,60 lmnoprst	0,16	25,98	0,37	0,77
3	0,36 tu	0,11	30,91	0,22	0,49
4	0,39 rstu	0,15	37,76	0,23	0,52
5	0,23 u	0,07	29,06	0,14	0,30
6	0,58 lnoprst	0,14	24,97	0,42	0,70
7	0,52 lmnoprst	0,12	22,80	0,39	0,62
8	0,68 ijklmno	0,11	15,91	0,56	0,77
9	0,66 ijklmno	0,19	28,50	0,45	0,81
10	0,38 rstu	0,14	36,55	0,27	0,54
11	0,54 lmnoprst	0,07	13,44	0,44	0,61
12	0,47 oprst	0,13	27,32	0,38	0,56

Çizelge 4.6'nın devamı

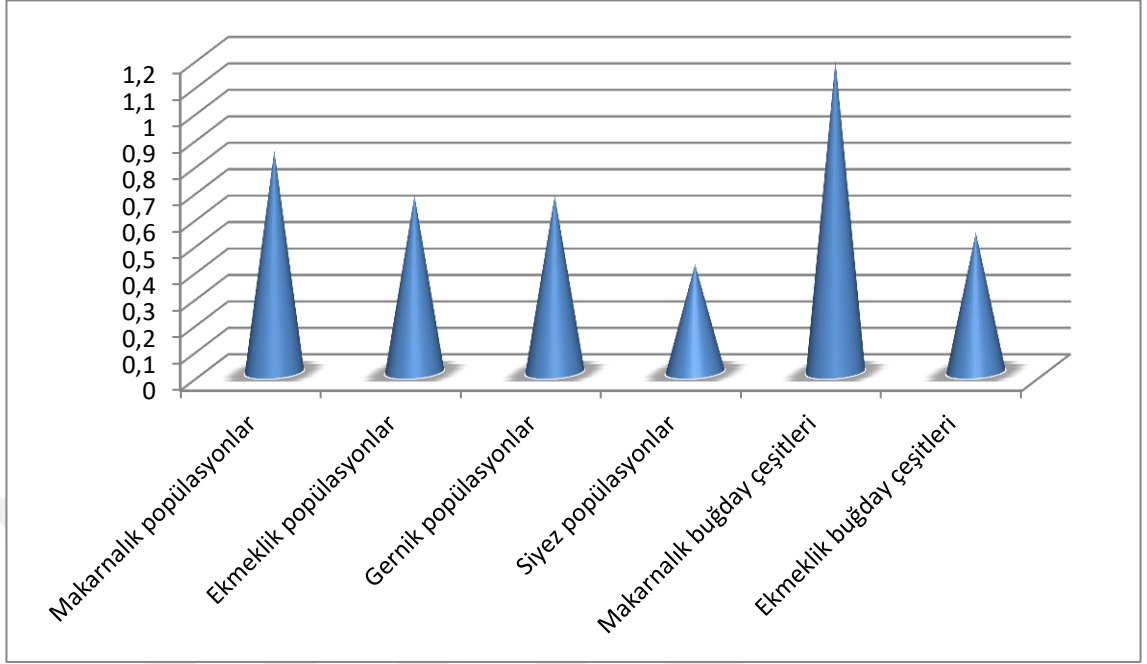
Genotip Numarası	Ortalama	Standart Sapma (±)	V.K. (%)	En Az	En Çok
13	0,73 hijklm	0,16	22,63	0,54	0,85
14	0,83 fghijk	0,11	13,04	0,72	0,96
15	1,26 a	0,24	19,27	0,98	1,43
16	0,57 lmnoprs	0,10	17,90	0,46	0,66
17	1,05 bcdef	0,08	7,78	0,93	1,11
18	0,74 ghijkl	0,08	10,37	0,67	0,82
19	0,55 lmnoprst	0,08	14,80	0,46	0,62
20	1,27 a	0,24	18,85	1,01	1,48
21	0,96 cdefg	0,08	8,45	0,87	1,03
22	0,66 ijklmno	0,11	16,84	0,54	0,76
23	0,57 lmnoprst	0,09	16,08	0,47	0,65
24	0,22 u	0,10	43,68	0,09	0,32
25	0,35 stu	0,10	28,21	0,24	0,43
26	0,69 ijklmno	0,11	15,34	0,61	0,84
27	0,52 lmnoprst	0,08	16,19	0,45	0,63
28	0,63 klmnopr	0,08	13,04	0,54	0,73
29	1,21 ab	0,12	10,02	1,08	1,32
30	0,72 hijklmn	0,11	14,63	0,61	0,82
31	0,63 jklmnop	0,11	17,76	0,51	0,73
32	0,56 lmnoprst	0,08	14,17	0,47	0,62
33	0,49 mnoprst	0,04	8,66	0,46	0,52
34	0,41 prstu	0,08	18,41	0,34	0,49
35	0,82 fghijk	0,10	11,63	0,72	0,91
36	1,26 ab	0,13	10,71	1,16	1,35
37	0,93 defgh	0,08	8,29	0,87	1,02
38	0,58 lmnoprs	0,07	11,49	0,52	0,65
39	0,58 lmnoprs	0,03	5,87	0,56	0,62
40	0,73 ghijkl	0,12	15,74	0,62	0,85
41	0,86 efghij	0,07	8,28	0,78	0,92

Çizelge 4.6'nın devamı

Genotip Numarası	Ortalama	Standart Sapma (±)	V.K. (%)	En Az	En Çok
42	1,16 abc	0,14	12,26	1,03	1,31
43	0,49 noprst	0,21	43,13	0,25	0,65
44	0,54 lmnoprst	0,10	18,12	0,43	0,62
45	0,55 lmnoprst	0,07	12,70	0,48	0,62
46	0,92 defgh	0,13	13,81	0,78	1,03
47	0,75 ghijkl	0,11	14,68	0,65	0,87
48	0,52 lmnoprst	0,11	20,26	0,41	0,62
49	1,07 abcde	0,16	14,95	0,92	1,24
50	1,10 abcd	0,18	15,86	0,93	1,28
51	0,56 lmnoprst	0,08	13,30	0,49	0,64
52	0,55 lmnoprst	0,12	21,70	0,43	0,67
53	0,86 efghi	0,09	9,99	0,77	0,94
54	0,93 defgh	0,08	8,77	0,83	1,03
55	0,58 lmnoprs	0,14	24,97	0,42	0,70
56	1,26 ab	0,13	10,71	1,16	1,35
57	1,10 abcd	0,18	15,86	0,93	1,28
58	0,49 oprst	0,10	20,12	0,34	0,61

Aynı harfle gösterilen ortalamalar aramda 0,05 ihtimal seviyesinde fark yoktur

Başak verimine ait ortalama değerler incelendiğinde, makarnalık popülasyonlar kendi içerisinde ortalama 0,84 g, ekmeklik popülasyonlar kendi içerisinde ortalama 0,67 g, gernik popülasyonlar kendi içerisinde ortalama 0,67 g, siyez popülasyonlar kendi içerisinde ortalama 0,41 g, makarnalık buğday çeşitleri kendi içerisinde ortalama 1,18 g ve ekmeklik buğday çeşitleri kendi içerisinde ortalama 0,53 g olduğu belirlenmiştir.



Şekil 4.4. Buğday gruplarının başak verimi bakımından grafikleri

Yalçın (2007), tarafından yürütülen çalışmada ekmeklik (2,66-3,72 g) ve makarnalık (1,44-3,09 g) popülasyonların başak verimlerinin, mevcut çalışmadaki başak verimlerinden daha yüksek olduğu belirlenmiştir. Gernik popülasyonların başak verimleri (0,35-1,27 g), Yalçın (2007)'a ait başak verimi değerleriyle (0,20-1,34 g) benzerlik gösterirken, Demirel (2013)'e ait başak verimlerinden (0,39-0,89 g) ise kısmen daha çok başak verimine sahip popülasyonların olduğu saptanmıştır. Siyez popülasyonlarına ait başak verimleri (0,23-0,52) ise Demirel (2013) ile (0,28-0,84 g) benzerlik göstermiştir.

4.1.5. Bitki verimi

Bütün popülasyonların bitki verimi bakımından ortalamaları incelendiğinde, yerel popülasyonlar içerisinde bitki verimi 3,28 g ile 15 numaralı genotip en yüksek olarak belirlenmişken, en düşük bitki verimine ise 0,62 g ile 48 numaralı genotipte rastlanmıştır. Yerel makarnalık (*Triticum durum*) popülasyonlar kendi içerisinde incelendiğinde ise bitki verimi bakımından en yüksek 3,28 g ile 15 numaralı genotip iken en düşük 1,22 g ile 32 numaralı genotip olduğu saptanmıştır. Yerel ekmeklik (*Triticum aestivum*) popülasyonlar kendi içerisinde incelendiğinde ise bitki verimi bakımından en yüksek 2,77 g ile 41 numaralı genotip iken en düşük 0,99 g ile 24 numaralı genotip olduğu belirlenmiştir. Gernik (*Triticum dicoccum*) buğday

popülasyonları kendi içerisinde incelendiğinde ise bitki verimi bakımından en yüksek 2,66 g ile 20 numaralı genotip iken en düşük 1,03 g ile 3 numaralı genotipe ait olduğu saptanmıştır. Siyez (*Triticum monococcum*) buğday popülasyonları kendi içerisinde incelendiğinde ise bitki verimi bakımından en yüksek 1,25 g ile 27 numaralı genotip iken en düşük 0,62 g ile 48 numaralı genotip olduğu saptanmıştır. Makarnalık buğday çeşitleri de bitki verimi bakımından en yüksek 2,74 g ile 56 numaralı Aydın-93 çeşidi iken en düşük 2,36 g ile 57 numaralı Fırat-93 çeşidi olduğu belirlenmiştir. Ekmeklik buğday çeşitleri de bitki verimi bakımından incelendiğinde en yüksek 2,56 g ile 58 numaralı Cemre çeşidi iken en düşük 1,53 g ile 55 numaralı Ahmetağa çeşidi olduğu saptanmıştır.

Çizelge 4.7. Araştırmada kullanılan genotiplerin bitki verimi (g) gözlemleri

Genotip Numarası	Ortalama	Standart Sapma (±)	V.K. (%)	En Az	En Çok
1	2,56 b	0,29	11,46	2,16	2,84
2	1,34 jklmnop	0,10	7,75	1,22	1,45
3	1,03 opr	0,22	21,28	0,85	1,27
4	1,31 klmnop	0,12	9,49	1,16	1,46
5	0,97 pr	0,24	25,18	0,75	1,23
6	1,53 ghijklmn	0,19	12,07	1,35	1,72
7	1,08 nop	0,17	16,02	0,89	1,23
8	1,62 ghijklm	0,14	8,91	1,51	1,82
9	1,89 fghi	0,11	6,01	1,74	1,98
10	0,99 pr	0,21	21,28	0,79	1,21

Çizelge 4.7'nin devamı

Genotip Numarası	Ortalama	Standart Sapma (±)	V.K. (%)	En Az	En Çok
11	1,33 jklmnop	0,11	8,30	1,23	1,45
12	1,43 ijklmnop	0,13	9,00	1,29	1,57
13	1,76 fghijk	0,15	8,25	1,61	1,90
14	1,72 fghijkl	0,15	8,42	1,58	1,87
15	3,28 a	0,27	8,25	3,00	3,54
16	1,55 ghijklmn	0,19	12,56	1,38	1,76
17	2,62 bc	0,23	8,59	2,36	2,80
18	1,94 efgh	0,22	11,34	1,72	2,16
19	1,44 ijklmnop	0,23	16,09	1,22	1,68
20	2,66 b	0,22	8,29	2,43	2,87
21	2,53 bc	0,21	8,33	2,33	2,75
22	1,64 ghijklm	0,21	12,60	1,42	1,83
23	1,86 fghi	0,79	42,25	1,31	2,76
24	0,99 pr	0,24	24,03	0,79	1,25
25	1,21 mnop	0,29	23,84	0,97	1,53
26	1,86 fghi	0,22	11,82	1,64	2,08
27	1,25 lmnop	0,21	16,52	1,03	1,44
28	2,01 defg	0,31	15,49	1,71	2,33
29	2,32 bcde	0,31	13,16	2,03	2,64
30	1,92 efgh	0,28	14,67	1,68	2,23
31	1,58 ghijklm	0,21	13,27	1,37	1,79
32	1,22 mnop	0,22	17,58	1,01	1,44
33	1,20 mnop	0,22	18,43	0,95	1,37
34	1,21 mnop	0,28	23,22	0,92	1,48

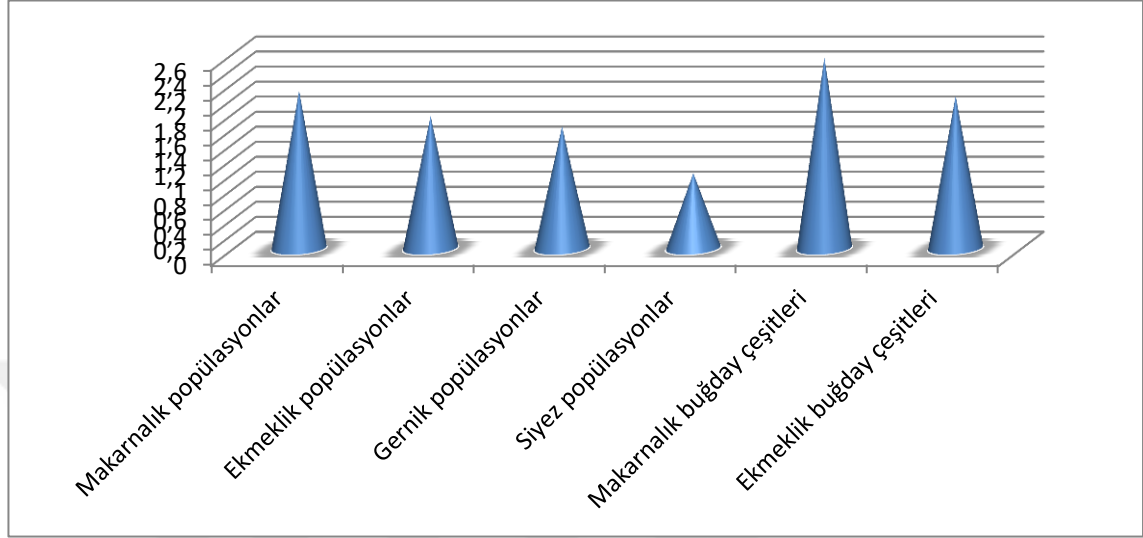
Çizelge 4.7'nin devamı

Genotip Numarası	Ortalama	Standart Sapma (±)	V.K. (%)	En Az	En Çok
35	1,98 efg	0,32	15,99	1,69	2,32
36	2,74 b	0,25	9,14	2,49	2,99
37	1,79 fghij	0,24	13,15	1,55	2,02
38	1,48 hijklmno	0,25	16,74	1,28	1,76
39	1,48 hijklmno	0,23	15,40	1,29	1,73
40	2,43 bcd	0,30	12,51	2,09	2,68
41	2,77 b	0,16	5,59	2,62	2,93
42	2,46 bc	0,24	9,90	2,25	2,73
43	1,44 ijklmnop	0,21	14,71	1,24	1,66
44	1,47 hijklmno	0,19	13,05	1,31	1,68
45	1,47 hijklmno	0,17	11,74	1,33	1,66
46	1,59 ghijklm	0,23	14,47	1,36	1,82
47	1,65 ghijklm	0,20	11,86	1,47	1,86
48	0,62 r	0,17	27,96	0,43	0,77
49	2,56 bc	0,18	7,04	2,38	2,74
50	2,36 bcde	0,26	11,04	2,11	2,63
51	1,47 hijklmno	0,22	15,04	1,28	1,71
52	1,46 hijklmno	0,21	14,03	1,29	1,69
53	2,13 cdef	0,25	11,50	1,88	2,37
54	1,77 fghijk	0,12	6,56	1,66	1,89
55	1,53 ghijklmn	0,19	12,07	1,35	1,72
56	2,74 b	0,25	9,14	2,49	2,99
57	2,36 bcde	0,26	11,04	2,11	2,63
58	2,56 b	0,29	11,46	2,16	2,84

Aynı harfle gösterilen ortalamalar arasında 0,05 ihtimal seviyesinde fark yoktur

Bitki verimine ait ortalama değerler incelendiğinde, makarnalık popülasyonlar kendi içerisinde ortalama 2,11 g, ekmeçlik popülasyonlar kendi içerisinde ortalama 1,77 g, gernik popülasyonlar kendi içerisinde ortalama 1,63 g, siyez popülasyonlar kendi

içerisinde ortalama 1,01 g, makarnalık buğday çeşitleri kendi içerisinde ortalama 2,55 g ve ekmeklik buğday çeşitleri kendi içerisinde ortalama 2,04 g olduğu belirlenmiştir.



Şekil 4.5. Buğday gruplarının bitki verimi bakımından grafikleri

Çalışmada kullanılan ekmeklik popülasyonlar (0,99-2,27 g), makarnalık popülasyonlar (1,22-3,28 g) ve gernik popülasyonlarına (1,03-2,66 g) ait bitki verimleri değerlerinin Yalçın (2007)'in verilerinden (ekmeklik; 12,93-38,50 g, makarnalık; 5,20-16,64 g, gernik; 0,48-12,76 g) düşük olduğu belirlenmiştir. Demirel (2013), tarafından yürütülen çalışma (siyez; 0,35-1,05 g) ile mevcut çalışmadaki siyez popülasyonlarının bitki verimleri (0,62-1,25 g) karşılaştırıldığında, kısmen benzerlik gösterdiği fakat daha verimli popülasyonların olduğu saptanmıştır. Genel olarak bütün popülasyonların bitki verimi bakımından Kaydan ve Yağmur (2008) ile benzerlik gösterdiği belirlenmiştir.

4.1.6. Biyolojik verim

Bütün popülasyonların biyolojik verim bakımından ortalamaları incelendiğinde, yerel popülasyonlar içerisinde biyolojik verim en yüksek 8,53 g ile 3 numaralı genotipten elde edilirken, en düşük biyolojik verim ise 1,69 g ile 47 numaralı genotipten elde edilmiştir. Yerel makarnalık (*Triticum durum*) popülasyonlar kendi içerisinde incelendiğinde ise biyolojik verim bakımından en yüksek verim alınan, 7,91 g ile 29 numaralı genotip iken en düşük verimin 1,69 g ile 47 numaralı genotipten alındığı saptanmıştır. Yerel ekmeklik (*Triticum aestivum*) popülasyonlar kendi içerisinde incelendiğinde ise biyolojik verim bakımından en yüksek 7,90 g ile 40 numaralı genotip öne çıkmış, en düşük verim 2,19 g ile 6 numaralı genotipten alınmıştır. Gernik

(*Triticum dicoccum*) buğday popülasyonları kendi içerisinde incelendiğinde ise biyolojik verim bakımından en çok 8,53 g ile 3 numaralı genotip iken en az 2,24 g ile 25 numaralı genotipe ait olduğu saptanmıştır. Siyez (*Triticum monococcum*) buğday popülasyonları kendi içerisinde incelendiğinde ise biyolojik verim bakımından en çok 7,34 g ile 27 numaralı genotip iken en az 3,32 g ile 5 numaralı genotip olduğu saptanmıştır. Makarnalık buğday çeşitleri de biyolojik verim bakımından en çok 5,09 g ile 56 numaralı Aydın-93 çeşidi iken en az 5,02 g ile 57 numaralı Fırat-93 çeşidi olduğu belirlenmiştir. Ekmeklik buğday çeşitleri de biyolojik verim bakımından incelendiğinde en çok 4,70 g ile 58 numaralı Cemre çeşidi iken en az 2,19 g ile 55 numaralı Ahmetağa çeşidi olduğu saptanmıştır.

Çizelge 4.8. Araştırmada kullanılan genotiplerin biyolojik verim (g) gözlemleri

Genotip Numarası	Ortalama	Standart Sapma (±)	V.K. (%)	En Az	En Çok
1	4,70 ghi	0,46	9,84	4,21	5,13
2	3,16 mnoprs	0,31	9,64	2,86	3,47
3	8,53 a	0,45	5,22	8,08	8,97
4	2,42 rstu	0,43	17,90	1,96	2,82
5	3,32 lmnop	0,34	10,16	2,96	3,63
6	2,19 tu	0,37	17,02	1,78	2,51
7	2,85 noprst	0,46	16,10	2,36	3,27
8	2,32 stu	0,34	14,67	1,97	2,65
9	3,78 jklm	0,34	8,94	3,47	4,14
10	3,50 klmn	0,46	13,15	3,03	3,95
11	4,25 hijk	0,36	8,57	3,86	4,58
12	2,55 oprst	0,48	18,83	2,06	3,02
13	3,83 jklm	0,44	11,41	3,42	4,29
14	5,15 gf	0,57	11,07	4,63	5,76
15	5,96 e	0,43	7,24	5,51	6,37
16	5,04 fgh	0,39	7,74	4,65	5,43
17	4,84 ghi	0,40	8,24	4,53	5,29
18	3,55 klmn	0,57	16,06	2,97	4,11
19	2,58 oprst	0,62	23,88	1,96	3,19

Çizelge 4.8'in devamı

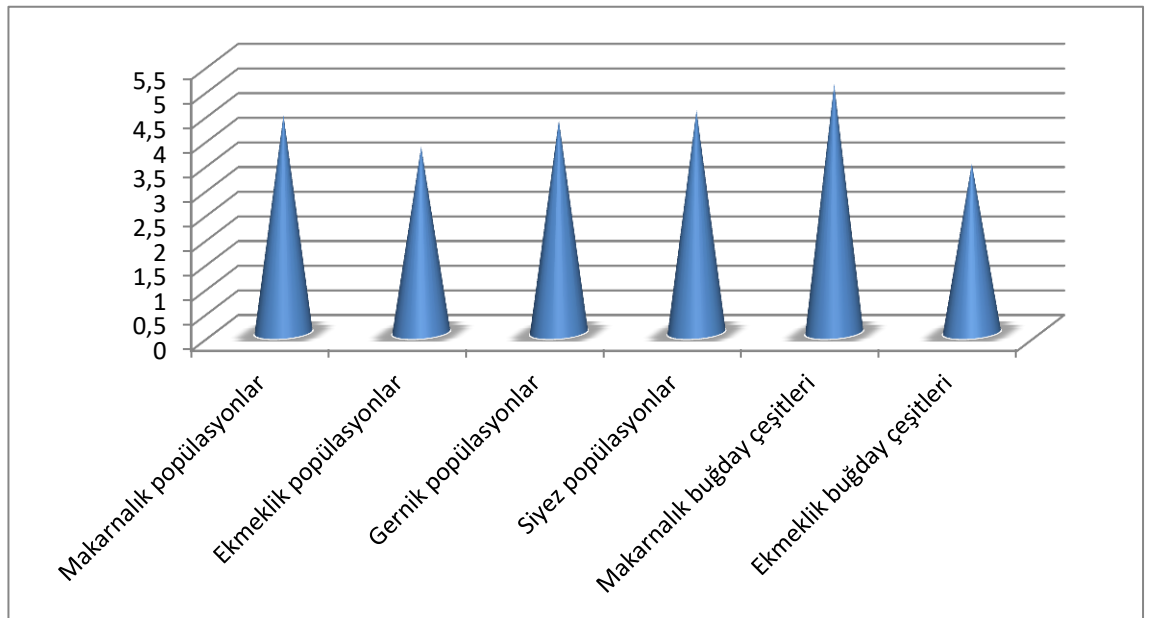
Genotip Numarası	Ortalama	Standart Sapma (±)	V.K. (%)	En Az	En Çok
20	4,61 ghij	0,56	12,05	4,06	5,17
21	5,85 ef	0,41	6,94	5,43	6,24
22	7,09 cd	0,46	6,49	6,62	7,54
23	5,05 fgh	0,66	12,98	4,38	5,69
24	3,28 lmnopr	0,47	14,31	2,78	3,71
25	2,24 tu	0,33	14,93	1,88	2,54
26	4,03 ijkl	0,39	9,68	3,65	4,43
27	7,34 bc	0,44	5,95	6,86	7,71
28	3,60 klmn	0,40	11,14	3,28	4,05
29	7,91 ab	0,29	3,67	7,63	8,21
30	3,79 jklm	0,46	12,21	3,36	4,28
31	3,42 klmno	0,43	12,49	2,97	3,82
32	2,03 tu	0,40	19,94	1,66	2,46
33	2,86 noprst	0,42	14,81	2,41	3,25
34	3,85 jklm	0,42	10,88	3,49	4,31
35	4,12 ijkl	0,37	8,92	3,82	4,53
36	5,09 fgh	0,37	7,17	4,72	5,45
37	6,35 de	0,45	7,13	5,87	6,77
38	2,60 oprst	0,44	16,77	2,17	3,04
39	2,58 oprst	0,55	21,33	2,03	3,13
40	7,90 ab	0,59	7,41	7,37	8,53
41	2,84 noprst	0,37	12,86	2,52	3,24
42	6,05 e	0,41	6,77	5,58	6,34
43	2,42 rstu	0,41	17,08	1,95	2,73
44	2,49 prstu	0,37	14,98	2,08	2,81
45	2,57 oprst	0,46	17,72	2,11	3,02
46	6,39 de	0,45	7,01	5,88	6,72
47	1,69 u	0,59	34,70	1,14	2,31
48	4,60 ghij	0,57	12,32	4,06	5,19

Çizelge 4.8'in devamı

Genotip Numarası	Ortalama	Standart Sapma (±)	V.K. (%)	En Az	En Çok
49	6,14 e	0,48	7,74	5,67	6,62
50	5,02 fgh	0,48	9,65	4,49	5,44
51	2,59 oprst	0,45	17,41	2,14	3,04
52	2,55 oprst	0,45	17,48	2,09	2,98
53	6,09 e	0,35	5,80	5,71	6,41
54	3,28 lmnopr	0,38	11,70	2,86	3,61
55	2,19 tu	0,37	17,02	1,78	2,51
56	5,09 fgh	0,37	7,17	4,72	5,45
57	5,02 fgh	0,48	9,65	4,49	5,44
58	4,70 ghi	0,46	9,84	4,21	5,13

Aynı harfle gösterilen ortalamalar arasında 0,05 ihtimal seviyesinde fark yoktur

Biyolojik verime ait ortalama değerler incelendiğinde, makarnalık popülasyonlar kendi içerisinde ortalama 4,42 g, ekmeçlik popülasyonlar kendi içerisinde ortalama 3,78 g, gernik popülasyonlar kendi içerisinde ortalama 4,32 g, siyez popülasyonlar kendi içerisinde ortalama 4,52 g, makarnalık buğday çeşitleri kendi içerisinde ortalama 5,05 g ve ekmeçlik buğday çeşitleri kendi içerisinde ortalama 3,44 g olduğu belirlenmiştir.



Şekil 4.6. Buğday gruplarının biyolojik verimi bakımından grafikleri

Çalışmada kullanılan ekmeklik popülasyonlar (2,19-7,9 g), makarnalık popülasyonlar (1,69-6,14 g) ve gernik popülasyonların (2,24-8,53 g) biyolojik verimlerinin Yalçın (2007)'ın verilerinden (ekmeklik; 40-100 g, makarnalık; 27-57 g, gernik; 10-106 g) düşük olduğu belirlenmiştir. Demirel (2013), tarafından yürütülen çalışma (siyez; 1,20-2,74 g, gernik; 1,5-2,86 g) ile mevcut çalışmadaki siyez (3,32-7,34 g) ve gernik (2,24-8,53 g) popülasyonlarının biyolojik verimleri karşılaştırıldığında, yüksek biyolojik verime sahip popülasyonların olduğu saptanmıştır. Farklı çalışmalarda kullanılan buğdayların genotipxçevre interaksiyonları biyolojik verimlerin sonuçlarında geniş bir varyasyona neden olduğu kanaatine varılmıştır.

4.1.7. Hasat indeksi

Bütün popülasyonların hasat indeksi bakımından ortalamaları incelendiğinde, yerel popülasyonlar içerisinde hasat indeksi %46,69 ile 47 numaralı genotip en yüksek olarak belirlenmişken, en düşük hasat indeksi ise %4,09 ile 3 numaralı genotipe ait olduğu rastlanmıştır. Yerel makarnalık (*Triticum durum*) popülasyonlar kendi içerisinde incelendiğinde ise hasat indeksi bakımından en yüksek %46,69 ile 47 numaralı genotip iken en düşük %10,02 ile 1 numaralı genotip olduğu saptanmıştır. Yerel ekmeklik (*Triticum aestivum*) popülasyonlar kendi içerisinde incelendiğinde ise hasat indeksi bakımından en yüksek %30,25 ile 41 numaralı genotip iken en düşük %6,24 ile 24 numaralı genotip olduğu belirlenmiştir. Gernik (*Triticum dicoccum*) buğday popülasyonları kendi içerisinde incelendiğinde ise hasat indeksi bakımından en yüksek %28,36 ile 54 numaralı genotip iken en düşük %4,09 ile 3 numaralı genotipe ait olduğu rastlanmıştır. Siyez (*Triticum monococcum*) buğday popülasyonları kendi içerisinde incelendiğinde ise hasat indeksi bakımından en yüksek %11,23 ile 48 numaralı genotip iken en düşük %6,61 ile 5 numaralı genotip olduğu saptanmıştır. Makarnalık buğday çeşitleri de hasat indeksi bakımından en yüksek %25,27 ile 56 numaralı Aydın-93 çeşidi iken en düşük %21,89 ile 57 numaralı Fırat-93 çeşidi olduğu belirlenmiştir. Ekmeklik buğday çeşitleri de hasat indeksi bakımından incelendiğinde en yüksek %26,12 ile 55 numaralı Ahmetağa çeşidi iken en düşük %10,02 ile 58 numaralı Cemre çeşidi olduğu saptanmıştır.

Çizelge 4.9. Araştırmada kullanılan genotiplerin hasat indeksi (%) gözlemleri

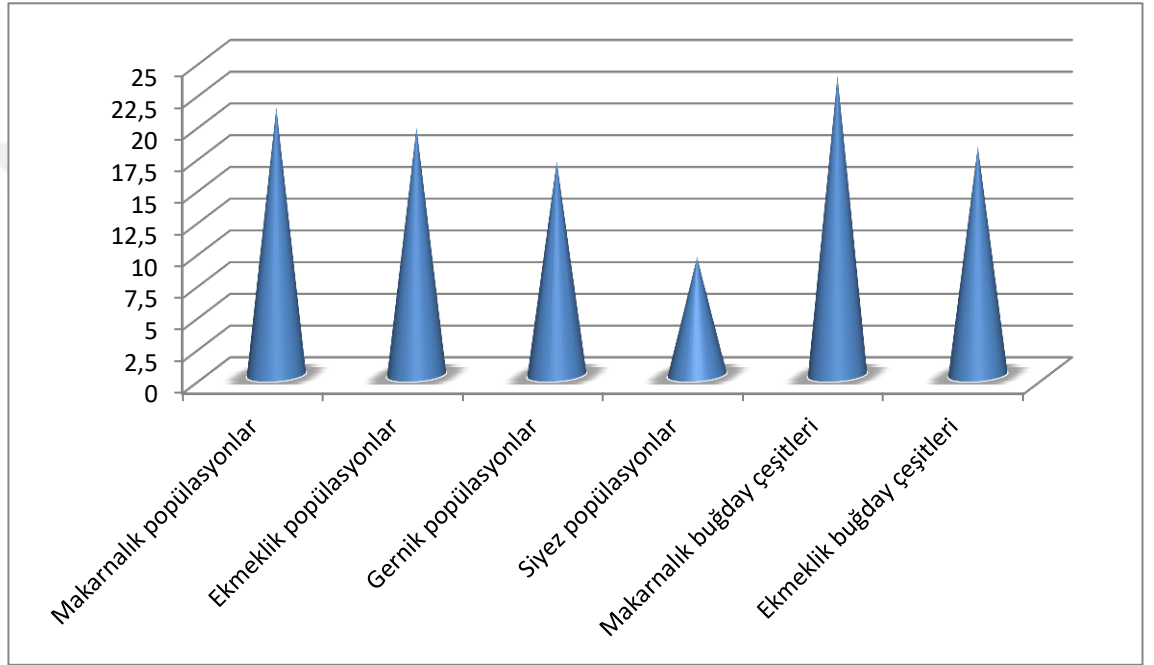
Genotip Numarası	Ortalama	Standart Sapma (±)	V.K. (%)	En Az	En Çok
1	10,02 stuvy	1,91	19,04	8,08	11,89
2	18,25 ghijklm	4,78	26,17	12,94	22,19
3	4,09 z	1,37	33,50	2,72	5,46
4	15,72 jklmno	3,53	22,44	11,73	18,44
5	6,61 vyz	1,78	26,90	4,73	8,26
6	26,12 bcd	2,24	8,59	23,60	27,89
7	18,24 ghijklm	1,49	8,19	16,53	19,24
8	29,27 bc	0,98	3,33	28,43	30,34
9	17,37 hijklm	3,81	21,94	12,97	19,57
10	10,75 rstuv	2,56	23,82	8,91	13,67
11	12,41 noprst	0,96	7,77	11,40	13,32
12	19,60 fghij	1,92	9,79	18,45	21,82
13	18,83 fghijkl	2,69	14,29	15,79	20,90
14	16,40 ijklmn	0,76	4,62	15,55	17,00
15	20,98 efghi	2,77	13,20	17,79	22,70
16	11,71 oprstu	1,65	14,05	9,89	13,10
17	21,43 efgh	1,18	5,52	20,53	22,77
18	20,89 efghi	1,45	6,93	19,95	22,56
19	21,57 efgh	2,03	9,40	19,44	23,47
20	27,49 bc	2,27	8,27	24,88	28,98
21	16,35 ijklmn	0,29	1,74	16,02	16,52
22	9,22 tuvy	0,98	10,59	8,16	10,08
23	11,26 prstu	0,46	4,13	10,73	11,61
24	6,24 yz	2,75	44,02	3,24	8,63
25	15,44 jklmnop	2,32	15,04	12,77	16,93
26	17,72 ghijklm	1,14	6,45	16,71	18,96
27	7,37 uvyz	0,81	10,94	6,56	8,17
28	17,74 ghijklm	1,16	6,54	16,46	18,73
29	15,27 jklmnop	1,00	6,54	14,15	16,08

Çizelge 4.9'un devamı

Genotip Numarası	Ortalama	Standart Sapma (±)	V.K. (%)	En Az	En Çok
30	18,96 fghijk	0,73	3,84	18,15	19,57
31	18,45 fghijklm	1,10	5,99	17,17	19,11
32	27,87 bc	2,48	8,89	25,20	30,10
33	17,61 hijklm	1,55	8,79	16,00	19,09
34	10,59 rstuvy	0,82	7,70	9,74	11,37
35	19,88 fghij	0,94	4,74	18,85	20,70
36	25,27 cde	1,04	4,12	24,58	26,47
37	14,71 klmnopr	0,42	2,82	14,26	15,07
38	22,39 defg	1,38	6,17	21,38	23,96
39	23,07 def	4,04	17,50	19,81	21,82
40	9,22 tuv	0,78	8,44	8,41	9,96
41	30,25 b	1,62	5,37	28,40	31,41
42	19,10 fghijk	1,36	7,14	18,17	20,66
43	19,48 fghij	5,85	30,05	21,82	23,81
44	21,52 efgh	0,74	3,45	20,67	22,06
45	21,70 defgh	1,11	5,14	20,53	22,75
46	14,30 lmnoprs	1,03	7,21	13,27	15,33
47	46,69 a	9,74	20,86	37,66	57,02
48	11,23 prstu	0,99	8,83	10,10	11,95
49	17,42 hijklm	1,26	7,22	16,23	18,73
50	21,89 defgh	1,46	6,68	20,71	23,53
51	21,92 defgh	0,93	4,23	21,05	22,90
52	21,62 efgh	0,97	4,48	20,57	22,48
53	14,16 mnoprs	0,61	4,29	13,49	14,66
54	28,36 bc	0,77	2,71	27,51	29,02
55	26,12 bcd	2,24	8,59	23,60	27,89
56	25,27 cde	1,04	4,12	24,58	26,47
57	21,89 defgh	1,46	6,68	20,71	23,53
58	10,02 stuvy	1,91	19,04	8,08	11,89

Aynı harfle gösterilen ortalamalar arasında 0,05 ihtimal seviyesinde fark yoktur

Hasat indeksine ait ortalama deęerler incelendięinde, makarnalık popülasyonlar kendi ięerisinde ortalama %21,11, ekmeklik popülasyonlar kendi ięerisinde ortalama %19,55, gernik popülasyonlar kendi ięerisinde ortalama %16,87, siyez popülasyonlar kendi ięerisinde ortalama %9,31, makarnalık buęday ęeřitleri kendi ięerisinde ortalama %23,58 ve ekmeklik buęday ęeřitleri kendi ięerisinde ortalama %18,07 olduęu belirlenmiřtir.



řekil 4.7. Buęday gruplarının hasat indeksi bakımından grafikleri

Ekmeklik popülasyonlarına ait hasat indeksi deęerlerinin (%6,24-%30,25), Yalçın (2007), tarafından yürütölen ęalıřmaya göre (%25,97-%38,49) kısmen benzer kısmen de dőřük deęerlerin olduęu gözlemlenirken makarnalık popülasyonlarının hasat indeksi deęerlerinin (%17,69-%35,01), mevcut ęalıřma ile hem benzer oranlarda (%10,02-%46,69) hem de dőřük varyasyonda olduęu saptanmıřtır. Mevcut ęalıřmadaki siyez (%6,61-%11,23) ve gernik (%4,09-%28,36) popülasyonlarının ise Demirel (2013)'e ait hasat indeksi oranlarından (siyez; %28,22-%38,32, gernik; %32,50-%40,17) dőřük olduęu belirlenmiřtir.

4.1.8. Bařaklanma süresi

Bütün popülasyonlar bařaklanma süresi bakımından incelendięinde, yerel popülasyonlar ięerisinde bařaklanma süresi 72 gün ile 9 ve 30 numaralı genotipler en

uzun olarak belirlenmişken, en kısa başaklanma süresi ise 48 gün ile 1 numaralı genotipe ait olduğu rastlanmıştır. Yerel makarnalık (*Triticum durum*) popülasyonlar kendi içerisinde incelendiğinde ise başaklanma süresi bakımından en uzun 69 gün ile 15 numaralı genotip iken en kısa 48 gün ile 1 numaralı genotip olduğu saptanmıştır. Yerel ekmeklik (*Triticum aestivum*) popülasyonlar kendi içerisinde incelendiğinde ise başaklanma süresi bakımından en uzun 72 gün ile 9 ve 30 numaralı genotipler iken en kısa 52 gün ile 8 numaralı genotip olduğu belirlenmiştir. Gernik (*Triticum dicoccum*) buğday popülasyonları kendi içerisinde incelendiğinde ise başaklanma süresi bakımından en uzun 65 gün ile 33 ve 46 numaralı genotipler iken en kısa 51 gün ile 2 numaralı genotipe ait olduğu rastlanmıştır. Siyez (*Triticum monococcum*) buğday popülasyonları kendi içerisinde incelendiğinde ise başaklanma süresi bakımından en uzun 69 gün ile 27 numaralı genotip iken en kısa 62 gün ile 34 numaralı genotip olduğu saptanmıştır. Makarnalık buğday çeşitleri de başaklanma süresi bakımından en uzun 64 gün ile 56 numaralı Aydın-93 çeşidi iken en kısa 62 gün ile 57 numaralı Fırat-93 çeşidi olduğu belirlenmiştir. Ekmeklik buğday çeşitleri de başaklanma süresi bakımından incelendiğinde en uzun 65 gün ile 55 numaralı Ahmetağa çeşidi iken en kısa 62 gün ile 58 numaralı cemre çeşidi olduğu saptanmıştır.

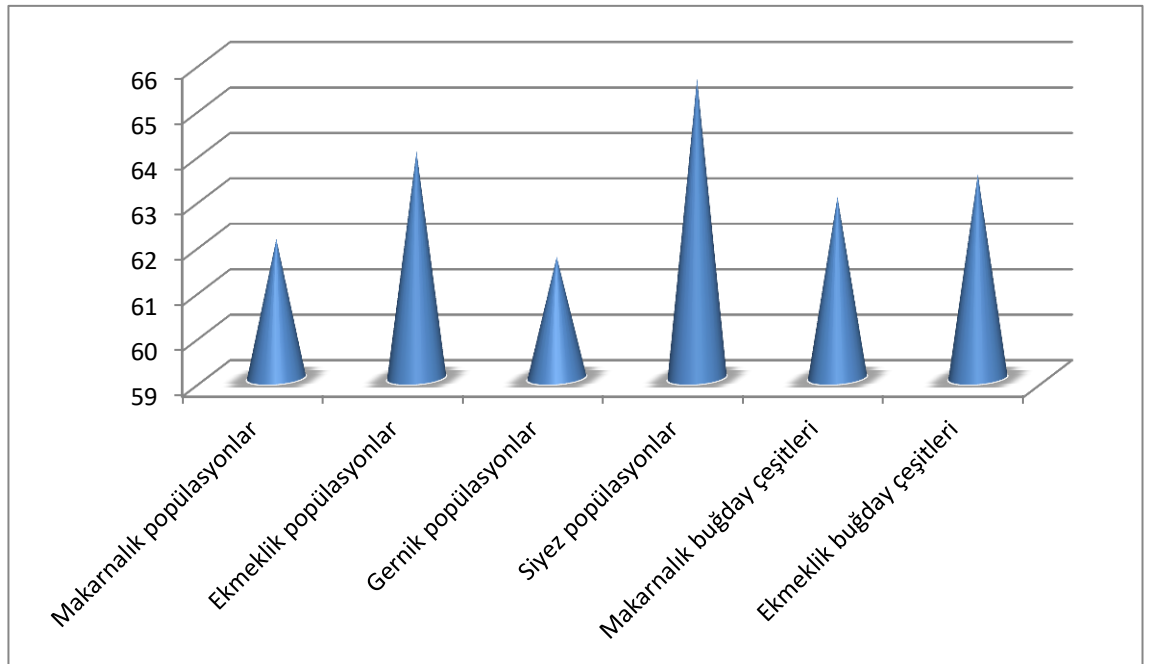
Çizelge 4.10. Araştırmada kullanılan genotiplerin başaklanma süresi (gün) gözlemleri

Genotip Numarası	Başaklanma Süresi (gün)	Genotip Numarası	Başaklanma Süresi (gün)	Genotip Numarası	Başaklanma Süresi (gün)
1	48	21	64	41	62
2	51	22	62	42	64
3	56	23	64	43	62
4	68	24	68	44	62
5	65	25	62	45	62
6	66	26	65	46	65
7	62	27	69	47	62
8	52	28	62	48	65
9	72	29	63	49	66
10	67	30	72	50	61
11	62	31	66	51	62
12	62	32	63	52	62

Çizelge 4.10'un devamı

Genotip Numarası	Başaklanma Süresi (gün)	Genotip Numarası	Başaklanma Süresi (gün)	Genotip Numarası	Başaklanma Süresi (gün)
13	63	33	65	53	62
14	61	34	62	54	63
15	69	35	61	55	65
16	62	36	62	56	64
17	63	37	63	57	62
18	67	38	62	58	62
19	62	39	62	Ortalama	63,01
20	63	40	64	Standart Sapma (±)	4,07
				V.K. (%)	6,46

Başaklanma süresine ait ortalama değerler incelendiğinde, makarnalık popülasyonlar kendi içerisinde ortalama 62,07 gün, ekmeklik popülasyonlar kendi içerisinde ortalama 64 gün, gernik popülasyonlar kendi içerisinde ortalama 61,68 gün, siyez popülasyonlar kendi içerisinde ortalama 65,60 gün, makarnalık buğday çeşitleri kendi içerisinde ortalama 63 gün ve ekmeklik buğday çeşitleri kendi içerisinde ortalama 63,50 gün olduğu belirlenmiştir.



Şekil 4.8. Buğday gruplarının başaklanma süresi bakımından grafikleri

Kaydan ve Yağmur (2008) ile Kılıç ve ark. (2014)'nın yaptıkları çalışmada ekmeklik ve makarnalık genotiplerin başaklanma sürelerini, mevcut çalışmadaki başaklanma süreleri ile karşılaştırdığımızda oldukça fazla olduğu belirlenmiştir. Başaklanma süresinin bu çalışmada az olmasının sebebi, viyollerde önceden çimlendirilmiş fidelerin araziye şaşırtılması, yazlık ekimin yapılması ve gelişimlerinin hızlı olmasından kaynaklı olduğu kanaatine varılmıştır. Nitekim, bütün popülasyonların başaklanma süreleri Demirel (2013) ile benzerlik göstermektedir.

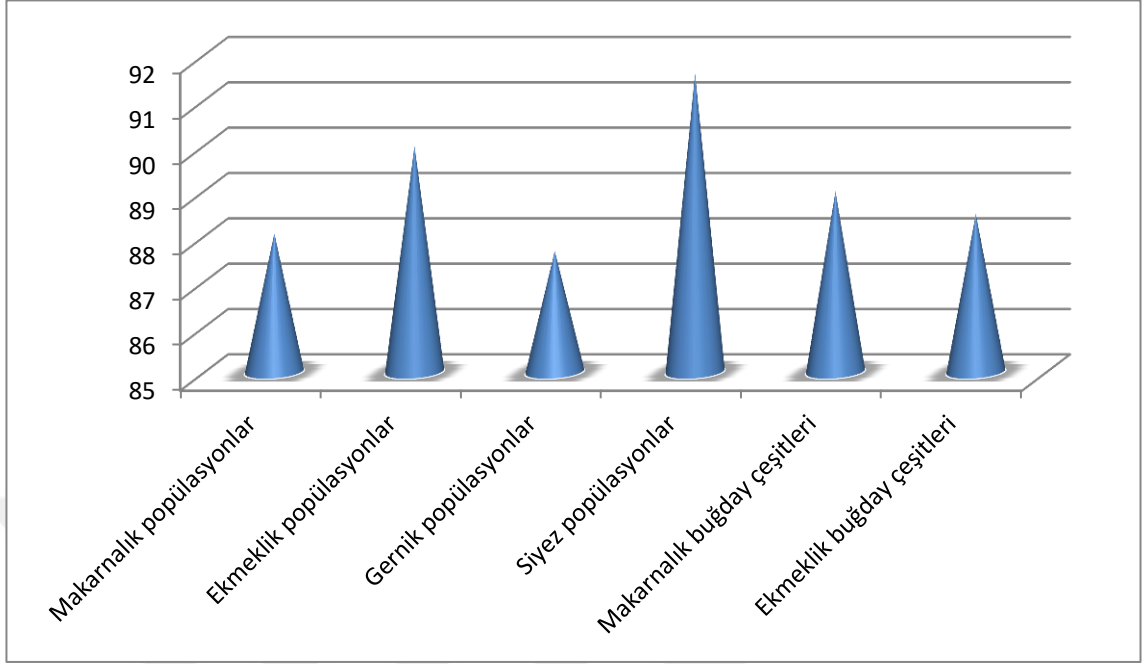
4.1.9. Olgunlaşma süresi

Bütün popülasyonların olgunlaşma süresi bakımından ortalamaları incelendiğinde, yerel popülasyonlar içerisinde olgunlaşma süresi 98 gün ile 9 ve 30 numaralı genotipler en uzun olarak belirlenmişken, en kısa olgunlaşma süresi ise 74 gün ile 1 numaralı genotipe ait olduğu saptanmıştır. Yerel makarnalık (*Triticum durum*) popülasyonlar kendi içerisinde incelendiğinde ise olgunlaşma süresi bakımından en uzun 95 gün ile 15 numaralı genotip iken en kısa 74 gün ile 1 numaralı genotip olduğu saptanmıştır. Yerel ekmeklik (*Triticum aestivum*) popülasyonlar kendi içerisinde incelendiğinde ise olgunlaşma süresi bakımından en uzun 98 gün ile 9 ve 30 numaralı genotipler iken en kısa 78 gün ile 8 numaralı genotip olduğu belirlenmiştir. Gernik (*Triticum dicoccum*) buğday popülasyonları kendi içerisinde incelendiğinde ise olgunlaşma süresi bakımından en uzun 91 gün ile 33 ve 46 numaralı genotipler iken en kısa 77 gün ile 2 numaralı genotipe ait olduğu rastlanmıştır. Siyez (*Triticum monococcum*) buğday popülasyonları kendi içerisinde incelendiğinde ise olgunlaşma süresi bakımından en uzun 95 gün ile 27 numaralı genotip iken en kısa 88 gün ile 34 numaralı genotip olduğu saptanmıştır. Makarnalık buğday çeşitleri de olgunlaşma süresi bakımından en uzun 90 gün ile 56 numaralı Aydın-93 çeşidi iken en kısa 88 gün ile 57 numaralı Fırat-93 çeşidi olduğu belirlenmiştir. Ekmeklik buğday çeşitleri de olgunlaşma süresi bakımından incelendiğinde en uzun 89 gün ile 55 numaralı Ahmetağa çeşidi iken en kısa 88 gün ile 58 numaralı Cemre çeşidi olduğu saptanmıştır.

Çizelge 4.11. Araştırmada kullanılan genotiplerin olgunlaşma süresi (gün) gözlemleri

Genotip Numarası	Olgunlaşma Süresi	Genotip Numarası	Olgunlaşma Süresi	Genotip Numarası	Olgunlaşma Süresi
1	74	21	90	41	88
2	77	22	88	42	90
3	82	23	90	43	88
4	94	24	94	44	88
5	91	25	88	45	88
6	92	26	91	46	91
7	88	27	95	47	88
8	78	28	88	48	91
9	98	29	89	49	92
10	93	30	98	50	87
11	88	31	92	51	88
12	88	32	89	52	88
13	89	33	91	53	88
14	87	34	88	54	89
15	95	35	87	55	88
16	88	36	88	56	90
17	89	37	89	57	88
18	93	38	88	58	88
19	88	39	88	Ortalama	88,98
20	89	40	90	Standart Sapma (±)	4,06
				V.K. (%)	4,56

Olgunlaşma süresine ait ortalama değerler incelendiğinde, makarnalık popülasyonlar kendi içerisinde ortalama 88,07 gün, ekmeçlik popülasyonlar kendi içerisinde ortalama 90 gün, gernik popülasyonlar kendi içerisinde ortalama 87,68 gün, siyez popülasyonlar kendi içerisinde ortalama 91,60 gün, makarnalık buğday çeşitleri kendi içerisinde ortalama 89 gün ve ekmeçlik buğday çeşitleri kendi içerisinde ortalama 88,50 gün olduğu belirlenmiştir.



Şekil 4.9. Buğday gruplarının olgunlaşma süresi bakımından grafikleri

Bütün popülasyonlara ait olgunlaşma süreleri incelendiğinde, elde edilen verilerin Demirel (2013)'in çalışmasından daha düşük olduğu gözlenmiş, bu sonucun Demirel'in çalışmasını yürüttüğü Kayseri ilinin rakımının Iğdır iline göre daha yüksek olmasından kaynaklandığı kanaatine varılmıştır

4.1.10. Bin dane ağırlığı

Bütün popülasyonların bin dane ağırlığı bakımından ortalamaları incelendiğinde, yerel popülasyonlar içerisinde bin dane ağırlığı 46,62 g ile 9 ve 30 numaralı genotipler en çok olarak belirlenmişken, en az bin dane ağırlığı ise 18,47 g ile 10 numaralı genotipe ait olduğu rastlanmıştır. Yerel makarnalık (*Triticum durum*) popülasyonlar kendi içerisinde incelendiğinde ise bin dane ağırlığı bakımından en çok 44,84 g ile 50 numaralı genotip iken en az 24,26 g ile 53 numaralı genotip olduğu saptanmıştır. Yerel ekmeklik (*Triticum aestivum*) popülasyonlar kendi içerisinde incelendiğinde ise bin dane ağırlığı bakımından en çok 46,62 g ile 9 ve 30 numaralı genotipler iken en az 20,32 g ile 24 numaralı genotip olduğu belirlenmiştir. Gernik (*Triticum dicoccum*) buğday popülasyonları kendi içerisinde incelendiğinde ise bin dane ağırlığı bakımından en çok 42,23 g ile 20 numaralı genotip iken en az 26,64 g ile 11 numaralı genotipe ait olduğu rastlanmıştır. Siyez (*Triticum monococcum*) buğday popülasyonları kendi içerisinde incelendiğinde ise bin dane ağırlığı bakımından en çok 27,48 g ile 34

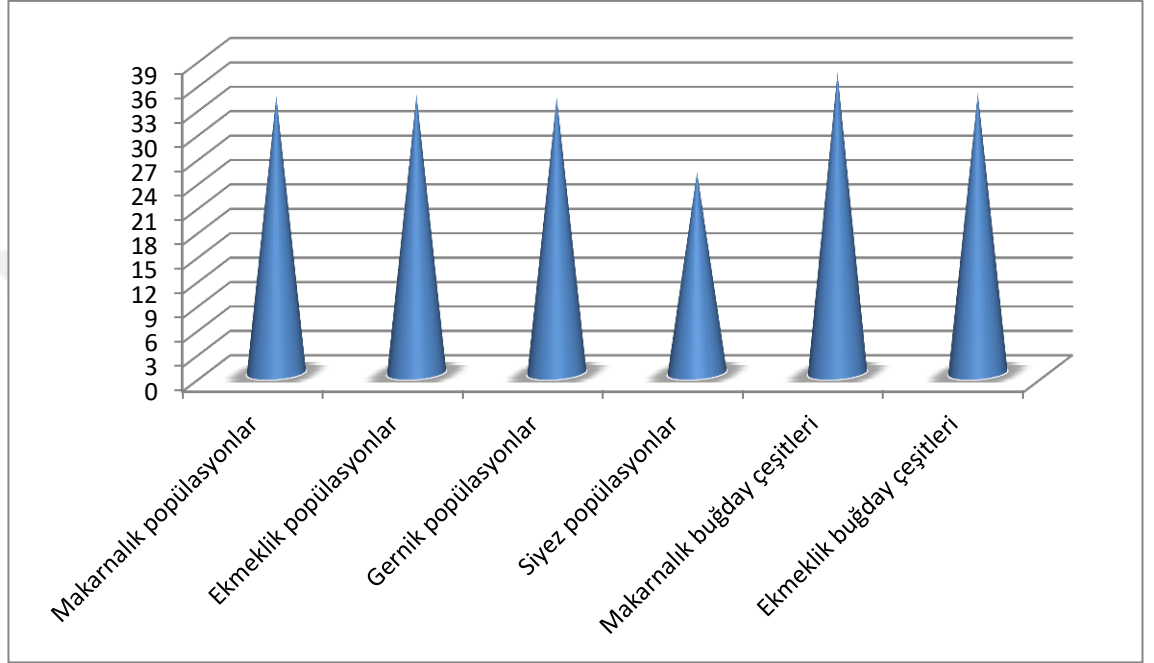
numaralı genotip iken en az 18,47 g ile 10 numaralı genotip olduğu saptanmıştır. Makarnalık buğday çeşitleri de bin dane ağırlığı bakımından en çok 40,17 g ile 56 numaralı Aydın-93 çeşidi iken en az 33,82 g ile 57 numaralı Fırat-93 çeşidi olduğu belirlenmiştir. Ekmeklik buğday çeşitleri de bin dane ağırlığı bakımından incelendiğinde en çok 35,13 g ile 55 numaralı Ahmetağa çeşidi iken en az 33,82 g ile 58 numaralı Cemre çeşidi olduğu saptanmıştır.

Çizelge 4.12. Araştırmada kullanılan genotiplerin bin dane ağırlığı (g) gözlemleri

Genotip Numarası	Bin Dane Ağırlığı	Genotip Numarası	Bin Dane Ağırlığı	Genotip Numarası	Bin Dane Ağırlığı
1	37,21	21	41,26	41	35,13
2	31,63	22	36,15	42	40,17
3	29,64	23	29,46	43	33,82
4	27,50	24	20,32	44	33,82
5	25,23	25	32,67	45	33,82
6	26,41	26	29,10	46	35,86
7	36,20	27	25,23	47	32,25
8	33,63	28	29,86	48	27,26
9	46,62	29	38,85	49	34,66
10	18,47	30	46,62	50	44,84
11	26,64	31	34,23	51	33,82
12	33,82	32	25,46	52	33,82
13	37,45	33	33,44	53	24,26
14	33,28	34	27,48	54	36,42
15	37,43	35	34,25	55	35,13
16	34,06	36	40,52	56	40,17
17	37,24	37	29,26	57	33,82
18	35,23	38	33,82	58	33,82
19	33,82	39	33,82	Ortalama	33,44
20	42,23	40	31,23	Standart Sapma (±)	5,71
				V. K. (%)	17,09

Bin dane ağırlığına ait ortalama değerler incelendiğinde, makarnalık popülasyonlar kendi içerisinde ortalama 34,09 g, ekmeklik popülasyonlar kendi

içerisinde ortalama 34,30 g, gernik popülasyonlar kendi içerisinde ortalama 33,99 g, siyez popülasyonlar kendi içerisinde ortalama 24,73 g, makarnalık buğday çeşitleri kendi içerisinde ortalama 36,99 g ve ekmeklik buğday çeşitleri kendi içerisinde ortalama 34,47 g olduğu belirlenmiştir.



Şekil 4.10. Buğday gruplarının bin dane ağırlığı bakımından grafikleri

Ekmeklik ve makarnalık popülasyonların bin dane ağırlığı verilerinin; Çağlar ve ark. (2006), Kaydan ve Yağmur (2008), Yazar ve Karadoğan (2008) ve Kılıç ve ark. (2014) ile örtüştüğü belirlenmiştir. Gernik popülasyonların bin dane ağırlığı verilerinin Pagnotta *et al.* (2005)'ın bildirdiği değerler ile kısmen aynı kısmen az olduğu, Yalçın (2007)'nin bildirdiği verilerden kısmen aynı kısmen de fazla olduğu saptanmıştır. Siyez popülasyonların bin dane ağırlığı verilerinin, Demirel (2013)'ün bildirdiği değerler ile kısmen aynı kısmen de düşük olduğu belirlenmiştir.

4.1.11. Hektolitre ağırlığı

Bütün popülasyonların hektolitre ağırlığı bakımından ortalamaları incelendiğinde, yerel popülasyonlar içerisinde hektolitre ağırlığı 88,58 g ile 9 ve 30 numaralı genotipler en çok olarak belirlenmişken, en az hektolitre ağırlığına ise 35,09 g ile 10 numaralı genotipe ait olduğu rastlanmıştır. Yerel makarnalık (*Triticum durum*) popülasyonlar kendi içerisinde incelendiğinde ise hektolitre ağırlığı bakımından en çok

85,20 g ile 50 numaralı genotip iken en az 46,09 g ile 53 numaralı genotip olduğu saptanmıştır. Yerel ekmeklik (*Triticum aestivum*) popülasyonlar kendi içerisinde incelendiğinde ise hektolitre ağırlığı bakımından en çok 88,58 g ile 9 ve 30 numaralı genotipler iken en az 38,61 g ile 24 numaralı genotip olduğu belirlenmiştir. Gernik (*Triticum dicoccum*) buğday popülasyonları kendi içerisinde incelendiğinde ise hektolitre ağırlığı bakımından en çok 80,24 g ile 20 numaralı genotip iken en az 50,62 g ile 11 numaralı genotipe ait olduğu rastlanmıştır. Siyez (*Triticum monococcum*) buğday popülasyonları kendi içerisinde incelendiğinde ise hektolitre ağırlığı bakımından en çok 52,21 g ile 34 numaralı genotip iken en az 35,09 g ile 10 numaralı genotip olduğu saptanmıştır. Makarnalık buğday çeşitleri de hektolitre ağırlığı bakımından en çok 76,32 g ile 56 numaralı Aydın-93 çeşidi iken en az 64,26 g ile 57 numaralı Fırat-93 çeşidi olduğu belirlenmiştir. Ekmeklik buğday çeşitleri de hektolitre ağırlığı bakımından incelendiğinde en çok 66,75 g ile 55 numaralı Ahmetağa çeşidi iken en az 64,26 g ile 58 numaralı Cemre çeşidi olduğu saptanmıştır.

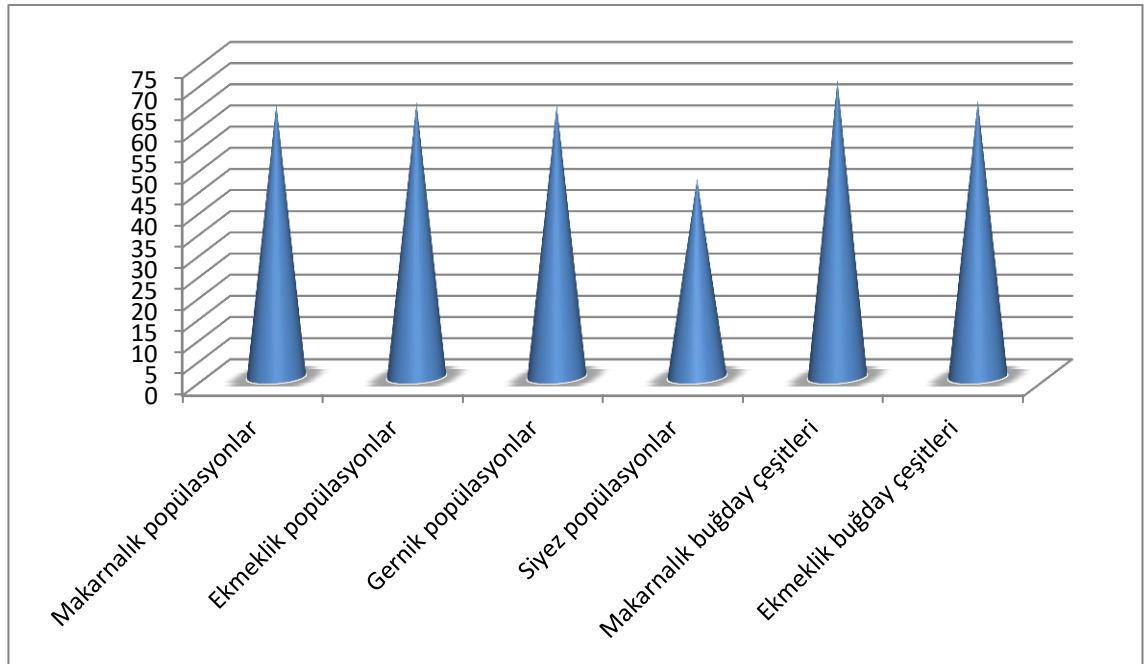
Çizelge 4.13. Araştırmada kullanılan genotiplerin hektolitre ağırlığı (g) gözlemleri

Genotip Numarası	Hektolitre Ağırlığı	Genotip Numarası	Hektolitre Ağırlığı	Genotip Numarası	Hektolitre Ağırlığı
1	70,70	21	78,39	41	66,75
2	60,10	22	68,69	42	76,32
3	56,32	23	55,97	43	64,26
4	52,25	24	38,61	44	64,26
5	47,94	25	62,07	45	64,26
6	50,18	26	55,29	46	68,13
7	68,78	27	47,94	47	61,28
8	63,90	28	56,73	48	51,79
9	88,58	29	73,82	49	65,85
10	35,09	30	88,58	50	85,20
11	50,62	31	65,04	51	64,26
12	64,26	32	48,37	52	64,26
13	71,16	33	63,54	53	46,09
14	63,23	34	52,21	54	69,20

Çizelge 4.13'ün devamı

Genotip Numarası	Hektolitre Ağırlığı	Genotip Numarası	Hektolitre Ağırlığı	Genotip Numarası	Hektolitre Ağırlığı
15	71,12	35	65,08	55	66,75
16	64,71	36	76,99	56	76,32
17	70,76	37	55,59	57	64,26
18	66,94	38	64,26	58	64,26
19	64,26	39	64,26	Ortalama	63,54
20	80,24	40	59,34	Standart Sapma (±)	10,86
				V. K. (%)	17,09

Hektolitre ağırlığına ait ortalama değerler incelendiğinde, makarnalık popülasyonlar kendi içerisinde ortalama 64,77 g, ekmeklik popülasyonlar kendi içerisinde ortalama 65,16 g, gernik popülasyonlar kendi içerisinde ortalama 64,59 g, siyez popülasyonlar kendi içerisinde ortalama 46,99 g, makarnalık buğday çeşitleri kendi içerisinde ortalama 70,29 g ve ekmeklik buğday çeşitleri kendi içerisinde ortalama 65,50 g olduğu belirlenmiştir.



Şekil 4.11. Buğday gruplarının hektolitre ağırlığı bakımından grafikleri

Bütün popülasyonlar genel olarak hektolitre ağırlığı bakımından incelendiğinde, Yazar ve Karadoğan (2008) ile Kılıç ve ark. (2014)'nın bildirdikleri hektolitre ağırlıklarından düşük olduğu belirlenmiştir.

4.1.12. Kulakçık rengi

Bütün popülasyonlar ve çeşitler genel olarak incelendiğinde, tamamının kulakçık renginin beyaz olduğu tespit edilmiştir. Nitekim, Demirel (2013) ile sonuçların örtüştüğü görülmektedir (Çizelge 4.3).

4.1.13. Tüylülük

Bütün popülasyon ve çeşitler genel olarak incelendiğinde, %51,72 oranında tüylülük olduğu belirlenmiştir. Makarnalık popülasyonlar incelendiğinde, popülasyonun %46,15'i tüylülüğe sahip iken ekmeklik popülasyonların %40'ının tüylü olduğu saptanmıştır. Gernik popülasyonlarının %68,75'i tüylülüğe sahipken siyez popülasyonlarının %100'ünün tüylü olduğu tespit edilmiştir. Makarnalık ve ekmeklik çeşitlerden Aydın-93, Fırat-93, Ahmetağa ve Cemre'de ise tüylülük olmadığı belirlenmiştir (Çizelge 4.3). Böylece, Demirel (2013) ile sonuçların kısmen örtüştüğü saptanmıştır.

4.1.14. Mumsuluk

Popülasyon ve çeşitlerin tamamı genel olarak incelendiğinde, %48,27 oranının mumsu olduğu saptanmıştır. Makarnalık popülasyonlarda mumsuluk oranı %84,61 iken ekmeklik popülasyonlarda ise %65 oranında mumsuluk olduğu belirlenmiştir. Gernik ve siyez popülasyonlarında mumsuluğa rastlanmamış olup, makarnalık ve ekmeklik çeşitlerden olan Aydın-93, Fırat-93, Ahmetağa ve Cemre'nin mumsu olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.3). Bu sonuçların, Demirel (2013) ile kısmen örtüştüğü belirlenmiştir.

4.1.15. Büyüme habitusu

Bütün popülasyonlar ve çeşitler genel olarak incelendiğinde, tamamının büyüme habitusunun dik olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.3). Nitekim, Demirel (2013) ile sonuçların örtüştüğü görülmektedir.

4.1.16. Kavuzluluk

Bütün popülasyon ve çeşitler genel olarak incelendiğinde, %36,20 oranında kavuzlu olduğu saptanmıştır. Gernik ve siyez popülasyonlarının tamamının kavuzlu olduğu belirlenmişken, ekmeklik ve makarnalık popülasyonlar ile ekmeklik ve makarnalık çeşitlerin kavuzlu olmadığı saptanmıştır (Çizelge 4.3). Böylece, Demirel (2013) ile sonuçların örtüştüğü saptanmıştır.

Çizelge 4.14. Araştırmada kullanılan genetik materyallerde incelenen kalitatif gözlemler

Genotip Numarası	Kulakçık Rengi	Tüylülük	Mumsuluk	Büyüme Habitusu	Kavuzluluk
1	Beyaz	Yok	Var	Dik	Yok
2	Beyaz	Var	Yok	Dik	Var
3	Beyaz	Var	Yok	Dik	Var
4	Beyaz	Yok	Var	Dik	Yok
5	Beyaz	Var	Yok	Dik	Var
6	Beyaz	Yok	Var	Dik	Yok
7	Beyaz	Yok	Yok	Dik	Var
8	Beyaz	Yok	Var	Dik	Yok
9	Beyaz	Yok	Var	Dik	Yok
10	Beyaz	Var	Yok	Dik	Var
11	Beyaz	Yok	Yok	Dik	Var
12	Beyaz	Var	Yok	Dik	Yok
13	Beyaz	Var	Yok	Dik	Var
14	Beyaz	Var	Yok	Dik	Var
15	Beyaz	Yok	Var	Dik	Yok
16	Beyaz	Yok	Yok	Dik	Var
17	Beyaz	Yok	Var	Dik	Yok
18	Beyaz	Yok	Var	Dik	Yok
19	Beyaz	Var	Yok	Dik	Yok
20	Beyaz	Yok	Yok	Dik	Var
21	Beyaz	Var	Yok	Dik	Var
22	Beyaz	Yok	Var	Dik	Yok
23	Beyaz	Var	Yok	Dik	Var
24	Beyaz	Var	Yok	Dik	Yok

Çizelge 4.14'ün devamı

Genotip Numarası	Kulakçık Rengi	Tüylülük	Mumsuluk	Büyüme Habitusu	Kavuzluluk
25	Beyaz	Var	Yok	Dik	Var
26	Beyaz	Var	Var	Dik	Yok
27	Beyaz	Var	Yok	Dik	Var
28	Beyaz	Var	Yok	Dik	Var
29	Beyaz	Yok	Var	Dik	Yok
30	Beyaz	Yok	Var	Dik	Yok
31	Beyaz	Yok	Var	Dik	Yok
32	Beyaz	Var	Var	Dik	Yok
33	Beyaz	Var	Yok	Dik	Var
34	Beyaz	Var	Yok	Dik	Var
35	Beyaz	Var	Var	Dik	Yok
36	Beyaz	Yok	Var	Dik	Yok
37	Beyaz	Var	Var	Dik	Yok
38	Beyaz	Var	Yok	Dik	Yok
39	Beyaz	Var	Yok	Dik	Yok
40	Beyaz	Yok	Var	Dik	Yok
41	Beyaz	Yok	Var	Dik	Yok
42	Beyaz	Yok	Var	Dik	Yok
43	Beyaz	Var	Yok	Dik	Yok
44	Beyaz	Var	Yok	Dik	Var
45	Beyaz	Var	Yok	Dik	Yok
46	Beyaz	Yok	Yok	Dik	Var
47	Beyaz	Yok	Var	Dik	Yok
48	Beyaz	Var	Yok	Dik	Var
49	Beyaz	Yok	Var	Dik	Yok
50	Beyaz	Yok	Var	Dik	Yok
51	Beyaz	Var	Yok	Dik	Yok
52	Beyaz	Var	Yok	Dik	Yok
53	Beyaz	Var	Var	Dik	Yok

Çizelge 4.14'ün devamı

Genotip Numarası	Kulakçık Rengi	Tüylülük	Mumsuluk	Büyüme Habitusu	Kavuzluluk
54	Beyaz	Var	Yok	Dik	Var
55	Beyaz	Yok	Var	Dik	Yok
56	Beyaz	Yok	Var	Dik	Yok
57	Beyaz	Yok	Var	Dik	Yok
58	Beyaz	Yok	Var	Dik	Yok

4.2. Moleküler (IPBS) Veriler

Toplam 58 genotip için 10 IPBS markörünün her birinin polimorfizm (farklılık gösterme) verdiği belirlenmiştir. IPBS primerleri kullanılarak elde edilen bant profilleri ve markörlerin çeşitlilik değerleri Çizelge 4.14'de verilmiştir.

Yaptığımız çalışmaya göre, 10 IPBS markörü kendi içerisinde değerlendirildiğinde markör başına toplam bant sayısı en az IPBS -2386 numaralı markör olup, polimorfizm oranı %80 iken en fazla polimorfizm oranı %100 ile IPBS -2219, IPBS -2278, IPBS -2377, IPBS -2378 ve IPBS -2383 isimli markörlerdir. Toplam bant sayısı 168 olup bunun 163 tanesi polimorfik bant vermiştir. En az polimorfik bant sayısı 4 adet ile IPBS -2386 marköründen elde edilmiş iken en fazla 29 adet ile IPBS -2219 markörünün polimorfik bant verdiği belirlenmiştir. Markör başına ortalama polimorfik bant sayısı ise 16,3 olarak bulunmuştur. Nasri *et al.* (2013), İran ekmeçlik buğday çeşitlerinde ve ıslah hatlarında genetik çeşitliliği ortaya koymak adına retrotranspozon temelli IRAP ve REMAP markör sistemini kullanmışlardır. Çalışmada test edilen IRAP markörlerinden 5 IRAP primer kombinasyonu ve 4 tek IRAP primeri skorlanabilir ve polimorfik bant deseni oluşturmuş, 9 IRAP primerinin çoğalttığı 128 allelin %84'ü polimorfik bant profili oluşturmuştur. Test edilen 88 REMAP primer kombinasyonu %91 (240 allel) polimorfik lokus üretmiştir. Carvalho *et al.* (2010), Portekize ait 48 yerel ekmeçlik buğdayın genomunu BARE-1, Sikkula ve Nikita retrotranspozonlarına dayalı geliştirilen primerler ile IRAP ve REMAP tekniğini kullanarak çoğaltmışlardır. Açık ve ayırt edilebilir bantlar binary matris oluşturmak için skorlanmıştır. Test edilen primer kombinasyonları arasında sadece 5 IRAP ve 6 REMAP kombinasyonu tüm ekmeçlik buğday genotiplerini çoğaltmış ve IRAP tekniğinde sadece 1 sikkula primeri tek başına kullanıldığında PCR ile amplifikasyon

sağlanmıştır. IRAP tekniğinde 113 bant elde edilmiş ve bunların 103'nün polimorfik olduğu, REMAP tekniğinde ise 53 bant elde edilmiş bunların 51'nin polimorfik olduğu tespit edilmiştir. Ortalama polimorfizm oranının IRAP tekniğine (%91,15) göre REMAP (%96.23) tekniğinde daha yüksek olduğu saptanmıştır. Queen *et al.* (2003), buğdayda BARE-1/Wis-2-1 A, Thv19, Tar1 ve Tagermina retrotranspozonlarına dayalı moleküler markörler ile genetik çeşitliliği araştırdıkları çalışmada sırasıyla polimorfizm oranları %13, %13, %18 ve %17 olarak bulunmuştur. Bizim çalışmamız da ise polimorfizm oranı %95,08 olup, polimorfizm oranı Nasri *et al.* (2013), ve Carvalho *et al.* (2010), çalışmalarına yakın iken, Queen *et al.* (2003)'nin çalışmalarından yüksektir.

IPBS mörkörlerinin polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değerleri incelendiğinde; en az polimorfizm değeri 0,13 ile IPBS -2390 marköründe görülmüşken en fazla polimorfizm değerinin ise 0,29 ile IPBS -2386 markörüne ait olduğu belirlenmiştir. On markörün ortalama polimorfizm değeri de 0,22 olarak hesaplanmıştır. Konovalov *et al.* (2010), tarafından retrotranspozon dayalı markörlerden BARE-1 ve Jeli moleküler markörlerini kullanarak *Triticum boeoticum*, *Triticum monococcum*, *Triticum sinskajae* ve *Triticum urartu* buğday türleri arasındaki evrimsel ilişki anlaşılmaya çalışılmıştır. Ortalama PIC değeri BARE-1 için 0,280 iken, Jeli için 0,310 bulunmuştur. Her iki markör için de allel frekansı hesaplanmış olup BARE-1'in allel frekansı 0,263, ve Jeli'nin allel frekansı 0,314 bulunmuştur. Gürçan *et al.* (2017), tarafından Türkiye'nin bazı illerinden toplanan kavuzlu buğday genotipleri arasındaki genetik çeşitlilik SSR markörleri ile incelenmiştir. Çalışmada kullanılan 11 SSR markörünün ortalama PIC değeri 0,67 iken, endüyük PIC değeri 0,50 ve en yüksek PIC değeri 0,86 olarak bulunmuştur. Eltahir *et al.* (2018), Nebraska'nın kışlık buğday genotiplerine ait F3:6 ıslah hatlarının GBS (genotyping by sequencing) tekniği ile genetik çeşitliliğini ve popülasyon yapısını araştırmışlardır. SNPs markörlerinin PIC değerinin 0,09 ile 0,37 arasında dağılım gösterdiği ve ortalama PIC değerinin 0,23 olduğu rapor edilmiştir. Etminan *et al.* (2018), makarnalık buğdaylarda (geliştirilmiş ıslah hatları ve İran köy çeşitleri) CAAT kutusu türevli polimorfizm primerlerini kullanarak genetik çeşitliliği analiz etmişlerdir. Çalışmada kullanılan 22 marköre ait ortalama PIC değeri 0,31 ve markörlerin ortalama çözünürlük gücü (resolving power) 9,16 olarak saptanmıştır.

Mevcut çalışmada IPBS markörlerine ait ortalama polimorfizm oranının mevcut çalışmalar ile tutarlı sonuç sergilediği görülmektedir.

Markörlerden elde edilen gen çeşitliliği (H) dikkate alındığında da, en düşük gen çeşitliliği değeri 0,15 ile IPBS -2390 iken en yüksek gen çeşitliliği değeri 0,36 ile IPBS -2386 markörüne ait olduğu saptanmıştır. Çalışmada kullanılan markörlerin ortalama gen çeşitliliği değerleri de 0,26 olarak belirlenmiştir. Taheri *et al.* (2018), İran'a ait *Triticum urartu* ve *Triticum boeoticum* popülasyonlarının genetik çeşitliliğini değerlendirdikleri çalışmada IRAP markörleri için en düşük genetik çeşitlilik 0,209 ve en yüksek genetik çeşitlilik 0,430, REMAP markörleri için ise sırasıyla 0,175 ve 0,378 olarak saptanmıştır. Shizuka *et al.* (2015), Türkiye'den toplanan yabancı buğday genotiplerinde SSR markörlerini kullanarak genetik çeşitliliği araştırmışlardır. 24 adet SSR markörünün 9 tanesi polimorfik profil sergilemiştir. Genetik çeşitliliğin 0,00 ile 0,70 arasında değiştiği, genetik çeşitlilik ortalamasının 0,28 – 0,29 arasında değiştiği saptanmıştır. Umman'da yapılan bir başka çalışmada köy buğday çeşitlerinde SSR markörleri ile genetik çeşitlilik ve genetik ilişki çalışılmış olup ortalama gen çeşitliliği makarnalık buğday ve ekmeklik buğdayda sırasıyla 0,29 ve 0,28 olarak belirlenmiştir (Zhang *et al.*, 2006). Mevcut çalışmada ortalama genetik çeşitlilik değeri yukarıda değinilen çalışmalara yakın değer göstermektedir.

Çizelge 4.15. 58 genotip için kullanılan IPBS markörlerinin karakterizasyon değerleri

Numara	Markör Adı	At (°C)	Bantların Sayısı		Çeşitlilik Değerleri		
			Toplam Bant	Polimorfik Bant	P%	H	PIC
1	IPBS -2219	57	29	29	100	0,23	0,20
2	IPBS -2270	60	19	18	94,7	0,28	0,23
3	IPBS -2271	57,5	21	20	95,2	0,25	0,21
4	IPBS -2278	44	18	18	100	0,30	0,24
5	IPBS -2375	44	10	9	90	0,23	0,19
6	IPBS -2377	44	19	19	100	0,31	0,25
7	IPBS -2378	44	20	20	100	0,24	0,20
8	IPBS -2383	48	16	16	100	0,28	0,23
9	IPBS -2386	48	5	4	80	0,36	0,29
10	IPBS -2390	44	11	10	90,9	0,15	0,13
Toplam			168	163			
Ortalama			16,8	16,3	95,08	0,26	0,22

At: Bağlanma sıcaklığı, P%: Yüzdelik polimorfizm, H: Gen çeşitliliği, PIC: Polimorfizm bilgi içeriği

4.3. Popülasyonlar ve Tescilli Çeşit Buğdayların Tanımlanması

Mevcut çalışmada, 10 IPBS markörü ile 58 genotipin moleküler tanımlaması yapılmıştır. Polimorfik bantlar excel tablosuna 1 (var), 0 (yok) olarak skorlanmıştır. Elde edilen veriler NTSYSpc 2.11f programında analiz edilmiştir. IPBS DNA verileri kullanılarak 58 genotip, DICE yöntemine göre hesaplanmış ve genotipler arasındaki benzerlik katsayı değerleri oluşturulmuştur.

Ortalama DICE benzerlik katsayı değeri 0,5948 olarak saptanmıştır. DICE benzerlik katsayı değerlerine göre genotipler karşılaştırıldığında, 3 numaralı genotip ile 10 numaralı genotip 0,1299 benzerlik katsayı değeri ile birbirine en az benzeyen genotipler olarak belirlenmişken, en çok benzerlik gösteren genotipler 0,8829 benzerlik katsayı değeri ile 17 ve 49 numaralı genotipler olduğu saptanmıştır. Nasri *et al.* (2013), tarafından IRAP, REMAP ve IRAP + REMAP verileri için Dice benzerlik indeksleri hesaplanmış, IRAP markörlerinden elde edilen veriler ile hesaplanan ortalama Dice benzerlik katsayısı buğday ıslah hatları için 0,81, çeşitler için 0,80 ve hem çeşit hemde hatlar için 0,8 olarak tespit edilmiştir. En yüksek genetik benzerlik (0,98) 12 ve 177

numaralı hatlara ait iken, en düşük genetik benzerlik (0,68) Chenab çeşidi ve 608 numaralı hat arasında olduğu tespit edilmiştir. REMAP için Dice benzerlik katsayısının 0,63 ile (159-608 hatları) 0,92 (122-133 hatları) arasında dağılım gösterdiği belirtilmiştir. Demirel (2013), kavuzlu buğdayda ISSR markör verileri ile Dice benzerlik katsayısını hesaplamış en yüksek Dice benzerlik katsayısı 0,91, en düşük benzerlik katsayısı 0,112 ve ortalama Dice benzerlik katsayısı da 0,553 olarak belirlenmiştir. Darvishzadeh and Bernousi (2012), İran ekmeçlik buğday çeşitleri ve ıslah hatları arasındaki ilişkiyi belirlemek adına 23 ISSR marköründen elde edilen veriler ile Dice benzerlik katsayısını hesaplamışlardır. Dice benzerlik katsayısının çeşitler ve ıslah hatları arasında 0,76 ile 0,91 arasında değiştiğini, ortalama dice benzerlik katsayısının çeşitler için 0,86, ıslah hatları için 0,85 ve hem çeşit hem de ıslah hatlarını kapsayan genotipler için ise 0,85 olduğunu belirtmişlerdir. En yüksek benzerliğin 175 ve 170 hatlar arasında olduğu saptanmıştır. Literatürde yer alan sonuçlar ile mevcut çalışmadaki sonuçların farklı olması, hem kullanılan markör sisteminin farklı olmasından hem de çalışmada kullanılan genotiplerin farklı olmasından kaynaklanmaktadır (Çizelge 4.14).

Çizelge 4.16. IPBS verilerine göre DICE benzerlik katsayı değerleri

	1	2	3	4	5	6	7	8
1	1,000							
2	0,5172	1,000						
3	0,5758	0,6400	1,000					
4	0,7733	0,4194	0,4571	1,000				
5	0,2381	0,1471	0,1579	0,2791	1,000			
6	0,7045	0,4167	0,5000	0,8409	0,3009	1,000		
7	0,6265	0,4776	0,4800	0,7586	0,2752	0,7018	1,000	
8	0,6593	0,4267	0,4337	0,7957	0,3158	0,8067	0,7304	1,000
9	0,6667	0,3824	0,4211	0,8372	0,2340	0,8367	0,7097	0,8119
10	0,2588	0,1449	0,1299	0,3023	0,8624	0,3509	0,2727	0,3304
11	0,7089	0,6032	0,5070	0,6250	0,2857	0,6000	0,7170	0,6306
12	0,6522	0,3684	0,4048	0,8387	0,3051	0,878	0,6723	0,7903

Çizelge 4.16'nın devamı

	1	2	3	4	5	6	7	8
13	0,6076	0,4444	0,5352	0,7561	0,2476	0,6909	0,8113	0,6667
14	0,557	0,5397	0,4507	0,6829	0,1798	0,6237	0,7955	0,6458
15	0,6494	0,3279	0,3714	0,7949	0,2549	0,7925	0,6471	0,7778
16	0,6047	0,4286	0,3846	0,6897	0,2857	0,6838	0,8142	0,6610
17	0,7294	0,3768	0,4156	0,8605	0,2593	0,8496	0,6422	0,7895
18	0,6914	0,3692	0,3836	0,8193	0,2376	0,7358	0,5686	0,7477
19	0,7000	0,3438	0,4167	0,8537	0,2745	0,8037	0,6214	0,7407
20	0,6207	0,4225	0,4810	0,6742	0,2832	0,6780	0,8421	0,6891
21	0,5823	0,4762	0,5070	0,7407	0,2697	0,6237	0,7727	0,6042
22	0,6506	0,3881	0,3467	0,8095	0,2752	0,7895	0,6545	0,7826
23	0,5238	0,4706	0,4211	0,6512	0,2667	0,6000	0,7358	0,6306
24	0,6739	0,3684	0,4286	0,8387	0,2857	0,7903	0,7000	0,768
25	0,5854	0,4848	0,4324	0,6747	0,2407	0,6549	0,7706	0,6491
26	0,6571	0,3704	0,3729	0,8286	0,3579	0,7879	0,7021	0,7071
27	0,2857	0,1639	0,1739	0,3333	0,7379	0,3519	0,2885	0,3486
28	0,6269	0,5882	0,5085	0,5143	0,1395	0,4176	0,5287	0,4565
29	0,5556	0,4286	0,4000	0,6757	0,2424	0,6990	0,7879	0,7048
30	0,6429	0,3824	0,4211	0,8235	0,2909	0,8348	0,6486	0,7414
31	0,6517	0,3014	0,3457	0,8222	0,2632	0,7731	0,6261	0,7667
32	0,6575	0,3509	0,3692	0,7838	0,2917	0,7525	0,6186	0,6667
33	0,6190	0,5000	0,4737	0,7209	0,2162	0,6897	0,8036	0,6838
34	0,4857	0,2963	0,3226	0,6389	0,1702	0,5859	0,6316	0,5400
35	0,6747	0,3582	0,3733	0,8333	0,3396	0,7928	0,6168	0,7679
36	0,7089	0,4127	0,4225	0,8750	0,3107	0,8148	0,6346	0,7706
37	0,6744	0,3714	0,3590	0,7586	0,3148	0,7788	0,6972	0,8070
38	0,6420	0,4706	0,4474	0,8444	0,2667	0,7963	0,6852	0,8108
39	0,6526	0,4557	0,4368	0,7708	0,3051	0,7967	0,6723	0,8065
40	0,5909	0,3889	0,4250	0,7416	0,2679	0,7692	0,6195	0,7119
41	0,6316	0,3797	0,4138	0,7500	0,2712	0,7642	0,6387	0,7742
42	0,6889	0,4054	0,4390	0,8132	0,2632	0,8067	0,6609	0,8000

Çizelge 4.16'nın devamı

	1	2	3	4	5	6	7	8
43	0,6154	0,4000	0,3855	0,7609	0,3130	0,8333	0,6034	0,7769
44	0,5870	0,4737	0,4286	0,6452	0,2712	0,6992	0,8235	0,6935
45	0,2353	0,1449	0,1558	0,3023	0,7091	0,3652	0,3243	0,3793
46	0,5652	0,4474	0,4286	0,6667	0,2542	0,6504	0,7731	0,6774
47	0,5934	0,4000	0,4096	0,7174	0,2783	0,7833	0,6207	0,8264
48	0,2469	0,1538	0,1644	0,2683	0,7290	0,3036	0,2407	0,3009
49	0,6591	0,4167	0,4500	0,8090	0,2523	0,7931	0,6071	0,7863
50	0,5349	0,4286	0,4103	0,6437	0,2500	0,6667	0,7257	0,7119
51	0,6824	0,4638	0,4675	0,8372	0,3119	0,7895	0,6727	0,8000
52	0,5882	0,4058	0,3896	0,6897	0,2857	0,6325	0,6903	0,6610
53	0,6067	0,3014	0,3210	0,7416	0,3243	0,7241	0,5714	0,7179
54	0,3951	0,2462	0,3014	0,5679	0,3269	0,5138	0,5333	0,4727
55	0,6047	0,3143	0,3846	0,7356	0,3333	0,7434	0,6055	0,6842
56	0,5135	0,3448	0,3492	0,6667	0,3434	0,6408	0,6735	0,6602
57	0,4952	0,2472	0,3299	0,5794	0,3636	0,5839	0,6165	0,6232
58	0,4878	0,2121	0,2973	0,6585	0,3000	0,5143	0,4752	0,5283

Çizelge 4.16'nın devamı

	9	10	11	12	13	14	15	16
9	1,000							
10	0,2316	1,000						
11	0,5618	0,3208	1,000					
12	0,7843	0,3361	0,6609	1,000				
13	0,6742	0,2830	0,6667	0,6609	1,000			
14	0,6517	0,1778	0,6429	0,6186	0,8333	1,000		
15	0,7816	0,2913	0,5714	0,8182	0,6869	0,6173	1,000	
16	0,6250	0,3009	0,7706	0,7377	0,7523	0,7692	0,6990	1,000
17	0,8211	0,3119	0,5524	0,8305	0,6476	0,6444	0,8317	0,6607
18	0,8132	0,2549	0,4490	0,7207	0,5510	0,6512	0,7742	0,5905
19	0,8444	0,2913	0,5051	0,7500	0,6061	0,6353	0,8125	0,6226
20	0,6804	0,2982	0,6909	0,6829	0,8545	0,7826	0,7048	0,8205

Çizelge 4.16'nın devamı

	9	10	11	12	13	14	15	16
21	0,6292	0,2667	0,6667	0,6392	0,7619	0,7857	0,6420	0,7692
22	0,7527	0,3091	0,5660	0,7899	0,6038	0,5682	0,7843	0,6549
23	0,5957	0,2830	0,6667	0,6609	0,6275	0,6966	0,6392	0,7523
24	0,8235	0,3167	0,6207	0,7907	0,6897	0,6598	0,7857	0,6829
25	0,6522	0,2569	0,7429	0,6610	0,8190	0,8506	0,6800	0,8393
26	0,7179	0,3505	0,5870	0,7885	0,6593	0,6400	0,7907	0,7010
27	0,2299	0,7692	0,2800	0,3363	0,3600	0,2439	0,3093	0,2991
28	0,4675	0,1609	0,6747	0,4375	0,4819	0,6389	0,4810	0,5556
29	0,6341	0,2800	0,6737	0,7103	0,7292	0,7105	0,7158	0,7800
30	0,7660	0,3604	0,5794	0,8167	0,6729	0,6517	0,7647	0,6316
31	0,7475	0,3304	0,5946	0,8226	0,6126	0,5957	0,7850	0,6610
32	0,7229	0,3093	0,5161	0,7358	0,6452	0,6667	0,7727	0,6600
33	0,6596	0,2321	0,7593	0,7273	0,7778	0,7640	0,6990	0,8522
34	0,5250	0,1895	0,5055	0,5962	0,5934	0,5600	0,6047	0,6122
35	0,7312	0,3551	0,5825	0,7414	0,6602	0,6136	0,7800	0,6364
36	0,8090	0,3269	0,5600	0,7611	0,6400	0,6190	0,8333	0,6355
37	0,7500	0,3486	0,6286	0,7458	0,6667	0,6593	0,7843	0,7143
38	0,8261	0,2857	0,6139	0,8070	0,6796	0,6591	0,8041	0,6667
39	0,7619	0,3025	0,6261	0,7969	0,6783	0,6800	0,8000	0,6885
40	0,7551	0,3186	0,5688	0,8033	0,6239	0,6022	0,7500	0,6379
41	0,7429	0,3025	0,5913	0,7969	0,6435	0,6800	0,8036	0,6393
42	0,7600	0,2783	0,6306	0,8226	0,6667	0,6316	0,8148	0,6780
43	0,7723	0,3448	0,5357	0,7840	0,6250	0,5833	0,8257	0,6218
44	0,6275	0,2689	0,7478	0,6875	0,7478	0,7423	0,6364	0,8525
45	0,2316	0,7928	0,3551	0,3667	0,3364	0,2667	0,2885	0,3684
46	0,6863	0,2521	0,7478	0,7188	0,7652	0,7629	0,6364	0,7869
47	0,7525	0,3103	0,5536	0,7680	0,6429	0,6042	0,7778	0,6555
48	0,1978	0,7593	0,2885	0,3077	0,2692	0,2093	0,2772	0,3063
49	0,7959	0,2857	0,5741	0,8099	0,6481	0,6237	0,7885	0,6261
50	0,6458	0,2655	0,6606	0,6885	0,7523	0,7253	0,6604	0,6897

Çizelge 4.16'nın devamı

	9	10	11	12	13	14	15	16
51	0,8211	0,3091	0,6038	0,7563	0,6981	0,6889	0,8155	0,6372
52	0,6526	0,3186	0,6239	0,6557	0,6606	0,6667	0,6286	0,6897
53	0,7071	0,3571	0,5370	0,6942	0,5741	0,5532	0,7238	0,5913
54	0,4615	0,3048	0,4752	0,5263	0,5149	0,4884	0,5510	0,5556
55	0,7083	0,3486	0,5143	0,7119	0,6095	0,5934	0,7475	0,6250
56	0,6341	0,3960	0,5833	0,6667	0,6316	0,6835	0,6517	0,7129
57	0,5565	0,3759	0,5581	0,6479	0,6047	0,5818	0,5484	0,6765
58	0,5435	0,2772	0,3093	0,4727	0,4536	0,4368	0,5263	0,4231

Çizelge 4.16'nın devamı

	17	18	19	20	21	22	23	24
17	1,000							
18	0,8317	1,000						
19	0,8627	0,8632	1,000					
20	0,6372	0,6038	0,6168	1,000				
21	0,6667	0,6512	0,6353	0,7391	1,000			
22	0,8073	0,8235	0,7961	0,6316	0,6364	1,000		
23	0,5905	0,6122	0,5657	0,7091	0,8090	0,6226	1,000	
24	0,8067	0,7857	0,7965	0,7097	0,6804	0,8333	0,6034	1,000
25	0,6481	0,6139	0,6275	0,8142	0,8276	0,6422	0,7238	0,6891
26	0,7872	0,7126	0,7727	0,6531	0,7222	0,7917	0,6742	0,7692
27	0,3107	0,2917	0,2887	0,3519	0,2927	0,3269	0,2600	0,3333
28	0,5116	0,5316	0,4500	0,4835	0,6389	0,4368	0,6265	0,4536
29	0,6327	0,5778	0,6022	0,7647	0,7105	0,6869	0,7234	0,6606
30	0,7818	0,7573	0,7692	0,6783	0,6742	0,8108	0,6168	0,8264
31	0,7895	0,7850	0,7963	0,6218	0,6383	0,8174	0,6486	0,8320
32	0,7500	0,7640	0,8222	0,6535	0,6923	0,7216	0,6237	0,7290
33	0,6306	0,5962	0,6095	0,8103	0,8090	0,6786	0,7593	0,7049
34	0,5957	0,5287	0,5682	0,5657	0,6667	0,6526	0,5934	0,5714
35	0,7925	0,7273	0,8000	0,5946	0,6591	0,7290	0,6019	0,7179
36	0,8544	0,8333	0,8660	0,6296	0,7143	0,8654	0,6200	0,8246

Çizelge 4.16'nın devamı

	17	18	19	20	21	22	23	24
37	0,7593	0,7129	0,7843	0,7080	0,5934	0,7339	0,6667	0,7731
38	0,8269	0,7551	0,8081	0,6727	0,6437	0,7810	0,6078	0,8000
39	0,7627	0,7387	0,7679	0,7317	0,6600	0,7563	0,6609	0,7752
40	0,7500	0,7238	0,7358	0,6496	0,6022	0,7434	0,6239	0,7967
41	0,8136	0,7387	0,7857	0,6667	0,6200	0,7395	0,6261	0,7907
42	0,7895	0,7664	0,7963	0,6723	0,6316	0,8000	0,6667	0,8160
43	0,8000	0,7222	0,7706	0,6167	0,5833	0,7586	0,5714	0,7778
44	0,6102	0,5225	0,5714	0,8130	0,7010	0,6555	0,7304	0,6822
45	0,2909	0,2524	0,2500	0,3304	0,2889	0,3243	0,2804	0,3471
46	0,6271	0,5405	0,5714	0,7805	0,7835	0,6387	0,6957	0,7132
47	0,7826	0,7222	0,7339	0,6500	0,5625	0,7759	0,5714	0,7619
48	0,2991	0,2800	0,2772	0,2857	0,2558	0,3333	0,2500	0,3051
49	0,8829	0,7500	0,7619	0,6552	0,6452	0,7500	0,5926	0,7705
50	0,6071	0,5333	0,5472	0,7350	0,6813	0,6195	0,6422	0,6504
51	0,7890	0,7451	0,7767	0,6842	0,7111	0,7636	0,6038	0,8000
52	0,6429	0,5905	0,5849	0,6838	0,7111	0,6549	0,6239	0,6667
53	0,7748	0,7115	0,7429	0,5517	0,5957	0,7143	0,5556	0,7213
54	0,5000	0,4330	0,4898	0,5138	0,6047	0,4952	0,5347	0,4522
55	0,6852	0,6733	0,7059	0,6372	0,6593	0,6606	0,6095	0,7059
56	0,6122	0,5714	0,5435	0,6667	0,7368	0,6400	0,6667	0,6111
57	0,5303	0,5120	0,5238	0,6277	0,5636	0,5414	0,5891	0,5874
58	0,5600	0,5591	0,5319	0,4190	0,5517	0,5347	0,4742	0,5225

Çizelge 4.16'nın devamı

	25	26	27	28	29	30	31	32
25	1,000							
26	0,6596	1,000						
27	0,2913	0,3333	1,000					
28	0,5814	0,4167	0,1728	1,000				
29	0,7216	0,7059	0,2979	0,5000	1,000			
30	0,6727	0,7917	0,4000	0,4318	0,6869	1,000		

Çizelge 4.16'nın devamı

	25	26	27	28	29	30	31	32
31	0,6667	0,7800	0,3303	0,4565	0,6538	0,8276	1,000	
32	0,6875	0,800	0,3297	0,4324	0,6588	0,7551	0,7843	1,000
33	0,8288	0,7010	0,2642	0,5169	0,8000	0,6549	0,6838	0,6667
34	0,5957	0,6500	0,2472	0,4167	0,7229	0,6042	0,5800	0,5854
35	0,6604	0,7692	0,3564	0,4286	0,6392	0,7593	0,7679	0,7872
36	0,6796	0,8182	0,3265	0,4938	0,6667	0,8381	0,8257	0,7912
37	0,6481	0,7629	0,3107	0,4419	0,6869	0,7273	0,7719	0,7708
38	0,6538	0,7191	0,3232	0,4524	0,6105	0,7358	0,7636	0,6739
39	0,6949	0,7500	0,3363	0,4375	0,6355	0,7500	0,7742	0,7547
40	0,6607	0,7010	0,3178	0,4000	0,6535	0,7719	0,7797	0,7000
41	0,6610	0,7059	0,3363	0,4583	0,6606	0,7333	0,7742	0,6981
42	0,7193	0,7879	0,3303	0,4783	0,6857	0,7759	0,8333	0,7451
43	0,6261	0,7600	0,3273	0,4086	0,6415	0,7863	0,7603	0,6990
44	0,7966	0,6602	0,2655	0,5000	0,7664	0,6333	0,6129	0,6038
45	0,2909	0,3232	0,7429	0,1818	0,3366	0,3571	0,3448	0,2653
46	0,8475	0,6346	0,2655	0,5208	0,7103	0,6500	0,6452	0,5849
47	0,6261	0,6800	0,3455	0,4301	0,6857	0,7179	0,7107	0,6408
48	0,2617	0,3043	0,7843	0,1882	0,3265	0,3303	0,3009	0,2526
49	0,6486	0,7292	0,3019	0,4719	0,6337	0,7788	0,7521	0,7273
50	0,7500	0,6465	0,3178	0,4667	0,8350	0,6667	0,6271	0,6200
51	0,6972	0,7234	0,3846	0,4598	0,6800	0,7928	0,7478	0,7423
52	0,6607	0,5859	0,3738	0,5111	0,7647	0,6491	0,6102	0,5800
53	0,5946	0,6598	0,3396	0,4045	0,5686	0,6903	0,7009	0,6667
54	0,5192	0,5000	0,3838	0,4390	0,5474	0,4906	0,5091	0,4565
55	0,6111	0,7216	0,3301	0,3721	0,6458	0,7455	0,7018	0,7708
56	0,6327	0,5957	0,3830	0,4737	0,8182	0,6600	0,5962	0,6067
57	0,5909	0,5500	0,3465	0,3818	0,6281	0,5672	0,5797	0,5167
58	0,4400	0,5057	0,3158	0,3333	0,4783	0,4902	0,5094	0,5000

Çizelge 4.16'nın devamı

	33	34	35	36	37	38	39	40
33	1,000							
34	0,6186	1,000						
35	0,6422	0,5870	1,000					
36	0,6604	0,6517	0,8317	1,000				
37	0,6847	0,4894	0,7547	0,7379	1,000			
38	0,6852	0,5714	0,7451	0,8081	0,8077	1,000		
39	0,7603	0,5192	0,7586	0,7788	0,8475	0,8772	1,000	
40	0,6783	0,5102	0,6727	0,7477	0,7321	0,7593	0,7705	1,000
41	0,6612	0,5577	0,7414	0,7965	0,7458	0,8246	0,8125	0,8033
42	0,7350	0,5800	0,8214	0,8257	0,8070	0,8000	0,8226	0,7797
43	0,6441	0,5545	0,7611	0,8000	0,7652	0,7748	0,8160	0,7563
44	0,8099	0,5962	0,6207	0,6195	0,7119	0,6667	0,7188	0,6393
45	0,3363	0,2083	0,3148	0,3048	0,3455	0,3019	0,3500	0,2807
46	0,8099	0,5577	0,6034	0,6549	0,6271	0,6667	0,6875	0,6557
47	0,6610	0,5545	0,6903	0,7636	0,7478	0,8288	0,8320	0,7395
48	0,2545	0,2366	0,2667	0,3333	0,2804	0,2913	0,2735	0,2523
49	0,6316	0,5361	0,7706	0,7925	0,7387	0,8037	0,7769	0,7304
50	0,7304	0,6531	0,6182	0,6168	0,6429	0,6296	0,6557	0,6724
51	0,6964	0,5684	0,8224	0,8269	0,7339	0,8000	0,7899	0,7257
52	0,6957	0,6531	0,6000	0,6729	0,5893	0,6422	0,6230	0,5862
53	0,5789	0,5361	0,7706	0,7736	0,7027	0,7358	0,6777	0,6957
54	0,5421	0,6000	0,5490	0,5253	0,4615	0,5455	0,4912	0,4630
55	0,6306	0,5319	0,7170	0,7379	0,7593	0,6731	0,7458	0,6786
56	0,6733	0,5952	0,5684	0,6087	0,6337	0,5745	0,5926	0,6139
57	0,6370	0,5085	0,5385	0,5039	0,6364	0,5426	0,6197	0,5882
58	0,4466	0,4186	0,5714	0,5684	0,4800	0,4842	0,4727	0,4615

Çizelge 4.16'nın devamı

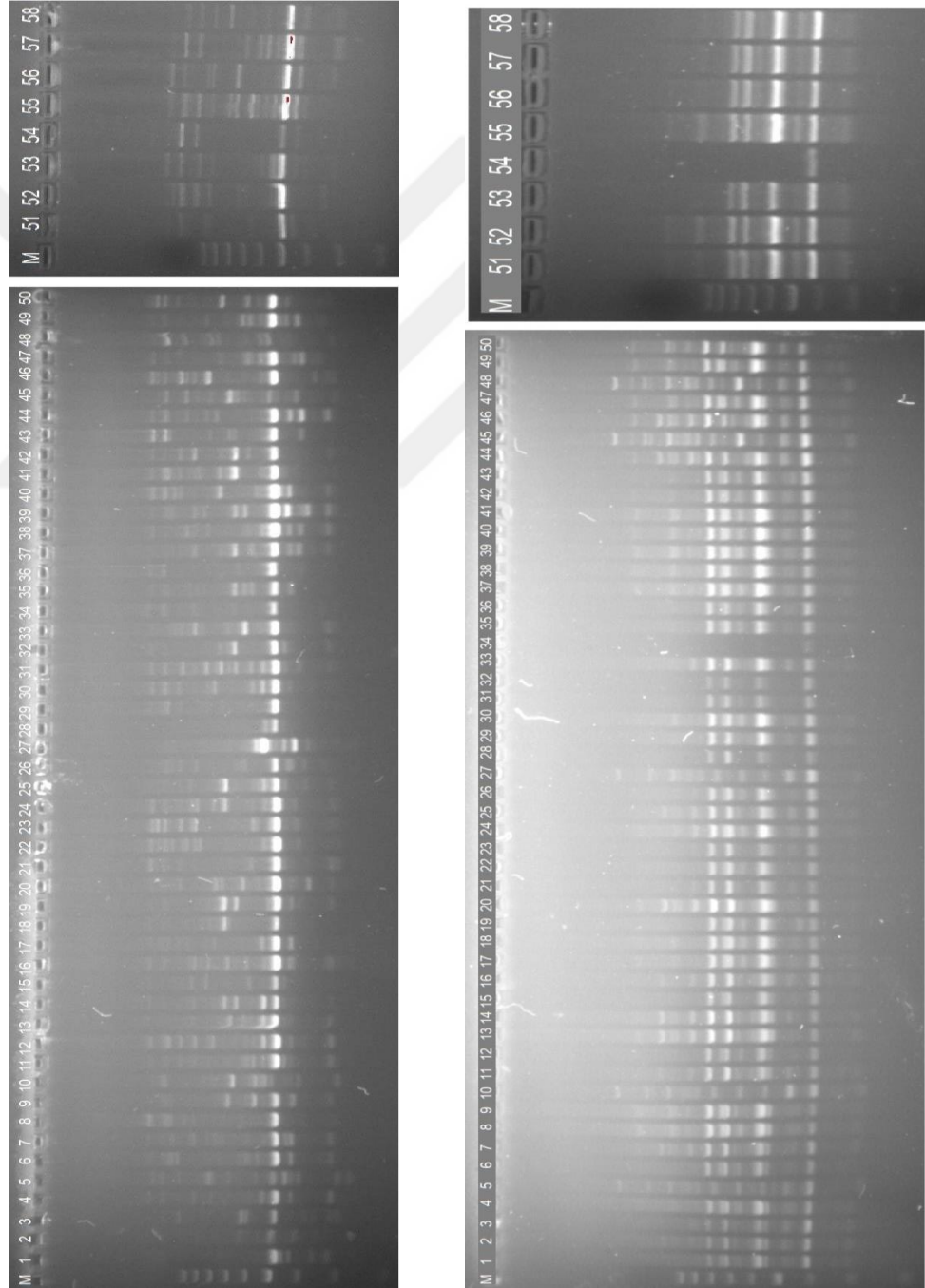
	41	42	43	44	45	46	47	48
41	1,000							
42	0,8065	1,000						
43	0,7840	0,8099	1,000					
44	0,6719	0,6613	0,6400	1,000				
45	0,3333	0,3103	0,3419	0,3167	1,000			
46	0,7188	0,6935	0,6240	0,8125	0,3333	1,000		
47	0,8160	0,7438	0,7869	0,7040	0,3419	0,7040	1,000	
48	0,3248	0,2832	0,2807	0,2735	0,8440	0,2564	0,3333	1,000
49	0,7769	0,7692	0,7797	0,5950	0,2478	0,6777	0,7966	0,2727
50	0,7049	0,6441	0,6387	0,7377	0,3158	0,7705	0,7059	0,2883
51	0,7899	0,8348	0,7759	0,6555	0,3423	0,7059	0,7414	0,2963
52	0,6557	0,6102	0,6050	0,6885	0,4035	0,7049	0,6723	0,4144
53	0,7438	0,7179	0,7288	0,5785	0,3363	0,6116	0,7119	0,3273
54	0,5263	0,4909	0,5225	0,5439	0,3585	0,5263	0,4685	0,3495
55	0,6949	0,6842	0,7130	0,6102	0,3455	0,6271	0,6783	0,2804
56	0,6038	0,5825	0,6154	0,6542	0,4466	0,6667	0,6731	0,3958
57	0,5634	0,5942	0,5324	0,6197	0,4179	0,6479	0,6043	0,3359
58	0,5273	0,5283	0,5234	0,4364	0,3137	0,4727	0,5047	0,3030

Çizelge 4.16'nın devamı

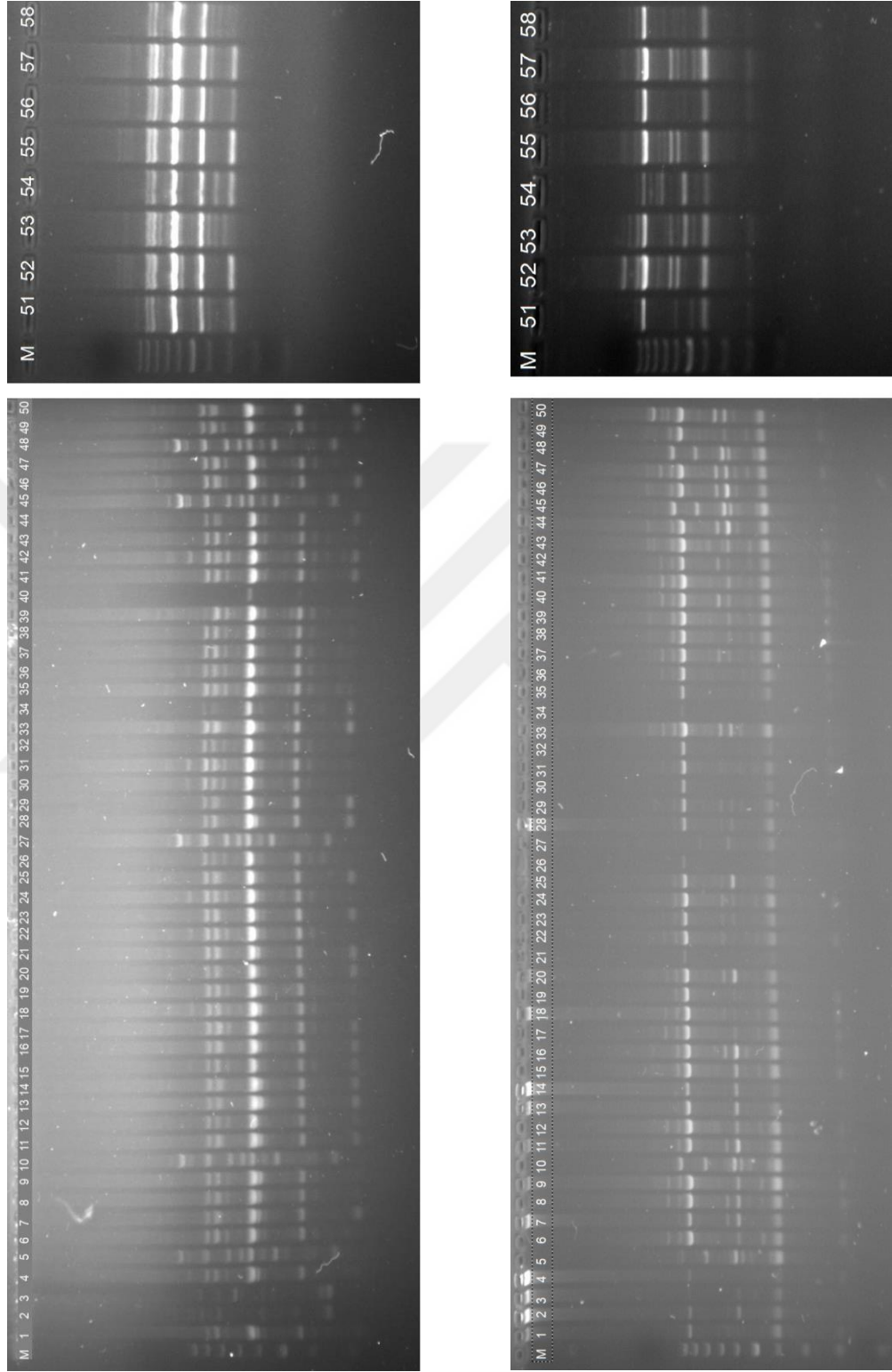
	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58
49	1,000									
50	0,6609	1,000								
51	0,8036	0,6726	1,000							
52	0,6261	0,7759	0,6549	1,000						
53	0,7193	0,6087	0,7143	0,5913	1,000					
54	0,4486	0,5185	0,5524	0,5000	0,5234	1,000				
55	0,6667	0,6607	0,6972	0,5714	0,7027	0,4808	1,000			
56	0,6400	0,7379	0,5918	0,7961	0,5743	0,5000	0,6535	1,000		
57	0,5630	0,6765	0,4962	0,7500	0,5481	0,3906	0,5758	0,7097	1,000	
58	0,5049	0,4231	0,5545	0,4615	0,5825	0,5417	0,5000	0,4835	0,3871	1,000

4.4. IPBS Jel Görüntüleri

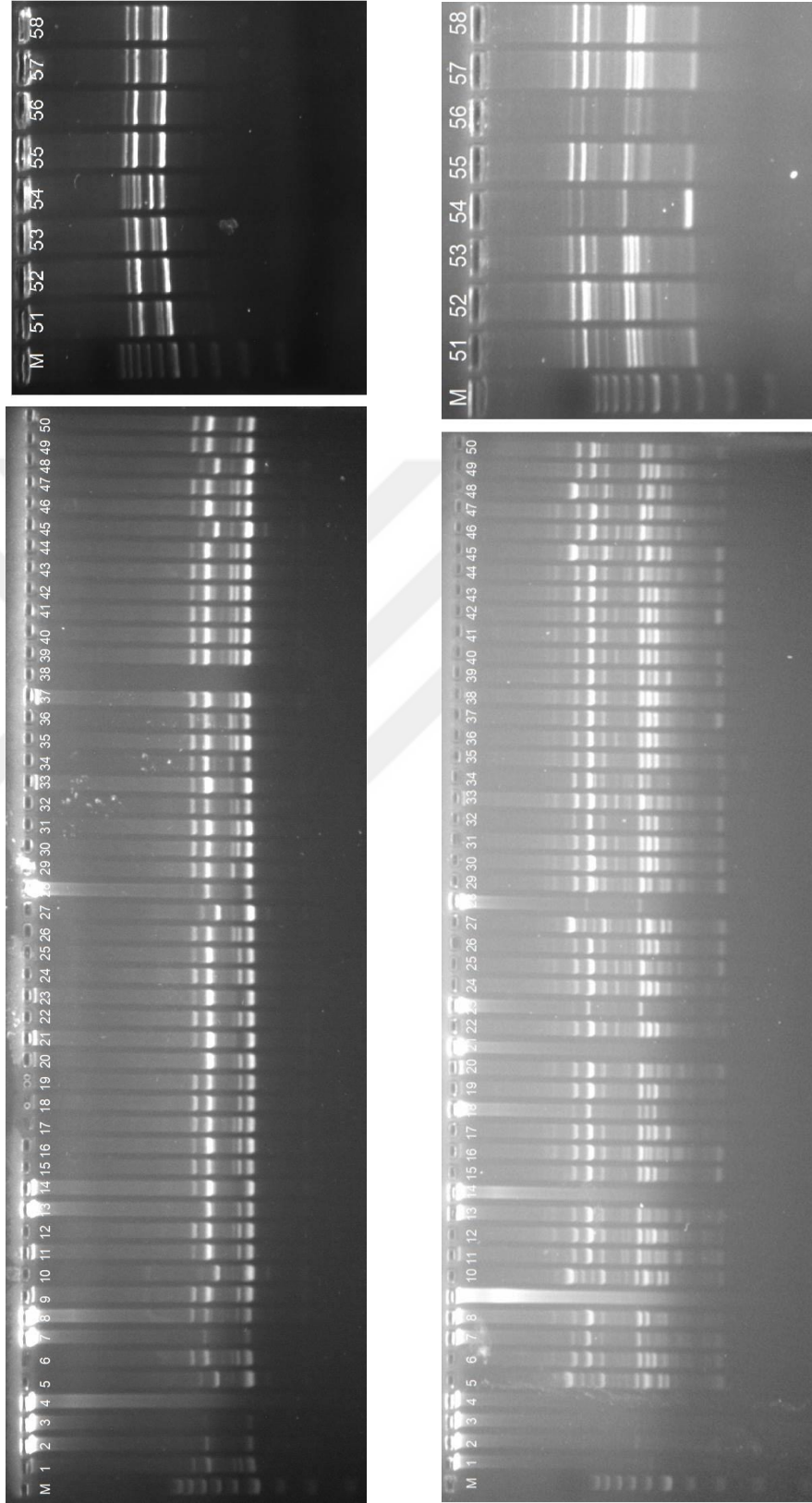
Çalışmada kullanılan IPBS -2219, IPBS -2270, IPBS -2271, IPBS -2278, IPBS -2375, IPBS -2377, IPBS -2378, IPBS -2383, IPBS -2386 ve IPBS -2390 isimli on adet markör elektroforez jel sisteminde bant büyüklüklerine göre ayrılmıştır. Görüntüler fotoğraflanmış ve Şekil 4.12, Şekil 4.13, Şekil 4.14, Şekil 4.15 ve Şekil 4.16'da verilmiştir.



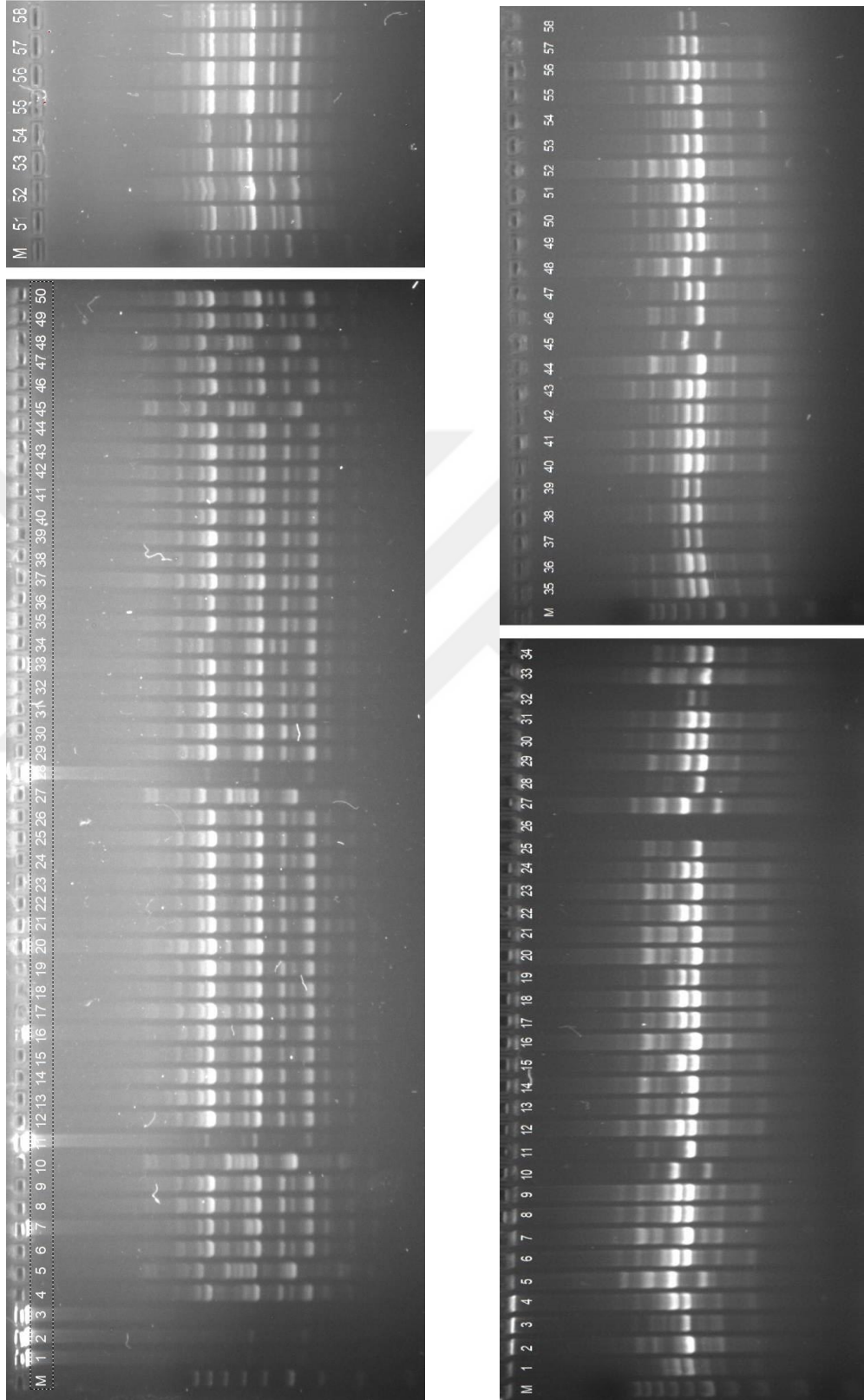
Şekil 4.12. IPBS-2219 (solda) ve IPBS-2270 (sağda) markörlerine ait jel görüntüleri



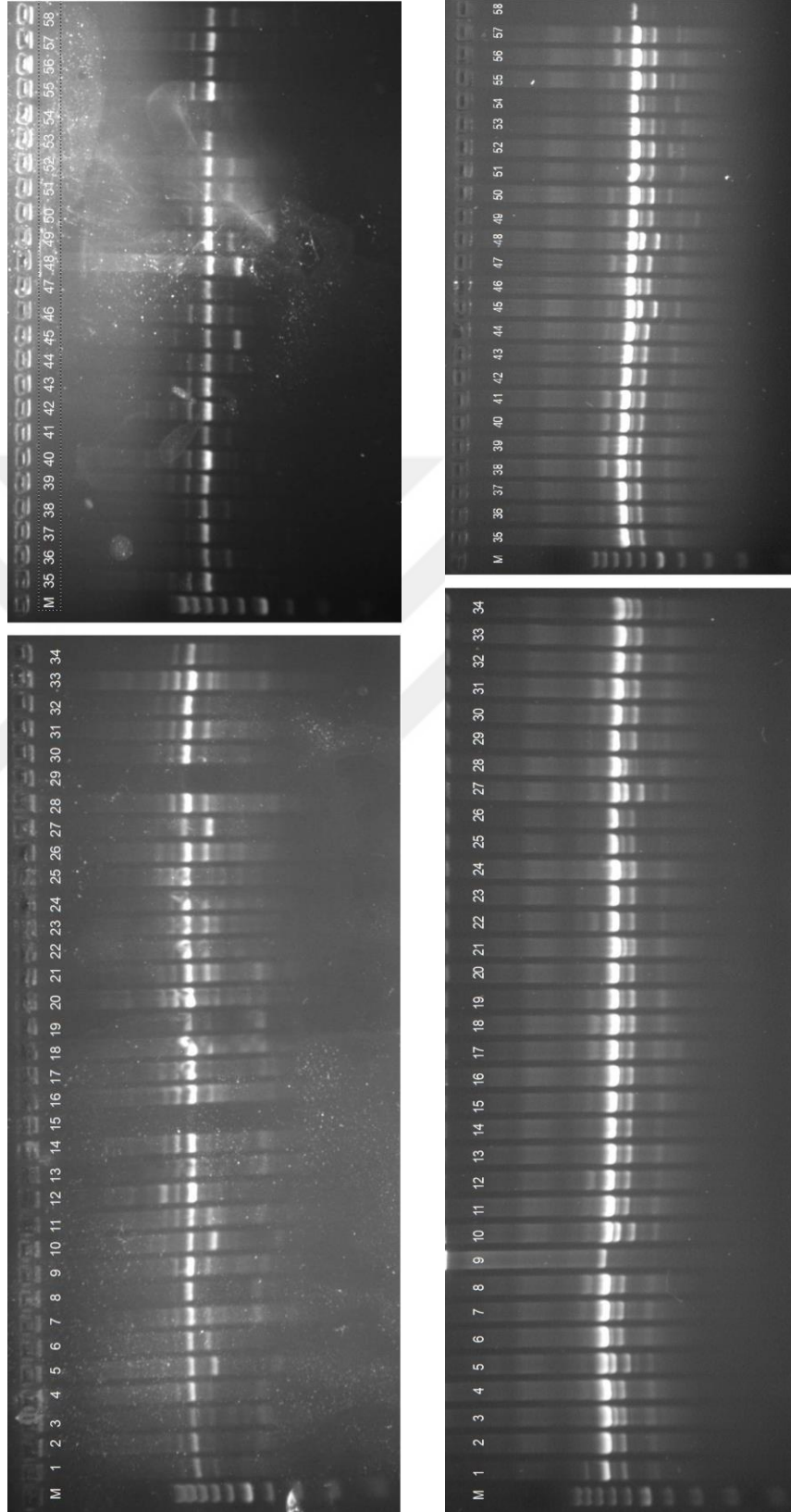
Şekil 4.13. IPBS-2271 (solda) ve IPBS-2278 (sağda) markörlerine ait jel görüntüleri



Şekil 4.14. IPBS-2375 (solda) ve IPBS-2377 (sağda) markörlerine ait jel görüntüleri



Şekil 4.15. IPBS-2378 (solda) ve IPBS-2383 (sağda) markörlerine ait jel görüntüleri



Şekil 4.16. IPBS-2386 (solda) ve IPBS-2390 (sağda) markörlerine ait jel görüntüleri

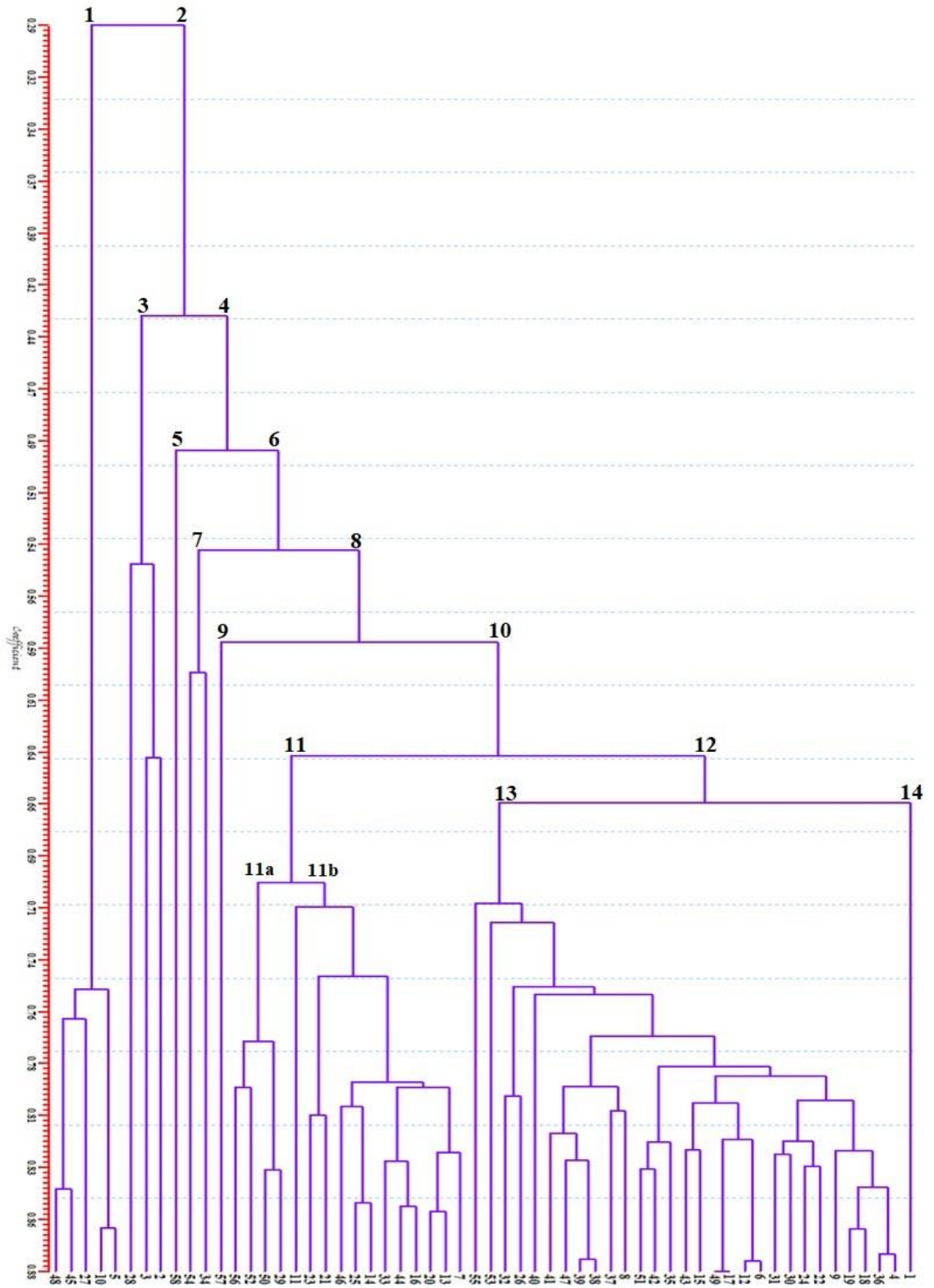
4.5. IPBS Verileri İle Elde Edilen UPGMA Dendogramı

DICE benzerlik indeksinden yararlanarak 58 buğday genotiplerinin UPGMA metodu ile kümeleme analizi yapılmıştır. Analiz sonucunda elde edilen dendogramdan ultrametrik benzerlik matrisi oluşturulmuştur. Bu matris DICE benzerlik matrisi ile Mantel testi analizi yapılmıştır (Mantel, 1967). Analiz sonucunda 58 buğday genotipine ait bu korelasyon katsayı değeri $r=0,96011$ olarak belirlenmiştir. Korelasyon değerinin 0,9 veya 0,9'dan büyük olması dendrogram ile benzerlik indeksleri arasında yüksek bir korelasyonun olduğunu ve dendrogramın benzerlik indeksini çok iyi temsil ettiğini göstermektedir (Mohammadi and Prasanna, 2003). Nasri *et al.* (2013), ekmeçlik buğday genotiplerinde retrotranspozon dayalı markör sistemlerini kullanarak genetik çeşitliliği araştırdıkları çalışmalarında benzerlik matrisler ve dendogram türevli matrisler arasındaki uyumu doğrulamak adına mantel testi ile kophenetik korelasyon katsayısı hesaplamışlardır. IRAP ve REMAP markörlerinden elde edilen kophenetik matrisler arasındaki korelasyonun ($r=0,13$) oldukça düşük olduğu belirlenmiştir. Saeidi *et al.* (2008), İran'a ait *Aegilops tauschii* genotipleri arasında retroelement insersiyonel polimorfizmini ve genetik çeşitliliği araştırmışlardır. Çalışmalarında matrisleri karşılaştırmak adına matris korelasyon katsayısını hesaplamışlar ve $r=0,9297$ olarak bulunmuştur. Beharav *et al.* (2010), 110 adet *Triticum dicoccoides* Koern genotipinde RAPD markör sisteminden elde edilen veriler ile 3 farklı genetik matrisini (S_{SM} =Simple matching similarity, S_D =Dice similarity, and S_J =Jaccard similarity) mantel testi ile karşılaştırmışlardır. Simple matching için mantel korelasyon katsayısı (r) 0,92 iken, Dice ve Jaccard için sırasıyla 0,998 ve 0,593 olarak tespit edilmiştir. Mevcut çalışmada da mantel korelasyon katsayısının yüksek olduğu anlaşılmaktadır. Bu da bize benzerlik matrisimizin yüksek güvenilirliğe sahip olduğunu göstermektedir.

Elde edilen dendogramda benzerlik düzeyleri 0,29-0,88 arasında değiştiği görülmektedir. Dendogram, genotipleri ilk başta iki ana gruba ayırmıştır (1 ve 2). Daha sonra 2 numaralı ana grup altında alt gruplar oluşmuştur. 2 numaralı ana grubun altında 3 ve 4 numaralı alt gruplar oluşmuştur. 4 numaralı alt grubun altında 5 ve 6 numaralı gruplar, 6 numaralı alt grubun altında 7 ve 8 numaralı alt gruplar, 8 numaralı alt grubun altında 9 ve 10 numaralı alt gruplar ve 10 numaralı alt grubun altında da 11 ve 12 numaralı alt gruplar oluşmuştur. Son olarak 11 numaralı alt grubun altında 11a ve 11b

numaralı guruplar oluşurken, 12 numaralı alt grubun altında da 13 ve 14 numaralı guruplar meydana gelmiştir. Dendogramın oluşturduğu 1, 2, 3, 4, 6, 7, 8, 10, 11, 11a, 11b, 12 ve 13 numaralı ana grup ve alt gurupların ayrılma dereceleri sırasıyla; yaklaşık 0.750, 0.430, 0.548, 0.495, 0.541, 0.600, 0.582, 0.640, 0.700, 0.773, 0.710, 0.660, 0.710 olduğu belirlenmiştir. 5, 9 ve 14 numaralı alt guruplarda da farklı tek genotipin kümeleşmesinden dolayı ayrılma derecesi bulunmamaktadır.

Ana guruplar ve alt guruplar incelendiğinde; 1 numaralı ana grupta *T. monococcum*'lar dan 5, 10, 27 ve 48 numaralı genotipler ile *T. aestivum*'lar dan 45 numaralı genotipin küme oluşturduğu belirlenmiştir. 3 numaralı alt grupta sadece *T. dicoccum*'lar dan 2, 3 ve 28 numaralı genotiplerin küme oluşturduğu saptanmıştır. 5 numaralı alt grupta 58 numaralı genotipin (*T. aestivum*) tek başına küme oluşturduğu gözlemlenmiştir. 7 numaralı alt grupta 34 numaralı genotip (*T. monococcum*) ile 54 numaralı genotipin (*T. dicoccum*) birlikte küme oluşturduğu belirlenmiştir. 9 numaralı alt grupta da 57 numaralı genotipin (*T. durum*) tek başına küme oluşturduğu gözlemlenmiştir. 11b numaralı alt grupta sadece *T. dicoccum*'ların kümeleştiği ve bunların da 7, 11, 13, 14, 16, 20, 21, 23, 25, 33, 44 ve 46 numaralı genotipler olduğu saptanmıştır. 11a numaralı alt grupta ise sadece *T. durum*'ların kümeleştiği ve bunların da 29, 50, 52 ve 56 numaralı genotipler olduğu belirlenmiştir. 13 numaralı alt grupta da *T. aestivum*'lar dan 4, 6, 8, 9, 12, 18, 19, 22, 24, 30, 31, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 51 ve 55 numaralı genotipler ile *T. durum*'lar dan 15, 17, 26, 32, 35, 43, 47, 49 ve 53 numaralı genotiplerin kümeleştiği gözlemlenmiştir. 14 numaralı alt grupta ise sadece 1 numaralı genotipin (*T. durum*) küme oluşturduğu belirlenmiştir.



Şekil 4.17. 58 buğday genotipi için DICE benzerlik indeksinden yararlanılarak oluşturulan UPGMA dendrogramı

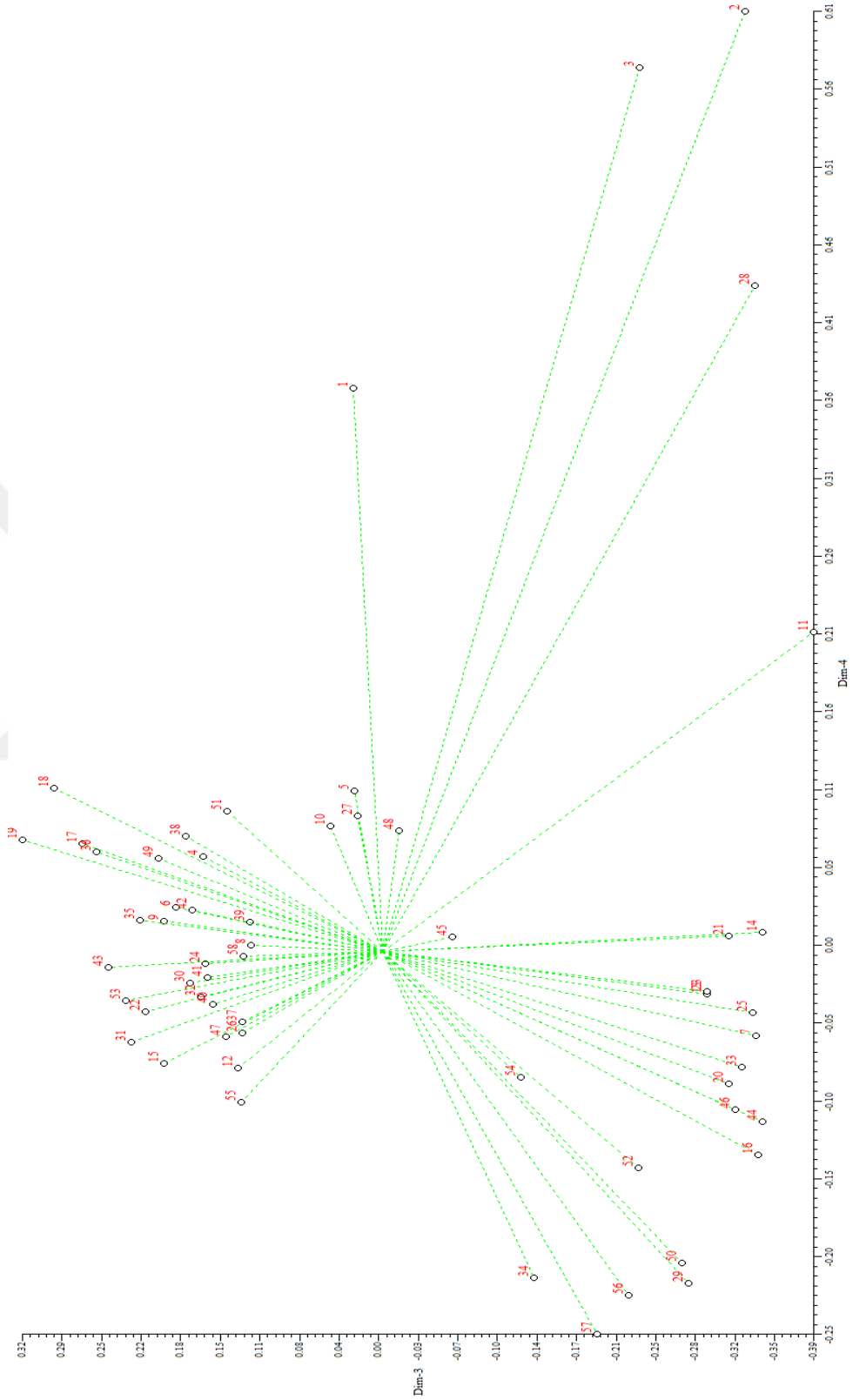
4.6. Moleküler Verilere Dayalı Temel Bileşenler Analizi

58 buğday genotipleri arasındaki genetik farklılığı göstermek için temel bileşenler analizi yapılmıştır. Temel bileşenler analizini yaparken NTSYS programı kullanılmış ve kümeleme analizlerinde kullanılan benzerlik matrisinden yararlanılmıştır. PCA sonucu iki boyutlu ve üç boyutlu grafikler oluşturulmuştur. Temel bileşen analizi, popülasyonların birbirlerine göre genetik mesafelerini iki boyutlu veya üç boyutlu mekanlarda gösterimini sağlamak için kullanılmaktadır (Klaedtke *et al.*, 2017).

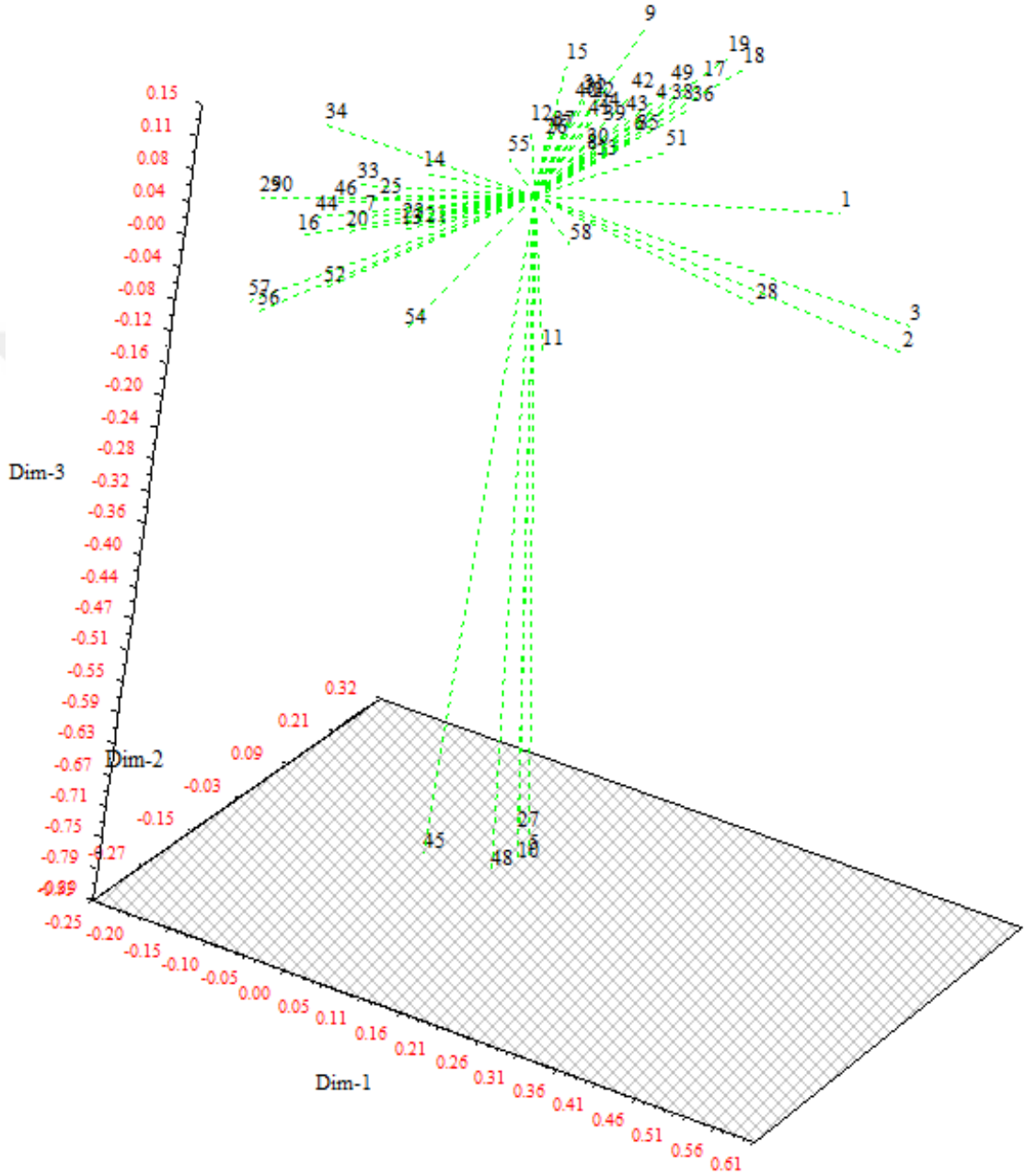
Dendogramda belirlenen 1 numaralı ana grubun, 2 numaralı ana gruptan 0.29 ayrılma derecesiyle ayrıldığı ve benzerlik oranının az olduğu gözlenirken aynı zamanda üç boyutlu grafikte de çok uzak noktalara benzer özelliklerle konumlandığı belirlenmiştir.

Dendogramda belirlenen 3 numaralı alt grup, 4 ve 4'ün altında oluşan alt gruplardan 0.43'lük ayrılma derecesiyle ayrılırken iki boyutlu grafikte de diğer kümelenen gruplardan farklı olarak uzak noktada konumlandığı saptanmıştır.

PCA ile elde edilen grafikler ve dendogram genel olarak incelendiğinde birbirine tutarlı sonuçlar elde edilmiştir, en uzak ve en yakın genotiplerin benzer şekilde konumlandığı görülmektedir.



Şekil 4.18. IPBS verileriyle yapılan temel bileşenler analizi sonucu elde edilen iki boyutlu grafik



Şekil 4.19. IPBS verileriyle yapılan temel bileşenler analizi sonucu elde edilen üç boyutlu grafik

Benzerlik matrisi kullanılarak elde edilen PCA sonucu iki boyutlu ve üç boyutlu grafikler için kümülatif olarak ilk üç ana bileşenin eigen değerleri toplamı %73,39 olduğu belirlenmiştir. Eigen değerleri NTSYS programı ile elde edilmiştir.

Buna göre ilk üç eigen değerleri toplamı, toplam varyasyonun %73,39'unu açıklamaktadır (Çizelge 4.16).

Çizelge 4.17. İlk üç anabileşenin eigen değerleri

Anabileşenler	Eigen Değeri	Yüzdeleri	Ekllemeli Toplamları
1.	36,01	62,09	62,09
2.	3,54	6,11	68,21
3.	3,00	5,17	73,39

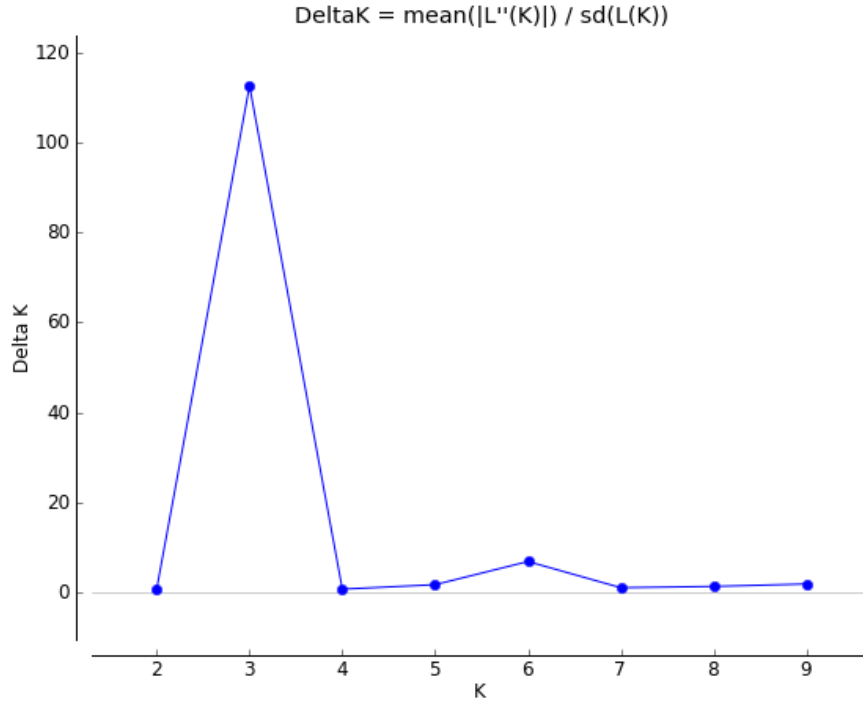
4.7. Genotiplerin Polülasyon Yapısı

58 buğday genotiplerinin popülasyon yapısı STRUCTURE programıyla incelenmiştir (Evanno *et al.*, 2005). Delta K değerlerini belirlemek için STRUCTURE HARVESTER web uygulaması kullanılmıştır.

En yüksek Delta K değeri 112,629 olarak hesaplanmıştır. Delta K'ya göre 58 buğday genotipinin üç farklı popülasyondan oluştuğu belirlenmiştir (Çizelge 4.17).

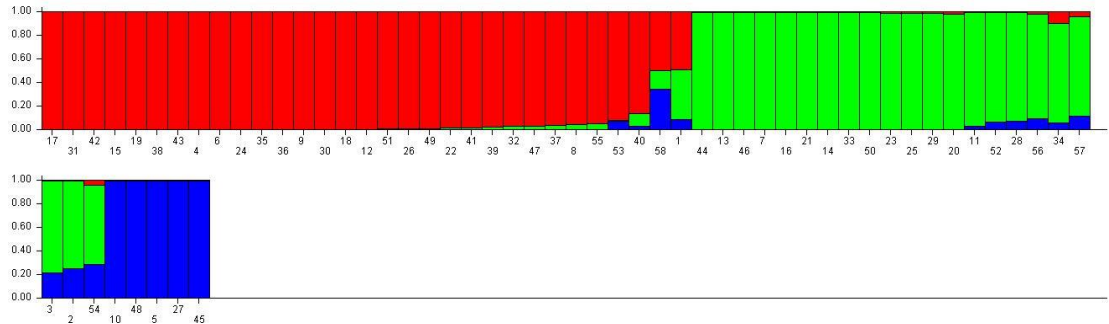
Çizelge 4.18. Structure analizinde hesaplanan Delta K değerleri

K	Tekrar	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	Ln'(K)	Ln''(K)	Delta K
1	6	-7741,6	2,37206	—	—	—
2	6	-6452,4	330,494	1289,23	234,517	0,7096
3	6	-5397,7	8,39367	1054,72	945,367	112,629
4	6	-5288,3	558,375	109,35	351,333	0,62921
5	6	-4827,7	192,881	460,683	313,967	1,62778
6	6	-4680,9	148,003	146,717	1004,27	6,78545
7	6	-5538,5	2460,43	-857,55	2349,82	0,95504
8	6	-8745,9	4907,76	-3207,4	6064,9	1,23578
9	6	-5888,3	2059,83	2857,53	3668,9	1,78117
10	6	-6699,7	2242,64	-811,37	—	—



Şekil 4.20. Genotiplerin popülasyon yapısını gösteren tahmini K değeri

Popülasyon yapısı analizi sonucunda 3 alt gruba (Q1, Q2 ve Q3) ayrılan buğday genotiplerinin 0,80 ve üzeri üyelik katsayısına sahip 53 genotipin saflık oranının yüksek olduğu, 5 genotipin ise hibrit olduğu belirlenmiştir. Allellerin korelasyonunu hesaplayarak popülasyon farkının (F_{ST} : Fixation index) ölçülmesi ile her bir alt grubun ortalama F_{ST} değerleri; Q1 (kırmızı) için 0,5353, Q2 (yeşil) için 0,4416 ve Q3 (mavi) için 0,6934 olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.19).



Şekil 4.21. 58 buğday genotipinin genetik popülasyonunun yapı analizinin şeması (K=3)

Çizelge 4.19. 58 buğday genotipini alt popülasyonlara ayıran üyelik katsayıları

Genotip numarası	Q1	Q2	Q3	Genotip numarası	Q1	Q2	Q3
1	0,486	0,428	0,086	30	0,996	0,004	0,001
2	0,003	0,746	0,251	31	0,999	0,000	0,000
3	0,001	0,782	0,217	32	0,969	0,028	0,003
4	0,997	0,002	0,000	33	0,005	0,995	0,000
5	0,001	0,001	0,998	34	0,093	0,848	0,059
6	0,997	0,001	0,002	35	0,997	0,003	0,001
7	0,004	0,996	0,001	36	0,997	0,002	0,001
8	0,953	0,046	0,001	37	0,964	0,033	0,003
9	0,996	0,002	0,001	38	0,998	0,002	0,000
10	0,001	0,000	0,999	39	0,978	0,021	0,001
11	0,002	0,966	0,032	40	0,863	0,102	0,035
12	0,994	0,005	0,000	41	0,980	0,018	0,002
13	0,002	0,997	0,001	42	0,999	0,001	0,000
14	0,004	0,995	0,001	43	0,998	0,001	0,002
15	0,998	0,001	0,000	44	0,001	0,999	0,001
16	0,003	0,996	0,000	45	0,001	0,000	0,998
17	0,999	0,001	0,001	46	0,002	0,997	0,001
18	0,995	0,001	0,003	47	0,968	0,032	0,001
19	0,998	0,001	0,001	48	0,001	0,000	0,999
20	0,016	0,983	0,001	49	0,990	0,009	0,000
21	0,003	0,996	0,001	50	0,005	0,994	0,000
22	0,985	0,014	0,001	51	0,992	0,002	0,006
23	0,008	0,991	0,001	52	0,003	0,927	0,071
24	0,997	0,003	0,001	53	0,920	0,002	0,079
25	0,010	0,990	0,000	54	0,037	0,676	0,287
26	0,991	0,004	0,005	55	0,949	0,048	0,003
27	0,001	0,001	0,998	56	0,017	0,884	0,099
28	0,003	0,924	0,073	57	0,037	0,845	0,119
29	0,009	0,990	0,001	58	0,496	0,159	0,345

Çizelge 4.20. Alt popülasyonlara ait beklenen heterozigotluk ve F_{ST} değerleri

Alt Popülasyonlar	Beklenen Heterozigotluk	F_{ST}
Q1	0,1501	0,5353
Q2	0,1944	0,4416
Q3	0,1639	0,6934
Ortalama	0,1695	0,5567

Çizelge 4.19 incelendiğinde, *T. dicoccum*'lar (7, 11, 13, 14, 16, 20, 21, 23, 25, 28, 33 ve 44) ile 29, 46, 50, 52, 56 ve 57 numaralı *T. durum*'lar ve 34 numaralı *T. monococcum* genotipleri Q2 popülasyonunda gruplanmıştır. *T. monococcum*'lar (5, 10, 27 ve 48) ile 45 numaralı *T.aestivum* Q3 popülasyonunda yer almışlardır. Q1 popülasyonunda ise sadece ekmeklik ve makarnalık popülasyonlar gruplanmıştır.

Gürcan *et al.* (2017), kavuzlu buğdaylarda popülasyonun genetik yapısını değerlendirmek amacıyla STRUCTURE programını kullanmış ve $K=6$ olarak bulmuşlardır. 70 genotipten 55'inin STRUCTURE analizi sonucunda saf olduğu ve geriye kalanların hibrit olduğu sonucuna varmışlardır. Eltaher *et al.* (2018), 25.566 SNP ile Bayesian metodunu ıslah hatlarında olası alt popülasyonların sayısını belirlemek için kullanmışlardır. Popülasyonun yapısını analiz etmek için STRUCTURE programını kullanmışlar ve K değerini 3 olarak bulmuşlardır. 3 alt popülasyonda (G_1 , G_2 ve G_3) sırasıyla 70, 130 ve 130 genotip yer almıştır. Mevcut çalışmada da 3 popülasyon (Q1, Q2 ve Q3) saptanmış ve her bir popülasyondaki saf genotip sayısı sırası ile 29, 19 ve 5 şeklinde oluşmuştur.

5. SONUÇLAR ve ÖNERİLER

Bu çalışma çerçevesinde sulu koşullarda ve yazlık yetiştirilen 54 tane buğday popülasyonu Türkiye'nin farklı bölgelerinden toplanmıştır. 2 adet makarnalık buğday (*Triticum durum*) ve 2 adet ekmeklik buğday (*Triticum aestivum*) çeşidi de çalışmaya dâhil edilerek toplam da 58 buğday materyali 2017 yılında Iğdır İlinde ekilmiştir. Buğday genotiplerinin bazı morfolojik ve tarımsal özellikleri incelenmiş olup ayrıca, bu genotiplerin genetik benzerlikleri DNA düzeyinde PCR temelli IPBS markörleri kullanılarak belirlenmiştir. Bu çalışmadan elde edilen sonuçlar aşağıda özetlenmiştir.

Tarla gözlemleri sonucunda, toplanan popülasyonların 13 adeti makarnalık buğday (*Triticum durum*), 20 adeti ekmeklik buğday (*Triticum aestivum*), 16 adeti gernik buğdayı (*Triticum dicoccum*) ve 5 adeti siyez buğdayı (*Triticum monococcum*) olduğu belirlenmiştir. Bu genotiplerin morfolojik varyasyon gösterdiği ve bu özellikler yönünden 54 popülasyondan seçilecek genotipler ile buğday ıslah çalışmalarında amaca yönelik kullanılabileceği, fakat seçilen popülasyon veya genotiplerde bu çalışmaların devam etmesinin faydalı olacağı sonucuna varılmıştır.

Yerel makarnalık popülasyonlar ile makarnalık çeşitler kendi arasında morfolojik karakterler yönünden incelendiğinde; başak uzunluğu bakımından 1 numaralı genotipin, bitki boyu, başakta dane sayısı, başak verimi, bitki verimi, başaklanma süresi ve olgunlaşma süresi bakımından 15 numaralı genotipin, biyolojik verim bakımından 29 numaralı genotipin, hasat indeksi bakımından 47 numaralı genotipin, bin dane ağırlığı ve hektolitre ağırlığı bakımından 50 numaralı genotipin diğer genotiplerden daha yüksek değerlere sahip oldukları görülmektedir.

Yerel ekmeklik popülasyonlar ile ekmeklik çeşitler kendi arasında morfolojik karakterler yönünden incelendiğinde; başakta dane sayısı ve başak verimi bakımından 36 numaralı genotipin, biyolojik verim bakımından 40 numaralı genotipin, başak uzunluğu, bitki verimi ve hasat indeksi bakımından 41 numaralı genotipin bitki boyu bakımından 42 numaralı genotipin, başaklanma süresi ve olgunlaşma süresi, bin dane ağırlığı ve hektolitre ağırlığı bakımından 9 ve 30 numaralı genotiplerin diğer genotiplerden daha yüksek değerlere sahip oldukları görülmektedir.

Gernik popülasyonları kendi arasında morfolojik karakterler yönünden incelendiğinde; biyolojik verim bakımından 3 numaralı genotipin, başakta dane sayısı, başak verimi, bitki verimi, bin dane ağırlığı ve hektolitre ağırlığı bakımından 20 numaralı genotipin, başak uzunluğu bakımından 21 numaralı genotipin, başaklanma süresi ve olgunlaşma süresi bakımından 33 ve 46 numaralı genotiplerin, bitki boyu bakımından 46 numaralı genotipin, hasat indeksi bakımından 54 numaralı genotipin, diğer genotiplerden daha yüksek değerlere sahip oldukları görülmektedir.

Siyez popülasyonlar kendi arasında morfolojik karakterler yönünden incelendiğinde; bitki boyu bakımından 48 numaralı genotipin, başakta dane sayısı, bitki verimi, biyolojik verim, başaklanma süresi ve olgunlaşma süresi bakımından 27 numaralı genotipin, başak verimi bakımından 27 ve 48 numaralı genotiplerin, başak uzunluğu, bin dane ağırlığı ve hektolitre ağırlığı bakımından 34 numaralı genotipin, hasat indeksi bakımından 48 numaralı genotipin, diğer genotiplerden daha yüksek değerlere sahip oldukları görülmektedir.

Çalışmada kullanılan 10 IPBS markörlerinin buğdayda rahatlıkla bir DNA bölgesini çoğalttığı belirlenmiştir. Bu markörler toplam da 168 bant vermiş, bu bantların 163'ünde polimorfizm görülmüş ve polimorfizm yüzdelerinin ortalaması da %95,08 olarak saptanmıştır. Markörlerin, ortalama gen çeşitliliği (H) değerleri 0,26 olarak, ortalama polimorfizm değeri (PIC) de 0,22 olarak hesaplanmıştır.

Analiz sonucunda 58 buğday genotipine ait ortalama DICE benzerlik katsayı değeri 0,5948 olarak, korelasyon katsayı değeri (r) de 0,96011 olarak belirlenmiştir. 3 numaralı genotip ile 10 numaralı genotipin 0,1299 benzerlik katsayı değeri ile birbirine en az benzeyen genotipler olarak belirlenmişken, en çok benzerlik gösteren genotiplerin 0,8829 benzerlik katsayı değeri ile 17 ve 49 numaralı genotipler olduğu saptanmıştır.

58 buğday genotipinin popülasyon yapısı incelenmiş ve en yüksek Delta K değeri 112,629 olarak hesaplanmıştır. Delta K'ya göre 58 buğday genotipinin genetik olarak üç farklı popülasyona ayrıldığı belirlenmiştir.

Yerel makarnalık popülasyonlar içerisinde en geç olgunlaşan 15 numaralı popülasyonun başak verimi ve bitki verimi bakımından en yüksek değere sahip olması yönünden ileriki ıslah çalışmalarında kullanılmasının önemli olabileceği belirlenmiştir.

Yerel makarnalık popülasyonlar içerisinde en erkenci popülasyonunda 1 numaralı buğdaylara ait olduğu saptanmıştır. Yerel ekmeklik popülasyonlar arasında, başak verimi, bitki verimi ve erkencilik bakımından sırasıyla 36, 41, 8 numaralı genotipler öne çıkmışken, 9 ve 30 numaralı popülasyonlar hem geçici hem de hektolitre ağırlığı bakımından öne geçmişlerdir. Gernik popülasyonları arasında 20 numaralı popülasyon bitki verimi, başak verimi ve hektolitre ağırlığı bakımından en yüksek değere sahip olduğunu, 2 numaralı popülasyonun erken olgunlaştığını, 33 ve 46 numaralı popülasyonların geç olgunlaştıkları belirlenmiştir. Siyez popülasyonları içerisinde ise 27 ve 48 numaralı popülasyonların başak verimi yönünden öne çıktıklarını, 27 numaralı popülasyonun bitki verimi bakımından yüksek olduğu ve geç olgunlaştığı saptanmıştır. 34 numaralı popülasyonun da erken olgunlaştığı ve hektolitre ağırlığının en fazla olduğu belirlenmiştir. Saptanan bu popülasyonların ıslah çalışmalarında amaca yönelik kullanılabileceği kabul edilebilir.

Sonuç olarak, kullanılan buğday genotiplerinin morfolojik ve moleküler varyasyonu göz önüne alındığında ıslah programı oluşturulurken uzak ebeveynler seçiminde önemli bilgiler vermektedir. Yerel çeşitler genetik kaynak olarak kullanılabileceği için bu genotipler çeşide dönüştürülebileceği gibi mevcut çeşitler ile melezlenerek yeni çeşitlerin geliştirilebilmesine imkan sağlayabilecektir. IPBS markörlerinin filogenetik çalışmalarında etkili bir şekilde kullanılabileceği tespit edilmiştir. Bu çalışmanın sonuçları ileriki genetik ve ıslah çalışmaları açısından ilk adım olarak kabul edilebilir.

KAYNAKLAR

- Alzohairy, A.M., Gyulai, G., Ramadan, M.F., Edris, S., Sabir, J.S., Jansen, R.K., Eissa, H.F., Bahieldin, A., 2014. Retrotransposon-Based Molecular Markers for Assessment of Genomic Diversity. *Functional Plant Biology*, 41(8), 781-789.
- Andeden, E.E., Baloch, F.S., Derya, M., Kilian, B., Özkan, H., 2013. IPBS-Retrotransposons-Based Genetic Diversity and Relationship Among Wild Annual Cicer Species. *Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology*, 22(4), 453-466.
- Anonymous, 2016. <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC> Erişim Tarihi (08.08.2018)
- Antonius-Klemola, K., Kalendar, R., Schulman, A.H., 2006. TRIM Retrotransposons Occur in Apple and Are Polymorphic Between Varieties but Not Sports. *Theoretical and Applied Genetics*, 112(6), 999-1008.
- Aydın, N., Bayramoğlu, H.O., Mut, Z., Özcan, H., 2005. Ekmeklik Buğday (*Triticum aestivum* L.) Çeşit ve Hatlarının Karadeniz Koşullarında Verim ve Kalite Özelliklerinin Belirlenmesi. *Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarım Bilimleri Dergisi*, 11(3), 257-262.
- Baloch, F.S., Derya, M., Andeden, E.E., Alsaleh, A., Cömertpay, G., Kilian, B., Özkan, H., 2015a. Inter-Primer Binding Site Retrotransposon and Inter-Simple Sequence Repeat Diversity Among Wild *Lens* Species. *Biochemical Systematics and Ecology*, 58, 162-168.
- Baloch, F.S., Alsaleh, A., de Miera, L.E.S., Hatipoğlu, R., Çiftçi, V., Karaköy, T., Yıldız, M., Özkan, H., 2015b. DNA Based IPBS-Retrotransposon Markers for Investigating The Population Structure of Pea (*Pisum sativum*) Germplasm From Turkey. *Biochemical Systematics and Ecology*, 61, 244-252.
- Baránek, M., Meszáros, M., Sochorová, J., Čechová, J., Raddová, J., 2012. Utility of Retrotransposon-Derived Marker Systems for Differentiation of Presumed Clones of The Apricot Cultivar Velkopavlovická. *Scientia Horticulturae*, 143, 1-6.

- Beharav, A., Maras, M., Kitner, M., Šuštar-Vozlič, J., Sun, G.L., Doležalová, I., Lebeda, V., Meglič, V., 2010. Comparison of Three Genetic Similarity Coefficients Based on Dominant Markers from Predominantly Self-Pollinating Species. *Biologia plantarum*, 54(1), 54-60.
- Beissinger, T.M., Hirsch, C.N., Sekhon, R.S., Foerster, J.M., Johnson, J.M., Muttoni, G., Vaillancourt, B., Robin Buell, C., Kaeppler, S.M., de Leon, N., 2013. Marker Density and Read Depth for Genotyping Populations Using Genotyping-by-Sequencing. *Genetics*, 193(4), 1073-1081.
- Braun, H.J., Payne, T.S., Morgounov, A.I., Van Ginkel, M., Rajaram, S., 1998. The Challenge: One Billion Tons of Wheat by 2020. In A.E. Slinkard (ed.), *9th Proceedings International Wheat Genetic Symposium*, Saskatoon, Canada. 2-7 Aug., pp. 33-40
- Carvalho, A., Guedes-Pinto, H., Martins-Lopes, P., Lima-Brito, J., 2010. Genetic Variability of Old Portuguese Bread Wheat Cultivars Assayed by IRAP and REMAP Markers. *Annals of Applied Biology*, 156(3), 337-345.
- Chao, A., Shen, T.J., 2003. Nonparametric Estimation of Shannon's Index of Diversity When There Are Unseen Species in Sample. *Environmental and Ecological Statistics*, 10(4), 429-443.
- Çağlar, Ö., Öztürk, A., Bulut, S., 2006. Bazı Ekmeklik Buğday Çeşitlerinin Erzurum Ovası Koşullarına Adaptasyonu. *Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 37(1), 1-7.
- Darvishzadeh, R., Bernousi, I., 2012. Molecular Similarity Relationships Among Iranian Bread Wheat Cultivars and Breeding Lines Using ISSR Markers. *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca*, 40(2), 254-260.
- Demirel, F., 2013. *Kastamonu'dan Toplanan Diploid (T. monococcum) ve Tetraploid (T. dicoccum) Kavuzlu Buğday Köy Çeşitlerinin Moleküler ve Morfolojik Tanımlanması*. Yüksek Lisans Tezi, Erciyes Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Kayseri. 87.

- Demirel, S., Demirel, F., Eren, B., 2018. Retrotransposon-Based Molecular Markers for Genetic Diversity. *1. International GAP Agriculture and Livestock Congress*, Şanlıurfa/TURKEY, 602pp.
- Dice, L.R., 1945. Measures of The Amount of Ecologic Association Between Species. *Ecology*, 26, 297–302.
- Doyle, J.J., Doyle, J.E., 1990. Isolation of Plant DNA From Fresh Plant Tissue. *Focus*, 12,13-15.
- Düzgünes, O., Kesici, T., Güzbüz, F., 1983. *İstatistik metotları I*. Ankara Üniversitesi Ziraat Fak. Yayın No: 861, Ankara.
- Eltaher, S., Sallam, A., Belamkar, V., Emara, H.A., Nower, A.A., Salem, K.F., Poland, J., Baenziger, P.S., 2018. Genetic Diversity and Population Structure of F3: 6 Nebraska Winter Wheat Genotypes Using Genotyping-By-Sequencing. *Frontiers in Genetics*, 9, 76.
- Etminan, A., Pour-Aboughadareh, A., Mohammadi, R., Noori, A., Ahmadi-Rad, A., 2018. Applicability of CAAT Box-Derived Polymorphism (CBDP) Markers for Analysis of Genetic Diversity in Durum Wheat. *Cereal Research Communications*, 46(1), 1-9.
- Evanno, G., Regnaut, S., Goudet, J., 2005. Detecting The Number of Clusters of Individuals Using The Software STRUCTURE: A Simulation Study. *Molecular Ecology*, 14(8), 2611-2620.
- Flavell, A.J., Knox, M.R., Pearce, S.R., Ellis, T.H., 1998. Retrotransposon-Based Insertion Polymorphisms (RBIP) for High Throughput Marker Analysis. *Plant Journal*. 16(5), 643–650.
- Ford, R., Taylor, P.W., 1997. The Application of RAPD Markers for Potato Cultivar Identification. *Australian Journal of Agricultural Research*, 48(8), 1213-1218.

- Gailite, A., Rungis, D., 2012. An Initial Investigation of The Taxonomic Status of *Saussurea Esthonica* Baer ex Rupr. Utilising DNA Markers and Sequencing. *Plant Systematics and Evolution*, 298(5), 913–919.
- Guo, D.L., Guo, M.X., Hou, X.G., Zhang, G.H., 2014. Molecular diversity analysis of grape varieties based on IPBS markers. *Biochemical Systematics and Ecology*, 52, 27-32.
- Gurcan, K., Demirel, F., Tekin, M., Demirel, S., Akar, T., 2017. Molecular and Agro-Morphological Characterization of Ancient Wheat Landraces of Turkey. *BMC Plant Biology*, 17(1), 171.
- Hizi, A., 2008. The Reverse Transcriptase of The Tf1 Retrotransposon Has A Specific Novel Activity for Generating The RNA Self-Primer That Is Functional in cDNA Synthesis. *Journal of Virology*, 82(21), 10906-10910.
- Hosaka, K., Mori, M., Ogawa, K., 1994. Genetic Relationships of Japanese Potato Cultivars Assessed by RAPD Analysis. *American Potato Journal*, 71(8), 535-546.
- Kalendar, R., Grob, T., Regina, M., Suoniemi, A., Schulman, A., 1999. IRAP and REMAP: Two New Retrotransposon-Based DNA Fingerprinting Techniques. *Theoretical and Applied Genetics*, 98(5), 704-711.
- Kalendar, R., Tanskanen, J., Immonen, S., Nevo, E., Schulman, A.H., 2000. Genome Evolution of Wild Barley (*Hordeum spontaneum*) by BARE-1 Retrotransposon Dynamics in Response to Sharp Microclimatic Divergence. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 97(12), 6603-6607.
- Kalendar, R., Antonius, K., Smýkal, P., Schulman, A.H., 2010. IPBS: A Universal Method for DNA Fingerprinting and Retrotransposon Isolation. *Theoretical and Applied Genetics*, 121(8), 1419-1430.
- Kalendar, R., Flavell, A.J., Ellis, T.H.N., Sjakste, T., Moisy, C., Schulman, A.H., 2011. Analysis of Plant Diversity With Retrotransposon-Based Molecular Markers. *Heredity*, 106(4), 520.

- Karaođlu, M., 2011. Ziraî Meteorolojik Açidan İđdir İklîm Etüdü. *İđdir Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi*, 1(1), 97-104.
- Kawchuk, L.M., Lynch, D.R., Thomas, J., Penner, B., Sillito, D., Kulcsar, F., 1996. Characterization of *Solanum tuberosum* Simple Sequence Repeats and Application to Potato Culiwar Identification. *American Potato Journal*, 73(8), 325-335.
- Kaydan, D., Yađmur, M., 2008. Van Ekolojik Koşullarında Bazı Ekmeklik Buđday (*Triticum aestivum* L.) Çeşitlerinin Verim ve Verim Öđeleri Üzerine Bir Araştırma. *Tarım Bilimleri Dergisi*, 14(4), 350-358.
- Kelly, N.J., Palmer, M.T., Morrow, C.D., 2003. Selection of Retroviral Reverse Transcription Primer İs Coordinated With tRNA Biogenesis. *Journal of virology*, 77(16), 8695-8701.
- Kılıç, H., Kendal, E., Aktaş, H., Tekdal, S., 2014. İleri Kademe Ekmeklik Buđday Hatlarının Farklı Çevrelerde Tane Verimi ve Bazı Kalite Özellikleri Yönünden Deđerlendirilmesi. *İđdir Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi*, 4(4), 87-95.
- Kırdök, E., Çiftçi, Y.Ö., 2016. Retrotransposon Marker Systems as A Tool to Analyze Molecular Diversity of Mediterranean Pistacia Species. *International Journal of Agriculture and Biology*, 18(3), 601-606.
- Klaedtke, S.M., Caproni, L., Klauck, J., de la Grandville, P., Dutartre, M., Stassart, P.M., Chable, V., Negri, V., Raggi, L., 2017. Short-Term Local Adaptation of Historical Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) Varieties And İmplications for In Situ Management of Bean Diversity. *International Journal of Molecular Sciences*, 18(3), 493.
- Konovalov, F.A., Goncharov, N.P., Goryunova, S., Shaturova, A., Proshlyakova, T., Kudryavtsev, A., 2010. Molecular Markers Based on LTR Retrotransposons BARE-1 and Jeli Uncover Different Strata of Evolutionary Relationships in Diploid Wheats. *Molecular Genetics and Genomics*, 283(6), 551-563.

- Kronstad, W.E., 1997. Agricultural Development and Wheat Breeding in The 20th Century. In *Wheat: Prospects for Global Improvement* (pp. 1-10). **Springer**, Dordrecht.
- Krupin, P.Y., Divashuk, M.G., Bazhenov, M.S., Gritsenko, L.A., Tarakanov, I.G., Upelniak, V.P., Belov, V.I., Pochtovii, A.A., Starikova, E.V., Khuat Thi Mai, L., Klimushina, M.V., Davidova, A.N., Karlev, G.I., 2013. Salt Tolerance Polymorfism in Seedlings of Wheat-Wheatgrass Hybrids. *Sel'skokhozyaistvennaya Biologiya [Agricultural Biology]*, 5, 44-53.
- Kumlay, A.M., Kaya, C., Yıldırım, B., 2015. Moleküler Markörler ve Genetik Haritaların Patetes (*Solanum tuberosum* L.) Islahında Kullanımı ve Önemi. **11. Tarla Bitkileri Kongresi**, Çanakkale, Türkiye, 7-10 Eylül 2015, 481-484.
- Leigh, F., Kalendar, R., Lea, V., Lee, D., Donini, P., Schulman, A.H., 2003. Comparison of The Utility of Barley Retrotransposon Families for Genetic Analysis by Molecular Marker Techniques. *Molecular Genetics and Genomics*, 269(4), 464-474.
- Levi, A., Thomas, C.E., Trebitsh, T., Salman, A., King, J., Karalius, J., Newman, M., Reddy, O.U.K., Xu, Y., Zhang, X., 2006. An Extended Linkage Map for atermelon Based on SRAP, AFLP, SSR, ISSR, and RAPD Markers. *Journal of the American Society for Horticultural Science.*, 131: 393-402.
- Li, G., Quiros, C.F., 2001. Sequence-Related Amplified Polymorphism (SRAP), A new Marker System Based on a Simple PCR: Its Application to Mapping and Gene Tagging in Brassica. *Theoretical and Applied Genetics*. 103: 455–461.
- Liu, R., Vitte, C., Ma, J., Mahama, A.A., Dhliwayo, T., Lee, M., Bennetzen, J.L., 2007. A GeneTrek Analysis of The Maize Genome. *Proceedings of The National Academy of Sciences*, 104(28), 11844-11849.
- Mantel, N., 1967. The Detection of Disease Clustering and A Generalized Regression Approach. *Cancer research*, 27(2 Part 1), 209-220.
- Marcussen, T., Sandve, S.R., Heier, L., Spannagl, M., Pfeifer, M., International Wheat Genome Sequencing Consortium, Jakobsen, K.S., Wulff, B.B.H., Steuernagel,

- B., Mayer, K.F.X., Olsen, O.A., 2014. Ancient Hybridizations Among The Ancestral Genomes of Bread Wheat. *Science*, 345(6194), 1250092.
- Mohammadi, S.A., Prasanna, B.M., 2003. Analysis of Genetic Diversity in Crop Plants Salient Statistical Tools and Considerations. *Crop Science*, 43(4), 1235-1248.
- Nasri, S., Mandoulakani, B.A., Darvishzadeh, R., Bernousi, I., 2013. Retrotransposon Insertional Polymorphism in Iranian Bread Wheat Cultivars and Breeding Lines Revealed by IRAP and REMAP Markers. *Biochemical Genetics*, 51(11-12), 927-943.
- Nei, M., 1978. Estimation of Average Heterozygosity and Genetic Distance from A Small Number of Individuals. *Genetics*, 89(3), 583-590.
- Oliver, J.L., Zapater, J.M. 1984. Allozyme Variability and Phylogenetic Relationships in the Cultivated Potato (*Solanum tuberosum*) and Related Species. *Plant Systematics and Evolution*, 148(1-2), 1-18.
- Pagnotta, M.A., Mondini, L., Atallah, M.F., 2005. Morphological and Molecular Characterization of Italian Emmer Wheat Accessions. *Euphytica*, 146(1-2), 29-37.
- Peleg, Z., Fahima, T., Abbo, S., Krugman, T., Saranga, Y., 2008. Genetic Structure of Wild Emmer Wheat Populations As Reflected by Transcribed Versus Anonymous SSR Markers. *Genome*, 51(3), 187-195.
- Poczai, P., Varga, I., Laos, M., Cseh, A., Bell, N., Valkonen, J.P., Hyvönen, J., 2013. Advances in Plant Gene-Targeted and Functional Markers: A Review. *Plant Methods*, 9(1), 6.
- Pritchard, J.K., Stephens, M., Donnelly, P., 2000. Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. *Genetics*, 155(2), 945-959.
- Queen, R.A., Gribbon, B.M., James, C., Jack, P., Flavell, A.J., 2004. Retrotransposon-Based Molecular Markers for Linkage and Genetic Diversity Analysis in Wheat. *Molecular Genetics and Genomics*, 271(1), 91-97.

- Rasmussen, J.O., Rasmussen, O.S., 1995. Characterization of Somatic Hybrids of Potato by Use of RAPD Markers and Isozyme Analysis. *Physiologia Plantarum*, 93(2), 357-364.
- Ray, D.K., Mueller, N.D., West, P.C., Foley, J.A., 2013. Yield Trends Are Insufficient to Double Global Crop Production by 2050. *PloS One*, 8(6), e66428.
- Rohlf, J.F., 2000. *NTSYS-pc: Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System*. Exeter Software, Setauket, New York.
- Rosegrant, M.W., Agcaoili-Sombilla, M.C., Perez, N.D., 1995. *Global Food Projections to 2020: Implications for Investment* (No. 5). Diane Publishing.
- Ruņģis, D., Gaile, I., Veinberga, I., Zute, S., Strazdiņa, V., Bleidere, M., Kronberga, A., 2012. Use of DNA Markers for Cereal Line Uniformity Assessment. *In Proceedings of the Latvian Academy of Sciences. Section B. Natural, Exact, and Applied Sciences*. (Vol. 66, No. 1-2, pp. 21-25). Versita.
- Saeidi, H., Rahiminejad, M.R., Heslop-Harrison, J.S., 2008. Retroelement Insertional Polymorphisms, Diversity and Phylogeography Within Diploid, D-genome *Aegilops tauschii* (Triticeae, Poaceae) sub-taxa in Iran. *Annals of Botany*, 101(6), 855-861.
- Schulman, A.H., Flavell, A.J., Ellis, T.N., 2004. The Application of LTR Retrotransposons as Molecular Markers in Plants. *Mobile Genetic Elements* (pp. 145-173). Humana Press.
- Shizuka, T., Mori, N., Ozkan, H., Ohta, S., 2015. Chloroplast DNA Haplotype Variation Within Two Natural Populations of Wild Emmer Wheat (*Triticum turgidum* ssp. *dicoccoides*) in Southern Turkey. *Biotechnology and Biotechnological Equipment*, 29(3), 423-430.
- Smýkal, P., Bačová-Kerteszová, N., Kalendar, R., Corander, J., Schulman, A.H., Pavelek, M., 2011. Genetic Diversity of Cultivated Flax (*Linum usitatissimum* L.) Germplasm Assessed by Retrotransposon-Based Markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 122(7), 1385-1397.

- Sosinski, B., Douches, D.S. 1996. Using Polymerase Chain Reaction-Based DNA Amplification to Fingerprint North American Potato Cultivars. *HortScience*, 31(1), 130-133.
- Sözen, E., Yağdı, K., 2005. Bazı İleri Makarnalık Buğday (*Triticum durum* Desf.) Hatlarının Kalite Özelliklerinin Belirlenmesi. *Uludağ Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 19(2), 69-81.
- Šramková, Z., Gregová, E., Šturdík, E., 2009. Genetic Improvement of Wheat-A Review. *Nova Biotech*, 9, 27-51.
- Taheri, M.T., Alavi-Kia, S.S., Mohammadi, S.A., Vahed, M.M., 2018. Assessment of Genetic Diversity and Relationships Among *Triticum urartu* and *Triticum boeoticum* Populations from Iran Using IRAP and REMAP Markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 1-12
- Trebichalský, A., Schulman, A., Kalendar, R., Stratula, O., Gálová, Z., 2012. Exploration of Genetic Relations Between Winter Triticale (*X Triticosecale* Witt.) and Rye (*Secale cereale* L.) Cultivars Using Retrotransposon-Based Markers. *The Journal of Microbiology, Biotechnology and Food Sciences*, 1, 711.
- Wilfinger, W.W., Mackey, K., Chomczynski, P., 1997. Effect of pH and Ionic Strength on The Spectrophotometric Assessment of Nucleic Acid Purity. *Biotechniques*, 22(3), 474-481.
- Vardar Kanlıtepe, Ç., Aras, S., Cansaran Duman, D., 2010. Bitki Islahında Moleküler Belirteçlerin Kullanımı ve Gen Aktarımı. *Türk Hijyen ve Deneysel Biyoloji Dergisi*, 67(1), 33-43.
- Vos, P., Hogers, R., Bleeker, M., Reijans, M., Lee, T.V.D., Hornes, M., Frijters, A., Pot, J., Peleman, J., Kuiper, M., Zabeau, M., 1995. AFLP: a New Technique for DNA Fingerprinting. *Nucleic acids research*, 23(21), 4407-4414.
- Vuorinen, A.L., Kalendar, R., Fahima, T., Korpelainen, H., Nevo, E., Schulman, A.H., 2018. Retrotransposon-Based Genetic Diversity Assessment in Wild Emmer Wheat (*Triticum turgidum* ssp. *dicoccoides*). *Agronomy*, 8(7), 107.

- Yağdı, K., 2004. Bursa Koşullarında Geliştirilen Ekmeklik Buğday (*Triticum aestivum* L.) Hatlarının Bazı Kalite Özelliklerinin Araştırılması. *Uludağ Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 18(1), 11-23.
- Yalçın, M.M., 2007. *Bazı Yabani Gernik Genotiplerinin Morfolojik ve Fizyolojik Özelliklerinin Saptanması*. Yüksek Lisans Tezi. Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Adana.70.
- Yang, X., Liu, C., Lin, S., 2009. Genetic Relationships in *Eriobotrya* Species as Revealed by Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP) Markers. *Scientia Horticulturae*, 122(2), 264-268.
- Yazar, S., Karadoğan, T., 2008. Bazı Makarnalık Buğday Genotiplerinin Orta Anadolu Bölgesinin Taban ve Kıraç Arazi Koşullarında Verim ve Kalite Özelliklerinin Belirlenmesi. *Süleyman Demirel Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 9(2), 32-41.
- Yıldırım, A., 1999. Genetik Haritaların Tahıl Islahındaki Önemi ve Kullanımı. *Hububat Sempozyumu*, 8-11 Haziran 1999, Konya, 133-142.
- Yıldırım, A., Kandemir, N., 2001, *Genetik markörler ve analiz metodları*, 334-363, Bitki Bitoteknolojisi II-Genetik Mühendisliği ve Uygulamaları, S.Özcan, E.Gürel ve M.Babaoğlu (Derleme), Selçuk Üniversitesi Yayınları, Konya, 456s.
- Yıldız, M., Koçak, M., Baloch, F.S., 2015. Genetic Bottlenecks in Turkish Okra Germplasm and Utility of IPBS Retrotransposon Markers for Genetic Diversity Assessment. *Genetics and Molecular Research*, 14(3), 10588-10602.
- Yılmaz, S., Gözükırmızı, N., 2013. BAGY2 Retrotransposon Variations in Barley Calli Cultures and Regenerated Plantlets. In *VIII International Symposium on In Vitro Culture and Horticultural Breeding* 1083 (pp. 213-218).
- Yorgancılar, M., Yakışır, E., Erkoyuncu, M.T., 2015. Moleküler Markörlerin Bitki Islahında Kullanımı. *Bahri Dağdaş Bitkisel Araştırma Dergisi*, (4), 1-12.

- Yüzbaşıoğlu, G., Yılmaz, S., Marakli, S., Gozukirmizi, N., 2016. Analysis of Hopi/Osr27 and Houba/Tos5/Osr13 Retrotransposons in Rice. *Biotechnology and Biotechnological Equipment*, 30(2), 213-218.
- Zaki, E.A., Ghany, A.A.A., 2004. Ty3/gypsy Retro-Transposons in Egyptian Cotton (*G. barbadense*). *Journal of Cotton Science*. <http://agris.fao.org/agris-search/search.do?recordID=US201300974402> (Erişim Tarihi 12.08.2018)
- Zhang, P., Dreisigacker, S., Buerkert, A., Alkhanjari, S., Melchinger, A.E., Warburton, M.L., 2006. Genetic Diversity and Relationships of Wheat Landraces from Oman Investigated with SSR Markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 53(7), 1351-1360.

ÖZGEÇMİŞ

1987 yılında Kayseri’de doğmuş, lise eğitimini 2005 yılında Şeker Lisesinde, lisans eğitimini 2007-2011 yıllarında Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümünde, yüksek lisans eğitimini 2011-2013 yıllarında Erciyes Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Anabilim Dalında tamamlamıştır. 2014 yılında Iğdır Üniversitesi Tarla Bitkileri Bölümünde Araştırma Görevlisi olarak fiilen başladığı akademik hayatına, aynı yıl Iğdır Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Anabilim Dalında doktora eğitimine başlamıştır.

