



**ARPADA KURAKLIĞA TOLERANS  
QTL'LERİNİN MARKÖR DESTEKLİ  
SELEKSİYON İLE AKTARILMASI**  
**İbrahim SAYGILI**  
**DOKTORA TEZİ**  
**TARLA BİTKİLERİ ANA BİLİM DALI**  
**Prof. Dr. Nejdet KANDEMİR**  
**Ocak - 2019**  
**Her hakkı saklıdır**

T.C.  
TOKAT GAZİOSMANPAŞA ÜNİVERSİTESİ  
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ  
TARLA BİTKİLERİ ANA BİLİM DALI

DOKTORA TEZİ

ARPADA KURAKLIĞA TOLERANS QTL'LERİNİN MARKÖR  
DESTEKLİ SELEKSİYON İLE AKTARILMASI

İbrahim SAYGILI

TOKAT  
Ocak - 2019

Her hakkı saklıdır.



**Bu tez çalışması;**

TÜBİTAK tarafından desteklenen 113O934 nolu projenin bir kısmını oluşturmaktadır.

**İbrahim SAYGILI** tarafından hazırlanan “**Arpada Kuraklığa Tolerans QTL’lerinin Markör Destekli Seleksiyon İle Aktarılması**” adlı tez çalışmasının savunma sınavı 25 OCAK 2019 tarihinde yapılmış olup aşağıda verilen jüri tarafından oy Birliği / oy çokluğu ile Tokat Gaziosmanpaşa Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü TARLA BİTKİLERİ ANA BİLİM DALI’nda doktora tezi olarak kabul edilmiştir.

Jüri Üyeleri

İmza

Danışman  
Prof. Dr. Nejdet KANDEMİR

Üye  
Prof. Dr. Sabri GÖKMEN  
Selçuk Üniversitesi  
Üye  
Prof. Dr. Güngör YILMAZ  
Tokat Gaziosmanpaşa Üniversitesi

Üye  
Prof. Dr. Mehmet Ali SAKİN  
Tokat Gaziosmanpaşa Üniversitesi

Üye  
Doç. Dr. Özlem Ateş SÖNMEZOĞLU  
Karamanoğlu Mehmetbey Üniversitesi

N. Kanemir

Sabri Gökmen

Güngör Yılmaz

Mehmet Ali Sakin



Prof. Dr. Çetin ÇEKİÇ  
Fen Bilimleri Enstitüsü Müdürü  
25/01/2019

## **TEZ BEYANI**

Tez yazım kurallarına uygun olarak hazırlanan bu tezin yazılmasında bilimsel ahlak kurallarına uyulduğunu, başkalarının eserlerinden yararlanılması durumunda bilimsel normlara uygun olarak atıfta bulunulduğunu, tezin içerdiği yenilik ve sonuçların başka bir yerden alınmadığını, kullanılan verilerde herhangi bir tahrifat yapılmadığını, tezin herhangi bir kısmının bu üniversite veya başka bir üniversitedeki başka bir tez çalışması olarak sunulmadığını beyan ederim.

**İBRAHİM SAYGILI**

**25 Ocak 2019**

## ÖZET

### DOKTORA TEZİ

#### ARPADA KURAKLIĞA TOLERANS QTL'LERİNİN MARKÖR DESTEKLİ SELEKSİYON İLE AKTARILMASI

İbrahim SAYGILI

TOKAT GAZİOSMANPAŞA ÜNİVERSİTESİ FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

TARLA BİTKİLERİ ANA BİLİM DALI

TEZ DANIŞMANI: Prof. Dr. Nejdet KANDEMİR

Kuraklık stresi altında sürdürülebilir üretim yapabilmenin en uygun yollarından biri, bu şartlara uyum sağlayabilen çeşitler geliştirmek ve kullanmaktır. Bu çalışmada, arpada kuraklığa toleransı geliştirmek için Tadmor çeşidinden kromozom 1, 2 ve 6'da yer alan ve kurağa tolerans sağlayan üç QTL bölgesi markör destekli seleksiyonla 2015-2018 yıllarında Baronesse çeşidine transfer edilmiştir. Hem QTL bölgeleri ve hem de diğer genom bölgeleri DNA markörleriyle takip edilmiştir. Hatlar ve ebeveyn çeşitler iki sera ve dört tarla denemesinde incelenmiştir. Çalışmada QTL1 bölgesi aktarılarak geliştirilen hatlar Baronesse çeşidine göre sera denemelerinde %4.7-7.7 arasında daha yüksek yaprak nispi su içeriğine sahip olmuşlardır. QTL1 bölgesi başaklanma süresi, başak boyu, olgunlaşma süresi ve 1000-tane ağırlığında küçük değişikliklere neden olurken, kurak şartlarda başakta tane sayısının 1.4 adet ve hasat indeksinin %4.7 daha yüksek olmasını sağlamıştır. QTL2 bölgesi Baronesse çeşidine nazaran yaprak nispi su içeriğinin sera denemelerinde %4.4-13.1 arasında, tarla denemelerinde ise ortalama %2.1 düzeyinde daha yüksek olmasını sağlamıştır. QTL2 tarla denemelerinde Baronesse çeşidinin başaklanma süresini 2.8 gün, bitki boyunu 4.2 cm ve olgunlaşma süresini 2.4 gün kısaltmış, metrekarede başak sayısını 134 adet ve hasat indeksini %4.5 artırmıştır. QTL2 bölgesi terminal kuraklık şartlarının oluşturulduğu Tokat Kapalı denemesinde Baronesse çeşidinin tane verimini %15 artırmıştır. QTL6 bölgesi en yüksek yaprak nispi su artışı sağlayan bölge olmuş, bu özelliği serada %7.1-15.9 arasında, tarla denemelerinde ise ortalama %2.4 düzeyinde artırmıştır. QTL6 bölgesi başaklanma süresinin iki gün gecikmesine ve SPAD indeksinin 1.6 birim daha yüksek olmasına yol açmıştır. QTL6 hatları ortalama 2.3 g daha az 1000-tane ağırlığına sahip olmalarına rağmen, diğer karakterler bakımından farklılık göstermemişlerdir. Sonuç olarak üç QTL bölgesinin de kuraklığa tolerans sağladığı belirlenmiştir. Geliştirilen hatlar, QTL'lerin aynı genotipte kombine edilerek etkileşimlerinin incelenmesi ve haritaya dayalı olarak klonlanmaları için değerli kaynaklar oluşturmaktadır. Çalışmanın sonunda QTL2 hattı kurağa toleransı geliştirilmiş çeşit adayı konumuna getirilmiştir.

2019, 103 Sayfa

**ANAHTAR KELİMELER:** Genomik seleksiyon, Kuraklığa tolerans, SSR, Yaprak nispi su içeriği

## **ABSTRACT**

**Ph.D. Dissertation**

### **INTOGRESSION OF BARLEY DROUGHT TOLERANCE QTL USING MARKER-ASSISTED SELECTION**

**İbrahim SAYGILI**

**TOKAT GAZIOSMANPASA UNIVERSITY  
GRADUATE SCHOOL OF NATURAL AND APPLIED SCIENCES**

**DEPARTMENT OF FIELD CROPS**

**SUPERVISOR: Prof. Dr. Nejdet KANDEMİR**

One of the most convenient ways to make a sustainable production under drought stress is to develop and use cultivars that can adapt to these conditions. In this study, three QTL in chromosomes 1, 2 and 6, which provide tolerance to drought, were transferred to Baronesse cultivar in order to improve drought tolerance in barley via marker assisted selection in 2015-2018 years. DNA markers were employed to monitor both transferred QTLs and barley genomic background. Lines and parent cultivars were examined in two greenhouse and four field trials. The lines developed by transferring the QTL1 region had 4.7-7.7% higher leaf relative water content than the cultivar Baronesse in greenhouse trials. The QTL1 region have resulted in small changes in heading time, spike length, maturation time and 1000-grain weight, and increased the number of grains per spike by 1.4 and harvest index by 4.7%. The QTL2 region increased relative water content of leaf by 4.4-13.1% in the greenhouse and by 2.1% field trials. In field trials, QTL2 shortened heading time by 2.8 days, plant height by 4.2 cm, maturity time by 2.4 days, increased spike number per square meter by 134 and harvest index by 4.5%. QTL2 region increased the grain yield of Baronesse cultivar by 15% in Tokat rain sheltered field trial where terminal drought conditions were established. QTL6 region provided the highest increase of leaf relative water content by 7.1-15.9% in greenhouse and by 2.4% in field trials. The QTL6 region delayed heading time by 2.0 days and increased SPAD index by 1.6. Although the QTL6 lines had 2.3 g less 1000-grain weight than cultivar Baronesse, they did not differ from cultivar Baronesse for other traits. As a result, it was concluded that three QTL regions were associated with drought tolerance. Developed lines constitute valuable resources for studying QTL interactions through combining them in the same genotype and for map-based cloning of these QTL. Besides, QTL2 lines are promising cultivar candidates with improved drought tolerance.

2019, 103 Pages

**KEYWORDS:** Genomic selection, Drought tolerance, SSR, Leaf relative water content

## ÖN SÖZ

Doktora eğitimim boyunca hayatıma farklı bir bakış açısı kazandıran, hem bilimsel anlamda hem de hayata dair tecrübeleriyle her zaman yoluma ışık tutan, gerek laboratuvar gerekse tarla ve serada edindiği tecrübeler sayesinde bütün araştırmalarımı pratik çözümlerle kolaylaştıran, kendimi geliştirmem için destekleyen, teşvik eden ve sıcak bir aile ortamındaki gibi samimi aynı zamanda bilimsel disiplin ile birlikte çalışma fırsatı sağlayan danışman hocam Prof. Dr. Nejdet KANDEMİR'e, lisans eğitimimden doktora eğitimime kadar emekleri olan, başta Prof. Dr. Güngör YILMAZ olmak üzere, Tarla Bitkileri Bölümü hocalarıma, tarla ve sera çalışmalarım esnasında desteklerini gördüğüm Dr. Öğr. Üyesi Mahir ÖZKURT, Dr. Öğr. Üyesi Ahmet KINAY, Arş. Gör. Kübra ÖZDEMİR, Arş. Gör. Şaziye DÖKÜLEN ve Tarla Bitkileri Bölümü öğrencilerine, bugün bulunmuş olduğum konuma gelmem için beni destekleyen, her türlü fedakârlık gösteren ve bana her an güvenen aileme, attığım her adımda desteğini, anlayış ve sevgisini eksik etmeyen eşim Zir. Yük. Müh. Vasfiye ILIKPINAR SAYGILI'ya ve varlığıyla hem engelimi hem de en büyük destekçim olan oğluma teşekkür ederim.

Bu araştırmayı destekleyen TÜBİTAK'a ayrıca teşekkür ediyorum.

**İBRAHİM SAYGILI**

**25 Ocak 2019**



## İÇİNDEKİLER

ÖZET .....	i
ABSTRACT.....	ii
ÖN SÖZ .....	iii
İÇİNDEKİLER .....	iv
SİMGELER VE KISALTMALAR .....	vi
ŞEKİL LİSTESİ.....	viii
ÇİZELGE LİSTESİ .....	x
1. GİRİŞ .....	1
2. KAYNAK ÖZETLERİ.....	4
3. MATERYAL VE YÖNTEM.....	17
3.1. Materyal .....	17
3.1.1. Bitki materyali .....	17
3.2. Yöntem.....	17
3.2.1. Bitki yetiştirme ve embriyo kültürü.....	17
3.2.2. İslah programı .....	18
3.2.3. DNA markörleri.....	19
3.2.4. Sera denemeleri.....	25
3.2.5. Tarla denemeleri .....	26
3.2.6. İstatistiksel analizler .....	31
4. BULGULAR VE TARTIŞMA .....	32
4.1. Genomik Seleksiyon ile Hatların Geliştirilmesi .....	32
4.1.1. F <sub>1</sub> ve GM <sub>1</sub> F <sub>1</sub> jenerasyonu .....	34
4.1.2. GM <sub>2</sub> F <sub>1</sub> jenerasyonu.....	35
4.1.3. GM <sub>3</sub> F <sub>1</sub> jenerasyonu.....	36
4.1.4. GM <sub>4</sub> F <sub>1</sub> jenerasyonu.....	37
4.1.5. GM <sub>4</sub> F <sub>2</sub> jenerasyonu.....	38
4.2. Sera Denemeleri.....	43
4.3. Tarla Denemeleri .....	47
4.3.1. Yaprak nispi su içeriği .....	49
4.3.2. Yaprak sıcaklığı .....	51

4.3.3. Kanopi sıcaklığı .....	53
4.3.4. SPAD indeksi.....	54
4.3.5. Başlangıç floresan değerleri ( $F_0$ ) .....	56
4.3.6. Maksimum floresan değerleri ( $F_M$ ).....	57
4.3.7. Değişken floresan değerleri ( $F_V$ ) .....	59
4.3.8. Maksimum PSII kuantum etkinliği değerleri ( $F_V/ F_M$ ).....	60
4.3.9. Başaklanma süresi.....	62
4.3.10. Olgunlaşma süresi.....	64
4.3.11. Bitki boyu .....	66
4.3.12. Yatma oranı.....	68
4.3.13. Başak boyu.....	69
4.3.14. Başakta tane sayısı .....	71
4.3.15. Metrekarede başak sayısı .....	72
4.3.16. Tane verimi .....	74
4.3.17. 1000-tane ağırlığı.....	76
4.3.18. Hektolitre ağırlığı.....	78
4.3.19. Biyolojik verim .....	80
4.3.20. Hasat indeksi.....	81
4.3.21. Tane protein oranı.....	83
5. SONUÇ.....	86
KAYNAKLAR .....	89
EKLER.....	97
ÖZGEÇMİŞ .....	103

## SİMGELER VE KISALTMALAR

<b>Simgeler</b>	<b>Açıklama</b>
°C	Santigrat derece
'	Dakika
μ	Mikro

<b>Kısaltmalar</b>	<b>Açıklama</b>
2,4-D	2,4-Diklorofenoksiasetik Asit
cm	Santimetre
cM	Santimorgan
DNA	Deoksiribonükleik Asit
da	Dekar
EC	Electrical conductivity (elektriksel iletkenlik)
F <sub>0</sub>	Başlangıç floresan
F <sub>M</sub>	Maksimum floresan
F <sub>V</sub>	Değişken floresan
g	Gram
GM	Geri melez
K <sub>2</sub> O	Potasyum Oksit
Kg	Kilogram
l	Litre
mg	Miligram
MgCl <sub>2</sub>	Magnezyum clorür
mM	Milimolar
ml	Mililitre
ng	Nanogram
nM	Nanomolar
MS	Murashige ve Skoog
P <sub>2</sub> O <sub>5</sub>	Fosfor Pentoksit
PS	Photosystem (foto sistem)

QTL	Quantitative Trait Locus (kantitatif karakter lokusu)
PZR	Polimeraz zincir reaksiyonu
RFLP	Restriction fragment length polymorphism (Kesilmiş parça uzunluk polimorfizmi)
RIL	Rekombinant inbred line (rekombinant kendilenmiş hat)
s	Saniye
SNP	Single nükleotid polymorphism (Tek nükleotid polimorfizmi)
SSR	Simple sequence repeat (basit dizi tekrarları)
STS	Sequence tagged sites (dizisi etiketlenen alanlar)
TAQ	<i>Thermus aquaticus</i>
TBE	Tris/Borat/EDTA
W	Watt

## ŞEKİL LİSTESİ

<b><u>Şekil</u></b>	<b><u>Sayfa</u></b>
Şekil 3.1. QTL'lere bağlı ve genetik arka plan markörleri.....	20
Şekil 3.2. Tokat Kapalı denemesinin farklı gelişme dönemleri.....	28
Şekil 4.1. GM <sub>1</sub> F <sub>1</sub> hatlarının QTL1 bölgesine bağlı Bmag217 SSR markörü ile taranması .....	35
Şekil 4.2. GM <sub>1</sub> F <sub>1</sub> hatlarının genetik arka plan seleksiyonu için kullanılan dört SSR markörü ile taranması. ....	35
Şekil 4.3. GM <sub>2</sub> F <sub>1</sub> hatlarının QTL1 bölgesine bağlı Bmag359 SSR markörü ile taranması .....	36
Şekil 4.4. GM <sub>3</sub> F <sub>1</sub> hatlarının QTL1 bölgesine bağlı Bmag516 SSR markörü ile taranması .....	37
Şekil 4.5. GM <sub>3</sub> F <sub>1</sub> hatlarının genetik arka plan seleksiyonu için Gbm1464 markörü ile taranması. ....	37
Şekil 4.6. GM <sub>4</sub> F <sub>1</sub> hatlarının QTL2 bölgesine bağlı GBM1459 markörü ile taranması .....	38
Şekil 4.7. GM <sub>4</sub> F <sub>2</sub> hatlarının QTL2 bölgesine bağlı Bmag518 markörü ile taranması .....	39
Şekil 4.8. QTL1 bölgesinin Tadmor çeşidinden transfer edilmesi ile geliştirilen GM <sub>4</sub> F <sub>2</sub> hattının genomik bileşimi .....	40
Şekil 4.9. QTL2 bölgesinin Tadmor çeşidinden transfer edilmesi ile geliştirilen GM <sub>4</sub> F <sub>2</sub> hattının genomik bileşimi .....	41
Şekil 4.10. QTL6 bölgesinin Tadmor çeşidinden transfer edilmesi ile geliştirilen GM <sub>4</sub> F <sub>2</sub> hattının genomik bileşimi. ....	42
Şekil 4.11. Serada kontrollü şartlarda Tadmor ve Baronesse çeşitleri ile geliştirilen ıslah hatlarının 1. denemede su uygulaması ve su stresi şartlarında nispi su içerikleri.....	45
Şekil 4.12. Serada kontrollü şartlarda Tadmor ve Baronesse çeşitleri ile geliştirilen ıslah hatlarının 2. denemede su uygulaması ve su stresi şartlarında nispi su içerikleri.....	45
Şekil 4.13. Tokat Kapalı denemesinde toprak nemi ve ebeveyn çeşitlerin başaklanma-olgunlaşma dönemleri .....	47
Şekil 4.14. Tokat Açık denemelerine ait yağış miktarları, toprak nemi ve ebeveyn çeşitlerin başaklanma-olgunlaşma dönemleri .....	48
Şekil 4.15. Tokat Açık Yazlık denemelerine ait yağış miktarları, toprak nemi ve ebeveyn çeşitlerin başaklanma-olgunlaşma dönemleri .....	48

Şekil 4.16. Erbaa Açık Yazlık denemesi yağış miktarları ve ebeveyn çeşitlerin başaklanma-olgunlaşma dönemleri .....	49
Şekil 4.17. Ebeveyn ve hatların yaprak nispi su içerikleri (%) .....	50
Şekil 4.18. Ebeveyn ve hatların yaprak sıcaklıkları (°C) .....	52
Şekil 4.19. Ebeveyn ve hatların kanopi sıcaklıkları (°C) .....	53
Şekil 4.20. Ebeveyn ve hatların SPAD indeksleri (SPAD birimi) .....	55
Şekil 4.21. Ebeveyn ve hatların başlangıç floresan değerleri $F_0$ (nispi birim). 57	
Şekil 4.22. Ebeveyn ve hatların maksimum floresan değerleri $F_M$ (nispi birim).....	58
Şekil 4.23. Ebeveyn ve hatların değişken floresan değerleri $F_V$ (nispi birim) 60	
Şekil 4.24. Ebeveyn ve hatların maksimum PSII kuantum etkinliği değerleri $F_V/F_M$ (nispi birim).....	61
Şekil 4.25. Ebeveyn ve hatların başaklanma süreleri (gün).....	63
Şekil 4.26. Ebeveyn ve hatların olgunlaşma süreleri (gün).....	65
Şekil 4.27. Ebeveyn ve hatların bitki boyu değerleri (cm).....	67
Şekil 4.28. Ebeveyn ve hatların yatma oranları (%).....	69
Şekil 4.29. Ebeveyn ve hatların başak boyları (cm) .....	70
Şekil 4.30. Ebeveyn ve hatların başakta tane sayıları.....	72
Şekil 4.31. Ebeveyn ve hatların metrekarede başak sayıları .....	73
Şekil 4.32. Ebeveyn ve hatların tane verimleri (kg/da) .....	75
Şekil 4.33. Ebeveyn ve hatların 1000-tane ağırlıkları (g).....	77
Şekil 4.34. Ebeveyn ve hatların hektolitre ağırlıkları (kg) .....	79
Şekil 4.35. Ebeveyn ve hatların biyolojik verimleri (kg/da) .....	81
Şekil 4.36. Ebeveyn ve hatların hasat indeksleri (%) .....	82
Şekil 4.37. Ebeveyn ve hatların tane protein oranları (%).....	84

## ÇİZELGE LİSTESİ

<u>Çizelge</u>	<u>Sayfa</u>
Çizelge 3.1. Embriyo kültürü için kullanılan modifiye MS ortamı.....	18
Çizelge 3.2. Çalışmada kullanılan DNA markörlerine ait bazı özellikler.....	21
Çizelge 3.3. Deneme alanlarının deneme yılı ve uzun yıllar iklim verileri.....	27
Çizelge 3.4. Deneme alanı toprak özellikleri.....	27
Çizelge 3.5. Tarla denemelerinin ekim ve hasat tarihleri.....	29
Çizelge 3.6. Tokat deneme alanının toprak nem içeriği (%). ....	29
Çizelge 4.1. Markörlere ait polimorfizm sonuçları .....	32
Çizelge 4.2. Markör destekli geri melez ıslah programında farklı jenerasyonlarda seçilen bitki ve incelenen markör sayıları ....	38
Çizelge 4.3. Geliştirilen Baronesse hatları ile ebeveynlerin yaprak nispi su içerikleri.....	44
Çizelge 4.4. Geliştirilen Baronesse hatları ile ebeveynlerin yaprak nispi su içerikleri (Tadmor çeşidi olmadan yapılan istatistik analize göre gruplandırma). ....	46
Çizelge 4.5. Ebeveyn ve hatların yaprak nispi su içerikleri (%). ....	50
Çizelge 4.6. Ebeveyn ve hatların yaprak sıcaklıkları (°C). ....	52
Çizelge 4.7. Ebeveyn ve hatların kanopi sıcaklıkları (°C). ....	53
Çizelge 4.8. Ebeveyn ve hatların SPAD indeksleri (SPAD birimi). ....	55
Çizelge 4.9. Ebeveyn ve hatların başlangıç floresan değerleri $F_0$ (nispi birim) .....	56
Çizelge 4.10. Ebeveyn ve hatların değişken floresan değerleri $F_V$ (nispi birim). ....	58
Çizelge 4.11. Ebeveyn ve hatların maksimum floresan değerleri $F_M$ (nispi birim). ....	59
Çizelge 4.12. Ebeveyn ve hatların maksimum PSII kuantum etkinliği değerleri $F_V/F_M$ (nispi birim). ....	61
Çizelge 4.13. Ebeveyn ve hatların başaklanma süreleri (gün).....	63
Çizelge 4.14. Ebeveyn ve hatların olgunlaşma süreleri (gün). ....	65
Çizelge 4.15. Ebeveyn ve hatların bitki boyu değerleri (cm). ....	66
Çizelge 4.16. Ebeveyn ve hatların yatma oranları (%). ....	68
Çizelge 4.17. Ebeveyn ve hatların başak boyu değerleri (cm). ....	70
Çizelge 4.18. Ebeveyn ve hatların başakta tane sayıları.....	71

Çizelge 4.19. Ebeveyn ve hatların metrekarede başak sayıları. ....	73
Çizelge 4.20. Ebeveyn ve hatların tane verimleri (kg/da). ....	75
Çizelge 4.21. Ebeveyn ve hatların 1000-tane ağırlıkları (g) ....	77
Çizelge 4.22. Ebeveyn ve hatların hektolitre ağırlıkları (kg) ....	79
Çizelge 4.23. Ebeveyn ve hatların biyolojik verimleri (kg/da) ....	80
Çizelge 4.24. Ebeveyn ve hatların hasat indeksleri (%). ....	82
Çizelge 4.25. Ebeveyn ve hatların tane protein oranları (%). ....	84
Çizelge Ek 1. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin sera denemelerindeki yaprak nispi su içeriğine ait varyans analiz sonuçları.....	96
Çizelge Ek 2. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin sera denemelerindeki yaprak nispi su içeriğine ait varyans analiz sonuçları (Tadmor çeşidi olmadan) .....	96
Çizelge Ek 3. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin yaprak nispi su içeriğine ait varyans analiz sonuçları.....	96
Çizelge Ek 4. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin yaprak sıcaklığına ait varyans analiz sonuçları.....	96
Çizelge Ek 5. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin kanopi sıcaklığına ait varyans analiz sonuçları .....	97
Çizelge Ek 6. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin SPAD indeksine ait varyans analiz sonuçları .....	97
Çizelge Ek 7. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin başlangıç floresan değerlerine ait varyans analiz sonuçları .....	97
Çizelge Ek 8. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin değişken floresan değerlerine ait varyans analiz sonuçları .....	97
Çizelge Ek 9. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin maksimum floresan değerlerine ait varyans analiz sonuçları .....	98
Çizelge Ek 10. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin maksimum PSII kuantum etkinliği değerleri ait varyans analiz sonuçları.....	98
Çizelge Ek 11. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin başaklanma süresine ait varyans analiz sonuçları .....	98
Çizelge Ek 12. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin bitki boyuna ait varyans analiz sonuçları.....	98
Çizelge Ek 13. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin olgunlaşma süresine ait varyans analiz sonuçları.....	99
Çizelge Ek 14. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin yatma oranına ait varyans analiz sonuçları.....	99
Çizelge Ek 15. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin başak boyu ait varyans analiz sonuçları .....	99



Çizelge Ek 16. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin başakta tane sayısı ait varyans analiz sonuçları.....	99
Çizelge Ek 17. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin metrekarede başak sayısı ait varyans analiz sonuçları.....	100
Çizelge Ek 18. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin tane verimine ait varyans analiz sonuçları .....	100
Çizelge Ek 19. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin 1000-tane ağırlığı ait varyans analiz sonuçları .....	100
Çizelge Ek 20. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin hektolitreye ağırlığına ait varyans analiz sonuçları .....	100
Çizelge Ek 21. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin biyolojik verime ait varyans analiz sonuçları .....	101
Çizelge Ek 22. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin hasat indeksine ait varyans analiz sonuçları .....	101
Çizelge Ek 23. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin tane protein oranına ait varyans analiz sonuçları .....	101

## 1. GİRİŞ

Bitkisel üretime zarar veren abiyotik stres faktörleri arasında ilk sırada kuraklık gelmektedir. Küresel iklim değişikliği nedeniyle yıl içerisinde düzensiz dağılım gösteren yağışlardan kaynaklanan kuraklığın etkisi gün geçtikçe artmaktadır. Bu etkinin ileriki yıllarda daha da artması beklenmektedir (Lakew ve ark., 2011). Çoğu yağışa bağlı olan tahıl üretim alanlarında genellikle nispeten yüksek sıcaklıkların da eşlik ettiği kuraklık şartları, bitkisel üretime önemli derecede zarar vermektedir. Değişen iklim koşullarında üretim yapabilmenin en uygun yollarından biri, bu şartlara uyum sağlayabilen çeşitler geliştirmek ve kullanmaktır.

Kuraklık stresi, sulama yapılmadan yetiştirilen ürünlerin verimliliğini olumsuz etkilemesi nedeniyle önemli bir risk oluşturmaktadır. Kuraklığın olumsuz etkisi sulama yapma ve toprak-su yönetimi gibi çeşitli kültürel işlemlerle giderilebilse de bu uygulamalar yağışa bağlı tarım alanlarında yetiştirilen ürünlerde ekonomik olmamaktadır. İklim değişiklikleri sonucu kuraklığın etkisinin daha da artacağı dikkate alındığında, yağışa bağlı tarım alanlarında üretime devam edebilmenin en ümit verici yolu genetik tolerans mekanizmalarının kullanılmasıdır.

Kültürü yapılan bitkilerde kuraklığa tolerans mekanizmaları kuraklıktan kaçış, kuraklıktan sakınma ve kuraklık toleransı olarak üçe ayrılır (Blum, 2011). Kuraklığa tolerans mekanizmalarının çok sayıda küçük etkili gen ve QTL ile yönetilmesi (Fleury ve ark., 2010), yüksek sıcaklık gibi diğer çevresel etmenlerden etkilenmeleri ve ölçümlerinin zor olması nedeniyle, kuraklığa tolerans ıslahı kolay bir ıslah hedefi değildir ve ıslah süreci yavaş ilerlemektedir. Bu hedefin gerçekleştirilebilmesi, daha hızlı ve kolay yapılabilmesi klasik bitki ıslahına modern biyoteknoloji metotlarının entegre edilmesi ile gerçekleştirilebilir.

Türkiye’de arpa, serin iklim tahılları içerisinde ekim alanı ve üretim miktarı bakımından ikinci sırada yer almaktadır. Çoğunlukla yemlik ve kısmen maltlık olarak kullanılan arpanın son yıllarda gıda amaçlı kullanımı da giderek artmaktadır. Tanenin yüksek protein oranı arpayı yem amacı için daha uygun yaparken, yüksek enzim aktivitesi ve kavuzları arpayı malt üretimi için en uygun tahıl yapmaktadır (Ullrich, 2011). Arpa

çoğunlukla sulanmadan yetiştirilen bir üründür. Arpa diğer serin iklim tahıllarına nazaran kış şartlarından daha fazla zarar gördüğü için, ya kışları çok soğuk olmayan ılıman bölgelerde kışlık, ya da kışları soğuk geçen bölgelerde yazlık ekilmektedir. Bu gibi bölgelerde yağış rejiminin düzensiz olması ve arpanın kuraklığa en hassas olduğu geç dönemlerde yağışın yetersizliği sonucu ortaya çıkan kuraklık stresi arpa üretimini olumsuz etkilemektedir. Söz konusu bölgelerde kuraklık stresinden daha az etkilenecek çeşitlerin geliştirilmesi ve kullanılması verim kaybını azaltacak, dolayısıyla üretimi artıracaktır.

Bitki ıslahına bitki biyoteknolojisinin entegre edilmesi klasik bitki ıslahı metodolojisini değiştirmiştir. Bu değişiklikler hem tarımsal karakterlere etki eden genlerin belirlenmesini, hem de bitki ıslahında jenerasyon ilerletmeyi kolaylaştırmıştır. Bağlantı haritaları ile genlerin kromozom üzerindeki konumlarını tam olarak belirleyebilme, bitki ıslahında erken fide döneminde homozigot-heterozigot bireyleri ayırt edebilme, birden fazla gen aktarabilme ve kantitatif karakterleri kalitatif karakter gibi izleyebilme fırsatı sağlamıştır. Aynı zamanda aktarılan gen ile bağlantı sürüklenmesi (linkage drag) sonucu gelen istenmeyen genlerin en az düzeyde olmasını ve birden fazla genin eş zamanlı aktarılmasını klasik metotlara göre çok daha kolay hale getirmesi bitki ıslahına entegre edilen bitki biyoteknolojisinin sağladığı avantajlardır. Bu gibi avantajlar klasik bitki ıslahındaki bazı zorluk ve aşılması güç karmaşıklıkların üstesinden gelmeye imkân sağlamaktadır. DNA markörleri bitki ıslahının hızını da artırmaktadır. Üç geri melezleme ve genetik arka plan seleksiyonunun kullanılmasıyla tekrarlanan anacın genomu klasik metoda göre üç-beş jenerasyon daha erken bitirilerek %99 düzeyinde geri kazanılabilmektedir (Kim ve ark., 2008). Şüphesiz DNA markörlerinin tarımsal üretime en büyük katkısı, bitki ıslahındaki etkinliği artırmaları ve ıslah sürecini hızlandırmalarıdır.

Arpada kuraklığa tolerans ile ilgili çok sayıda çalışma mevcuttur. Kuraklık ile ilişkili morfolojik ve fizyolojik özellikler (Diab ve ark., 2004; Chen ve ark., 2010), SPAD indeksi ve klorofil floresan parametreleri (Guo ve ark., 2008), verim ve gelişme özellikleri (von Korff ve ark., 2008), agronomik özellikler (Baum ve ark., 2003; Honsdorf ve ark., 2014a) ozmotik ayarlama, nispi su içeriği ve karbon izotop diskriminasyonu (Teulat ve ark., 2001a, 2002, 2003) gibi karakterleri belirleyen QTL'lerin konumları

haritalama çalışmalarında belirlenmiştir. Bunlar arasından gerçek tarla şartlarında belirlenmiş olmaları, diğer karakterlere göre kuraklık toleransı ile daha yakından ilişkili olmaları, aynı zamanda kuraklığa tolerans sağlayan allellerin kısmen de olsa ıslah edilmiş bir çeşitte bulunması ve kuraklığa tolerans ile ilgili QTL'lerin aynı zamanda tarımsal karakterleri de olumlu etkilemesi Tadmor x Er/Apm haritalama popülasyonunda belirlenen QTL'leri genomik destekli bitki ıslahı için daha uygun yapmaktadır.

Genomik destekli bitki ıslahı kuraklık görülen çevre şartlarına adapte olmuş, yüksek verimli çeşitler geliştirmek için etkili ve hızlı bir yaklaşımdır. Bu çalışmanın amacı kuraklığa tolerans sağlayan üç QTL bölgesinin genomik seleksiyon ile aktarılmasıyla, kuraklık toleransının, dolayısıyla da verimin artırılmasıdır. Tahıllar için genetik model olan arpada, kuraklık ile ilgili çok sayıda haritalama çalışması bulunmasına karşın, kuraklık toleransı ile ilişkili olduğu belirlenen QTL veya genlerin bitki ıslahında kullanıldığı çalışma bulunmamaktadır.

## 2. KAYNAK ÖZETLERİ

Kuraklık, bitkisel üretimi dünya çapında olumsuz etkileyen önemli bir çevresel stres faktörüdür. Abiyotik stres faktörleri arasında, en karmaşık ve tahrip edici olanı kuraklıktır (Pennisi, 2008) ve iklim değişiklikleri sonucu şiddetinin artması beklenmektedir (Lakew ve ark., 2011). Kuraklık stresinden dolayı meydana gelen en büyük kayıplar yağışa bağlı şartlarda yetiştirilen tarım ürünlerinde görülmektedir. Kuraklığın etkisini azaltmada daha ekonomik, etkili ve sürdürülebilir yollardan biri kuraklığa toleranslı çeşitler geliştirmektir. Kalıtımının karmaşık olmasından ve birçok faktörün etki etmesinden dolayı kuraklığa tolerans zor bir ıslah hedefidir. Bu sebeple, kuraklık toleransı konusunda etkili ve hızlı sonuçlar elde edilmesi klasik bitki ıslahından daha fazlasını gerektirmektedir.

Türkiye’de bitkisel üretimin büyük çoğunluğu doğal yağışlara bağlı olarak yapılmaktadır. Yarı kurak iklim kuşağında olan ülkemizde, kuraklık etkisini ciddi şekilde göstermektedir (Turan, 2018). Tahıllar insan ve hayvan beslenmesinde önemli bir paya sahiptir. Tarımsal üretimimizde serin iklim tahılları çoğunlukla yağışa bağlı yetiştirilmektedir. Gıda güvenliği riskinin azalması için kuraklığın olumsuz etkilerinin gittikçe arttığı bu alanda üretimin sürdürülmesi görevi önemli bir zorluk arz etmektedir.

Serin iklim tahılları içerisinde arpa, Türkiye’de büyük ölçüde yem amacı ile yetiştirilir. Arpa yüksek adaptasyon yeteneği, tanesinin kaliteli bir yem kaynağı olması ve yüksek enzim aktivitesi ile kavuzlarının malt üretimi için daha uygun olmasından dolayı neredeyse dünyanın her yerinde üretilmekte veya kullanılmaktadır (Ullrich, 2011). Geleneksel olarak sulama yapılmadan yetiştirildiğinden kuraklık stresinden oldukça etkilenmektedir. Uzun yıllar iklim verilerine göre, gelişme dönemlerinde dengesiz ve/veya yetersiz olan yağışlar ile meydana gelen kuraklık, arpanın verimliliğini kısıtlamaktadır.

Kuraklık toleransı çok sayıda küçük etkili gen tarafından yönetilen karmaşık kalıtıma sahip bir karakterdir. Bitki fenolojisindeki farklılıklardan (Mir ve ark., 2012) ve yüksek sıcaklık gibi diğer çevresel etmenlerden (Fleury ve ark., 2010) etkilenen, ölçümü ya da gözlemlenmesi zor olan (Lakew ve ark., 2011) ve iklimsel olaylara bağlı (Rashid ve ark.,

1999) olan kuraklık, ıslahı çok zor bir karakterdir. Kuraklığın olumsuz etkisi nispeten sulama yapma veya mevcut suyun yönetimi gibi çoğunlukla pahalı olan metotlar kullanılarak giderilebilse de genetik tolerans mekanizmalarının kullanılması ekonomik açıdan daha etkilidir ve çevresel olarak daha sürdürülebilirdir.

Bitkilerin kuraklıktan daha az etkilenmelerini sağlayan birçok özellikleri vardır ve bu özellikler bitki ıslahı metotlarıyla diğer bazı bitkilere de aktarılabilir. Kuraklıktan daha az etkilenmenin büyük çoğunluğu kuraklıktan kaçma, kuraklıktan sakınma ve kurak şartlara tolerans şeklinde görülür (Blum, 2011). Bunların yanında genetik mühendisliği ile ilgili farklı mekanizmaları içeren çalışmalar da bulunmaktadır (Lawlor, 2013). Literatürdeki en yaygın ve en etkili olanı ise kuraklıktan sakınma ile kuraklığa tolerans sağlamaktır.

Kuraklıktan kaçma, kurak şartlar gelmeden veya geçtikten sonra suyun mevcut olduğu dönemde bitkilerin yaşam döngüsünü tamamlaması için geliştirilen yolların tamamıdır (Yue ve ark., 2006). Debaeke ve Aboudrare (2004) erken çiçeklenmenin terminal kuraklık stresi üzerinde etkili olduğunu belirtmişlerdir. Kurak periyodun kardeşlenme-sapa kalkma döneminde gerçekleştiği bölgelerde ise başaklanma döneminin uzatılması da suya ulaşma anlamında kuraklığa tolerans sağlamaktadır (Xu ve ark., 2005). Olgunlaşmanın erken olması da kuraklık stresinden bir kaçış yoludur (Rosales-Serna ve ark., 2004).

Bitkinin kurak şartları tolere edebilmesi stres şartlarında hücre içerisindeki metabolik olayları düzenlemesi ile ilgilidir. Kuraklık şartlarına tolerans ozmotik ayarlama, antioksidan kapasitesi ve prolin gibi hücresel maddelerin artırılmasıyla sağlanabilmektedir (Lawlor, 2013). Arpada ozmotik ayarlama, yaprak su potansiyelinin azaldığı dönem boyunca hücrede iyonların, şekerlerin, amino asit gibi çözünenlerin birikmesinden dolayı (Cattivelli ve ark., 2007) hücre içerisindeki ozmotik bir azalma olarak tanımlanır (Teulat ve ark., 1998). Bu sayede bitki düşük toprak neminde hücre turgorunu devam ettirebilir. Bu durumun sadece yaşamsal süreçleri devam ettirmediği, aynı zamanda kuraklık stresi şartlarında verimi artırdığı ve verim stabilitesi de sağladığı bildirilmiştir (Santamaria ve ark., 1990).

Kuraklık tolerans mekanizmaları içerisinde en yaygın ve etkili olanı kuraklıktan sakınmadır. Kuraklıktan sakınma bitkinin su kaybını azaltması ve topraktan su alımını artırması şeklinde gerçekleşmektedir (Fang ve Xiong, 2015). Bitkilerin kök uzunluğu, kök sayısı ve köklerin dallanmasının teşvik edilmesiyle topraktan su alımının artırılması mümkündür (Mir ve ark., 2012). Bununla birlikte hücrenin karbonhidrat içeriğini artırma, bayrak yaprak kıvrılmasını sağlama, yaprak mumluluğu, stoma iletkenliği ve kütikula kalınlığı gibi karakterler de bitkinin su kaybını azaltmak için kullanılmaktadır. Kuraklıktan sakınma, toprakta suyun bol olduğu dönemden sonra kuraklığın geldiği çevrelere uygun bir kuraklık tolerans mekanizması olarak değerlendirilebilir.

Kurak şartlarda tane verimini koruyan genotipler, toleranslı olarak kabul edilir. Kuraklıkla ilişkili olan nispi su içeriği gibi karakterler tane verimi ile de ilişkilidir (Teulat ve ark., 2003). Bitki metabolizması, yaprak nispi su içeriği ile belirlenen yaprak su durumuna bağlıdır. Kuraklık şartları altında bitkinin su içeriğini yüksek tutması, metabolik faaliyetlerini devam ettirebilmesi için önemlidir. Yaprak nispi su içeriği, kuraklık stresi altında bitki su durumunun önemli bir göstergesidir (Dhanda ve Sethi, 1998). Teulat ve ark. (1997) yaprak nispi su içeriği ile tane verimi arasında pozitif bir korelasyon belirlemiş, Matin ve ark. (1989) da yaprak nispi su içeriğinin kuraklığa toleranslı arpa genotiplerini seçmek için kolay bir metot olduğunu bildirmişlerdir.

Bitkiler büyüme ve gelişme gibi faaliyetlerini devam ettirmek ve verimliliklerini artırmak için fotosentezi devam ettirmek zorundadır. Bitkilerin çiçeklenmesinden sonra fotosentez kapasiteleri ile verim doğrudan ilişkilidir (Liang ve ark., 2018). Kuraklık şartları altında mevcut fotosentez kapasitesini devam ettirmesi, bu stresten dolayı ürün veriminin azalmasını engeller. Fotosentez için başlıca kloroplast unsurlarından biri olan SPAD indeksi fotosentez oranı ile pozitif ilişkilidir (Guo ve ark., 2008). Bitkilerin kurak şartlarda SPAD indeksinin yüksek olması, fotosentez oranının yüksek olduğunu gösterir. Rong-hua ve ark. (2006) kurak şartlarda, kurağa toleranslı arpa çeşitleri olan Tadmor ve Arta'da SPAD indeksindeki azalmanın, kuraklığa toleranslı olmayan Morocco9-75 ve W12291 çeşitlerinden daha az olduğunu ve bunun tane verimi ile pozitif bir ilişki gösterdiğini belirlemişlerdir. Bu nedenle, yaprak SPAD indeksini belirlemek, kurak şartlarda arpanın kuraklık stresine tepkisini değerlendirmek için hızlı ve etkili bir yöntemdir.

Fotosentez oranının yüksek olması bitkide daha yüksek performans anlamına gelir. Bu yüzden kuraklık stresi altında fotosentezin değerlendirilmesi, kuraklığa toleranslı genotiplerin belirlenmesinde önemli bir rol oynayabilir (Kalaji ve ark., 2018). Klorofil floresan parametreleri hem fotosentez mekanizmasının esaslarını anlamak hem de bitkilerin çevresel değişikliklere nasıl tepki verdiğini ölçmek için kullanılmaktadır (Murchie ve Lawson, 2013). Klorofil florometre ile kolaylıkla ölçülen başlangıç floresan ( $F_0$ ), maksimum floresan ( $F_M$ ), değişken floresan ( $F_V$ ) ve maksimum PSII kuantum etkinliği ( $F_V/F_M$ )'den oluşan ölçümler, ışık enerjisinin kullanım derecesi ve aşırı ışığa bağlı oluşan zarar hakkında bilgi vermekte ve kuraklık toleransını belirlemek için kullanılmaktadır (Maxwell ve Johnson, 2000). Klorofil floresan ölçümleri, bitki stres tepkilerini belirlemek için kullanılan diğer verilere göre daha hassastır (Wojcik-Jagla ve ark., 2018). Guo ve ark. (2008) kurak şartlarda, toleranslı olmayan *Hordeum spontaneum* 41-1 hattında klorofil floresan parametrelerinin tamamındaki azalmanın, toleranslı arpa çeşidi Arta'da daha fazla olduğunu belirlemişlerdir. Kurak olmayan şartlarda benzer etkiyi göremeyen araştırmacılar, bu parametrenin kurak şartlarda etkili bir seleksiyon aracı olabileceğini bildirmişlerdir.

Bitkilerin kuraklığa tepkisini ölçmek için kullanılan metotlardan biri de yaprak sıcaklığıdır. Kuraklık stresinde bitkiler stomalarını kapattığı için transpirasyon vasıtasıyla buharlaşan suyun serinletme etkisi azalır. Bu durum daha yüksek yaprak sıcaklığına neden olur (Jones, 2004). Bu iyi gibi görünse de kuraklığa yüksek sıcaklıkların da eşlik ettiği şartlarda bitki gelişimini olumsuz etkiler (Silva ve ark., 2007). Halbuki kuraklık stresinde, uygun yaprak su içeriğini devam ettirebilen genotipler stomalarını kapatmayıp, transpirasyon vasıtasıyla soğumayı devam ettirir. Düşük yaprak sıcaklığına sahip genotipler daha fazla fotosentez yapabildiği için verimleri daha yüksek olabilir. Bu yüzden düşük yaprak sıcaklığı ve kuraklık toleransı arasındaki bu negatif ilişki, kuraklık toleransını değerlendirmek için kullanılmaktadır (Liu ve ark., 2011).

Bitkilerde kuraklığa toleransı değerlendirmenin bir diğer yolu kanopi sıcaklığının belirlenmesidir. Kuraklık stresi altında gelişen bitkilerin kanopi sıcaklığının yeterli suyun bulunduğu şartlarda yetiştirilen bitkilere göre daha yüksek olduğu bilinmektedir (Gonzalez-Dugo ve ark., 2006). Yüksek stoma iletkenliği ile bağlantılı olan daha serin



kanopi sıcaklığının kuraklık olmayan çevrelerde buğdayda daha yüksek verim ile sonuçlandığı belirlenmiştir (Fischer ve ark., 1998). Lu ve ark. (1998) stomanın kurak şartlarda daha çok açık olması ve daha yüksek transpirasyondan dolayı kanopinin daha serin olması verim artışlarının gerçek sebebi olabileceğini bildirmişlerdir. Kuraklık stresi altında verim kayıpları daha fazla olan hassas genotipler gün ortasında daha sıcak kanopi sıcaklığına sahip olma eğilimindedirler (Rashid ve ark., 1999). Bu açıdan değerlendirildiğinde toleranslı genotiplerin daha serin bir kanopi oluşturacağı düşünüülerek, kanopi sıcaklığının belirlenmesi kuraklığa toleransın değerlendirilmesi için alternatif bir yöntem olarak kullanılabilir.

Günümüz bitki ıslahı projelerinin çoğunluğunda, sürecin en önemli hedeflerinden biri hız olmuştur. Markör destekli geri melezleme ıslahında tekrarlanan anacın genomunun büyük oranda geri kazanılması için altı jenerasyon (başlangıç melezlemesi, üç geri melez, kendileme ve tarla denemeleri için tohum çoğaltma) yeterlidir. Islah programında seranın kullanılması, yılın her mevsiminde bitki yetiştirilmesine olanak sağlamaktadır. Sera koşullarında arpada yılda üç jenerasyon ilerleyebilmek mümkündür. Markör destekli bitki ıslahı sera ile desteklendiğinde ıslah programının, tarla denemeleri dışında iki yılda bitirilmesi mümkündür.

Modern bitki biyoteknolojisi, klasik bitki ıslahına sadece DNA markörleri ile değil aynı zamanda bitki doku kültürü teknikleriyle de destek sağlamaktadır. Tahıllarda doku kültürü için yaygın olarak kullanıma sahip olan embriyolar, bitki ıslahının süresinin kısaltılmasında da kullanılmaktadır. Döllenmeyi izleyen 20-22 gün içerisinde kültüre alınan embriyolardan dört gün sonra saksılara aktarılacak fideler geliştirilebilmektedir. Normal durumda ise döllenmeden sonra yeni bir fidenin gelişmesi, tohumun olgunlaşması, kurutulması ve dormansi kırma gibi işlemler yaklaşık 45-50 gün almaktadır (Zheng ve ark., 2013). Embriyo kültürü bu süreçleri gerektirmediği için yeni jenerasyon yaklaşık 40 güne kadar daha erken başlatılabilmektedir. Bu sayede sera şartlarında yılda üç jenerasyon üretilebilen (Forster ve ark., 2014) arpa bitkisinin yaşam döngüsü daha kısa sürede tamamlanarak yılda 6-7 jenerasyon alınabilmektedir.

Bitki ıslahının süresi bitki yetiştirme tekniklerindeki modifikasyonlarla da kısaltılabilir. Sınırlı sulama, yoğun ışık, kısmen yüksek sıcaklık, toprak karışımının düzenlenmesi ve

az gübreleme şartlarında bitkiler strese girer ve daha erken generatif döneme geçerler. Bu durum bitki ıslahında jenerasyonlar arası sürenin kısaltılması için kullanılabilir. Zheng ve ark. (2013) embriyo kültürü ile birlikte 25 °C gündüz (16 saat), 22 °C gece (8 saat) sıcaklığında, 500  $\mu\text{mol}/\text{m}^2/\text{s}$  ışık yoğunluğunda %50 kum ve %50 torf içeren 80-120  $\text{cm}^3$ 'lük küçük saksılarda bitkilerin daha kısa sürede yaşam döngülerini tamamladığını belirlemişlerdir. Bitki yetiştirme tekniklerindeki değişiklikler genomik seleksiyon ile birlikte, bitki ıslahı programı daha kısa sürelerde tamamlanabilir.

Klasik bitki ıslahı aşılması zor güçlüklerle doludur. Bitki ıslahı metodu ve destekleyici sistemlerin tercihi, bitki ıslahını daha kolay hale getirebilir. Mevcut bir çeşidi bir ya da birkaç özellik bakımından geliştirmek için kullanılan geri melezleme ıslahı kuraklığa toleransın geliştirilmesi için oldukça uygundur. Kuraklığa tolerans karmaşık bir kalıtıma sahiptir. Kuraklığa toleranslı çeşit geliştirmek için markör destekli geri melezleme, markör destekli tekrarlamalı seleksiyon ve genomik seleksiyon gibi moleküler ıslah yaklaşımlarının entegre edilmesi tavsiye edilmektedir (Mir ve ark., 2012). Bir karaktere etki eden gen ya da genlerin lokuslarını izleme imkânı veren DNA markörleri, zor olan bitki ıslahı hedefinin başarılmasında önemli avantajlar sunmaktadır. Karmaşık kalıtıma sahip olan kuraklık toleransı gibi karakterlerin DNA markörleriyle kalitatif karakterler gibi izlenmesinin sağlanması bitki ıslahı sürecini kolaylaştırmaktadır. Markör destekli geri melezleme, tekrarlanan anacın genomunun büyük oranda geri kazanılmasına büyük katkı sağladığı için bu gibi bitki ıslahı programlarının önemli bir destekleyicisi haline gelmiştir.

Markör destekli geri melezleme ıslahının birkaç farklı tipi vardır. Islah programı içerisinde kullanılacak DNA markörü sayısı, markör destekli bitki ıslahının tipini önemli ölçüde etkiler. Çok sayıda DNA markörünün kullanma imkânı olmadığı durumlarda sadece ilgili gen bölgesi markör destekli seleksiyonla seçilir. İlgili gen bölgesinin seleksiyonu için geni iki yönden çevreleyen iki DNA markörü kullanmak yeterli olacaktır (Francia ve ark., 2005). Bu uygulama klasik geri melezleme ıslahındaki jenerasyon sayısını azaltmaz, sadece erken dönemde daha kolay fenotipleme yapılmasını sağlar. Tekrarlanan anacın genomunu %99 kazanmak için yine en az altı jenerasyon geri melezleme yapmak gereklidir.

DNA markörleri bitki ıslahına farklı şekillerde destek vermektedir. Markör destekli geri melezleme ıslahı, sadece ilgili gen bölgesini taşıyan bireylerin değil, aynı zamanda tekrarlanan anacın genomik bölgelerinin (genetik arka plan) de seçimine (genomik seleksiyon) imkân sağlar (Kim ve ark., 2008). Bu ıslah programı tekrarlanan anacın genomunun hızla geri kazanılmasını sağlayıp, ıslah sürecini önemli düzeyde kısaltmaktadır. İlgili gen bölgesi ile birlikte genomun DNA markörleriyle izlenmesiyle, tekrarlanan anacın genomunu %99 kazanmak için üç geri melezleme jenerasyonu ya da daha azı yeterli olacaktır (Hossain ve ark., 2018). Bu ıslah sürecinin üç jenerasyon daha erken bitmesini sağlar. Aynı zamanda geliştirilen hatlarda ilgili gen bölgeleri dışında olası kalabilecek diğer gen bölgelerinin şüphesini en aza indirmektedir. Bu nedenle geliştirilen hat ile ebeveyn hat arasında gözlenen farklılıklar sadece aktarılan QTL bölgesine atfedilebilir (Chen ve ark., 2012). Bu durum karakterlerin daha detaylı incelenmesine imkân vermektedir.

Genomik seleksiyonun başarılı birçok örneği vardır. Arpada nişasta kalite özelliklerinin geliştirilmesi (Howell ve ark., 2014), buğdayda tane protein oranının artırılması (Vishwakarma ve ark., 2016) için yürütülen çalışmalarda genetik arka planın seleksiyonu ile tekrarlanan anacın genomunu kazanmak için 2-4 geri melez jenerasyonunun yeterli olacağı saptanmıştır. Rahman ve ark. (2018) çeltikte su basmasına tolerans için yürüttükleri çalışmalarında, her kromozomda yaklaşık altı SSR markörü ile gerçekleştirdikleri genomik seleksiyon ıslahında, üç geri melez ile tekrarlanan anacın genomunu %95 geri kazanarak ıslah programını tamamlamışlardır. Genomik seleksiyonda kullanılacak markör sayısı artırıldığında, daha az jenerasyon ile bitki ıslah süreci tamamlanabilir. Mısırdaki tane besleyiciliğini artırmak için kromozom başına ortalama 7.4 genetik arka plan markörü kullanan Hossain ve ark. (2018) tekrarlanan anacın genomunu %98 geri kazandıkları iki geri melez jenerasyonu ile ıslah sürecini tamamlamışlardır. Bu çalışmaların ışığında her kromozom için 5-7 markör kullanılarak tüm genomun taranması sayesinde, geri melezleme ıslahında tekrarlanan anacın genomunu geri kazanmak için 3-4 jenerasyon geri melezleme yeterli olacaktır.

Arpada çok sayıda DNA markörü ile kapsamlı genetik haritalar hazırlanmıştır (Ramsay ve ark., 2000; Hearnden ve ark., 2007; Varshney ve ark., 2007). Bu haritalarda çok sayıda markör tipi (SSR, RFLP, STS, SNP) bulunmaktadır. Bu markörler farklı haritalar

arasında transfer edilebilmektedir. Bu markör tipleri DNA markörleri içinde polimeraz zincir reaksiyonuna dayalı olanlardan SSR (mikrosatellit) markörleri, bitki genomlarında oldukça bol olmaları, kodominant olmaları, polimorfizm düzeylerinin yüksek, güvenilir, ucuz ve uygulamasının kolay olmasından dolayı diğer markör sistemlerine göre markör destekli seleksiyonda yaygın olarak kullanılmaktadır (Castro ve ark., 2003; Kim ve ark., 2008; Vishwakarma ve ark., 2016). Diğer markör tiplerine göre otomasyona daha uygun ve güvenilir olmasından dolayı genetik haritalarda çoğunlukla SSR markörleri kullanılmaktadır (Ramsay ve ark., 2000; Varshney ve ark., 2007). Bu durum polimorfik SSR markörlerinin yeterli olmadığı durumlarda alternatif markörler sağladığından bitki ıslahının süreci ve etkinliği bakımından önemli bir etkiye sahiptir.

Arpada kuraklığa toleransla ilgili çok sayıda haritalama çalışması olmasına rağmen markör destekli seleksiyonla kuraklığa toleransı geliştirilen bir çeşit yoktur. Sadece yabani arpa hatlarının kuraklık ile ilgili gen bölgelerinin araştırılması için yürütülmüş birkaç araştırma vardır (Honsdorf ve ark., 2014a; Talame ve ark., 2004). Rai ve ark. (2018) buğdayda markörler ile desteklenen gen bölgesi ve genetik arka planın seleksiyonu ile kuraklığa toleransın geliştirilmesi için yürüttükleri çalışmada, geliştirdikleri hattın, yüksek SPAD indeksi ve düşük kanopi sıcaklığına sahip olduğunu belirlemişlerdir. Ayrıca araştırmacılar geliştirdikleri hattın, tekrarlanan anacın tane verimine benzer verim vererek kuraklığa toleransının geliştirildiğini belirlemişlerdir. Çeltikte yürütülen benzer çalışmalarda da geliştirilen hatların suyun daha az olduğu dönemlerde ebeveyne göre daha yüksek performans gösterdiği belirlenmiştir (Cui ve ark., 2018; Sandhu ve ark., 2018). Yürütülen sınırlı sayıda araştırılardan gelen sonuçlara göre, markör destekli seleksiyonun kuraklığa toleransın geliştirilmesinde başarıyla kullanılabileceği görülmektedir.

Markör destekli seleksiyonda bir karaktere etki eden gen bölgesinin kullanılabilmesi için ilk önce genin haritalanması ve bölgeye bağlı DNA markörlerinin belirlenmesi gerekmektedir. Arpada kuraklığa tolerans ile ilgili birçok QTL haritalama çalışması bulunmasına rağmen (Teulat ve ark., 1998; Baum ve ark., 2003; Tondelli ve ark., 2006; Chen ve ark., 2010), belirlenen QTL'lerin bitki ıslahında kullanımını bildiren bir araştırma yoktur. QTL haritalamasının çok olmasına rağmen pratikte kullanımının çok az olduğu Xu ve Crouch (2008) tarafından da belirtilmiştir. Bu durum ilgili karakterin çok

sayıda gen/QTL ile kontrol edilmesinden kaynaklanmış olabilir. Nitekim Mir ve ark. (2012) arpada araştırılan kuraklıkla ilişkili sadece bir karaktere etki eden 5-74 arasında QTL belirlendiğini bildirmişlerdir. Buna rağmen markör destekli seleksiyon kuraklığa tolerans gibi çok gen ile yönetilen, gözlemleri zor, çevreden çok etkilenen karakterler için uygun görülmektedir (Xu ve Crouch, 2008).

Arpada kuraklık toleransı sağlayan gen bölgelerinin belirlenmesi için yürütülen detaylı haritalama çalışmaları mevcuttur. Bu bölgelerin haritalanmasında Tadmor x Er/Apm (Teulat ve ark., 1997, 1998, 2001a, 2001b, 2002, 2003; This ve ark., 2000; Diab ve ark., 2004; Forster ve ark., 2004; von Korff ve ark., 2008) Arta x *Hordeum spontaneum* 41-1 (Baum ve ark., 2003; Guo ve ark., 2008; Lakew ve ark., 2011, 2013), Scarlett x ISR42-8 (Naz ve ark., 2012, 2014; Arifuzzaman ve ark., 2014; Honsdorf ve ark., 2014a, 2014b, 2017), Nure x Tremois (Tondelli ve ark., 2006; Francia ve ark., 2011; Tondelli ve ark., 2014) ve WQ23-38 x MA10-30 (Suprunova ve ark., 2007; Chen ve ark., 2010) popülasyonları kullanılmıştır. Bu araştırmalarda kuraklık tolerans alleleri taşıyan genotipler arasında kültür çeşidi (Nure), yerel çeşit (Tadmor) ve yabancı türler (*Hordeum spontaneum* 41-1, ISR42-8, WQ23-38) bulunmaktadır.

Bitki ıslahında gen kaynağı tercihi, hedef genle birlikte gelen ve istenmeyen genlerin, aktarılacak çeşidin karakteristik özelliklerini olumsuz etkilememesine bağlıdır. Kültür çeşitleri bağlantı ile birlikte gelen istenmeyen genleri en az seviyede taşıması bakımından tercih edilse de varyasyonları oldukça düşüktür. Yerel çeşitler genetik varyasyon bakımından oldukça zengin olmalarına rağmen, bu varyasyonun kullanılabilmesi için karakterize edilmesi gerekmektedir (Kandemir ve ark., 2010). Yabancı türlerde genetik varyasyonlar oldukça yüksek olup, özellikle abiyotik stres toleransı konusunda zengin gen kaynaklarıdır (Chen ve ark., 2010). Ancak istenmeyen genler yabancı türlerde çok fazladır. Bu yüzden karakterize edilmiş bir yerel çeşit, varyasyonu daha yüksek bir yabancı hattan daha iyi bir gen kaynağıdır.

Bir karaktere etki eden gen bölgesinin markör destekli bitki ıslahında kullanılmasının ilk şartı, harita konumunun biliniyor olması ve en az bir DNA markörü ile bağlantısının ortaya konmasıdır. Bunu belirlemenin yollarından biri haritalama popülasyonları kullanarak genetik bağlantı haritaları oluşturmaktır. Tadmor x Er/Apm melezlemesinden

geliştirilen 167 RIL popülasyonunda yürütülen kuraklığa tolerans çalışmasında, kromozom 1 (7H)'de bulunan ve Acl3 markörünün yakınlarında ozmotik ayarlama ve aynı zamanda nispi su içeriği ile ilişkili bir QTL belirlenmiştir (Teulat ve ark., 1998). Bu bölgedeki kuraklığa tolerans sağlayan alleller Tadmor yerel çeşidinde bulunmaktadır. Bu bölge ozmotik ayarlama için gözlenen varyasyonun %12.4'ünü, nispi su içeriği için gözlenen varyasyonun ise %5.8'ini oluşturmuştur. Teulat ve ark. (2002) bölgenin aynı zamanda, bitki boyu ve hasat indeksi ile ilgili olduğunu belirlemiş ve markör destekli seleksiyon için uygun bir bölge olduğunu belirtmişlerdir.

Farklı haritalama popülasyonları arasındaki ortak markörler sayesinde ilişki kurularak bir gen bölgesinin karşılaştırmalı değerlendirilmesi gen bölgesinin varlığını doğrulama hakkında bilgi sağlar. Bu QTL bölgesini Nure x Tremois haritalama popülasyonunda inceleyen Tondelli ve ark. (2006), bölgenin Bmac273a markörü civarında olduğunu ve kuraklığa tolerans ile ilişki olduğunu belirlemişlerdir. Bu bilgiler bölgenin kuraklığa tolerans ile ilgili olduğunu farklı haritalama popülasyonları kullanarak teyit etmektedir.

Tadmor x Er/Apm RIL popülasyonunda Acl3 markörü civarında olduğu belirlenen, Arta x *Hordeum spontaneum* 41-1 hattından geliştirilen RIL'larda ise Bmag0321 markörü yakınlarında olan aynı QTL bölgesini inceleyen Baum ve ark. (2003) bölgenin kurak şartlar altında biyolojik verim ve bin tane ağırlığı ile ilişkili olduğunu belirlemişlerdir. Arta x *Hordeum spontaneum* 41-1 melezinden geliştirilen ve bu bölgeyi taşıyan hatları araştıran Lakew ve ark. (2013) bölgenin başaklanma süresi, tane verimi ve bin tane ağırlığı ile ilgili olduğunu saptamışlardır. Verim ve verim öğeleri ile ilişkisi belirlenen bölgenin, agronomik karakterlerde iyileşme sağlaması nedeniyle bitki ıslahında kullanılmasının uygun olduğu anlaşılmaktadır.

Tadmor x Er/Apm haritalama popülasyonunda kromozom 2 (2H)'de CDO588 markörü civarında bir kuraklığa tolerans QTL'i belirlenmiştir (Teulat ve ark., 1998; Teulat ve ark., 2001a). Bölgenin yaprak ozmotik potansiyeli bakımından varyasyonun %10.8'ini oluşturduğu tespit edilmiştir (Teulat ve ark., 1998). Aynı bölgenin yaprak ozmotik potansiyeli bakımından gözlenen varyasyonun %17'sini, nispi su içeriği bakımından gözlenen varyasyonun %13.6'sını, net çözünen birikimi bakımından gözlenen varyasyonun %10.7'sini açıkladığı saptanmıştır (Teulat ve ark. 2001a). Aynı araştırmacılar

bir diğerk çalıřmada, kuraklık toleransı ile ilgili bařka bir karakter olan karbon izotop diskriminasyonu bakımından gözlenen varyasyonun %8.9'unu bu bölgenin açıkladıđını ortaya koymuřlardır (Teulat ve ark., 2002). Karbon izotop diskriminasyonu bitkilerde su kullanım etkinliđi ve verim stabilitesi ile ilişkilidir. Bu bölgenin 1000-tane ađırlıđı ile de ilişkili olduđu belirlenmiřtir (Teulat ve ark., 2001b). Tadmor çeřidi bu bölge bakımından olumlu allelleri tařımaktadır.

Tondelli ve ark. (2006), arpada kuraklıđa tolerans aday genlerinin belirlemeye çalıřtıkları Nure x Tremois haritalama popülasyonunda, Bmag125 ve Bmag0093 markörleri arasında olduđu belirlenen kromozom 2'deki QTL'in (*HvMYB4*) kuraklıđa tolerans sađlayabileceđini ifade etmiřlerdir. Arařtırmacılar bölgenin kuraklıđa toleransı kontrol ettiđini kanıtlamak için ilave çalıřmaların gerekli olduđunu belirtmiřlerdir. Nure x Tremois haritalama popülasyonunda geliřtirilen katlanmış haploit hatlarda kromozom 2'deki bu bölgeyi inceleyen Tondelli ve ark. (2012), kuraklık stresinin gözlendiđi dört farklı çevrede bu bölgenin tane verimini artırdıđını ortaya koymuřlardır. Bu verilere göre bu QTL bölgesinde kuraklık stresi altında tane verimini devam ettirmeyi sađlayan genlerin bulunduđu söylenebilir.

Guo ve ark. (2008) Tadmor x Er/Apm haritalama popülasyonunda kromozom 2'de CDO588 markörü civarında haritalanmış olan kuraklıđa tolerans QTL bölgesinin, Arta x *Hordeum spontaneum* 41-1 haritalama popülasyonunda Bmag140 ile Bmag0378 markörleri arasında olduđunu belirlemiřlerdir. Bu kurađa tolerans QTL bölgesinin SPAD indeksi ve klorofil floresan parametrelerinden maksimum PSII kuantum etkinliđi ile ilgili olduđu tespit edilmiřtir (Guo ve ark., 2008). Aynı popülasyonu inceleyen Lakew ve ark. (2013) bölgenin bitki boyu, tane verimi, biyolojik verim, 1000-tane ađırlıđı ve kuraklık toleransı ile ilgili olduđunu ortaya koymuřlardır. Bu QTL bölgesinin kuraklık řartlarında bitkinin fotosentezi devam ettirmesini ve dolayısıyla tane verimini artırdıđı için özellikle kuraklıđa tolerans için avantajlı olduđu görülebilir.

Tadmor x Er/Apm ebeveyninden geliřtirilen RIL haritalama popülasyonunda kuraklıđa tolerans QTL'lerinin belirlenmesi için yürütölen çalıřmada kromozom 6 (6H)'de WG286-Dhn4 markörleri civarında nispi su içeriđi, yaprak ozmotik potansiyeli ve ozmotik ayarlama özelliđi ile ilişkili olan bir QTL tespit edilmiřtir (Teulat ve ark., 1998).

Bu QTL nispi su içeriđi bakımından gözlenen varyasyonun %7.4'ünü, yaprak ozmotik potansiyeli bakımından gözlenen varyasyonun %24'ünü ve stres şartları ile normal şartlar karşılaştırıldığında ozmotik ayarlama bakımından gözlenen varyasyonun %17.7'sini açıklamıştır. Bu QTL bölgesinin altı farklı lokasyonda 1000-tane ağırlığı ile ilgili olduğu istikrarlı şekilde gözlenmiştir (Teulat ve ark., 2001b). Aynı arařtırıcılar farklı bir çalışmasında bölgenin markör destekli bitki ıslahı için uygun olduğunu belirlemişlerdir (Teulat ve ark., 2003).

Kromozom 6'da bulunan, Tadmor x Er/Apm haritalama popülasyonunda WG286-Dhn4 markörleri civarındaki QTL bölgesinin Arta x *Hordeum spontaneum* 41-1 haritalama popülasyonunda HVM11a markörü civarında olduğunu belirlemişlerdir (Baum ve ark., 2003). Arařtırıcılar bu QTL bölgesinin, su kullanım etkinliđi ve kuru madde birikimine etki eden erken gelişme gücü ile ilgili olduğunu ve yürütölen tarla denemelerinin tamamında, 1000-tane ile ilişkili olduğunu tespit etmişlerdir. Aynı popölasyonu kuraklık toleransı bakımından inceleyen Lakew ve ark. (2013) QTL bölgesinin tane verimi ile ilişkili olduğunu ve gözlenen varyasyonun %24'ünü açıkladığını saptamışlardır. Aynı zamanda bitki boyu, başak uzunluđu, 1000-tane ağırlığı, başaklanma süresi ve erken dönem gelişme habitusu ile ilgili olduğunu belirlemişlerdir.

Kuraklığa tolerans gen bölgelerinin belirlendiđi haritalama popölasyonlarında, Tadmor çeşidinin kurađa tolerans allelleri, bu allellerin gerçek etkisini gösterebileceđi bir kültür çeşidi (Er/Apm) ile melezlenerek incelenmiştir. Bu yüzden Tadmor QTL bölgelerinin mevcut bir kültür çeşidinde yapabileceđi etkileri değerlendirme açısından Tadmor çeşidini avantajlı yapmaktadır. Bununla birlikte ilgili gen bölgelerinin yaprak nispi su içeriđinin (Teulat ve ark., 2003), SPAD indeksinin (This ve ark., 2000) agronomik özelliklere etkilerinin (Teulat ve ark., 2001b), moleküler düzeyde gen ifadelerinin (Diab ve ark., 2004) ve çok lokasyonda ve yılda yürütölen tarla denemelerinde adaptasyonun (von korff ve ark., 2006) incelendiđi çok sayıdaki arařtırmalar yürütölmüştür. Bu arařtırmalar Tadmor yerel çeşidinin kurađa tolerans allellerinin detaylı bir şekilde karakterize edildiđini göstermektedir.

Karmaşık kalıtıma sahip olması ve çevreden fazlaca etkilenmesi nedeniyle, kuraklığa toleransın klasik bitki ıslahı ile geliştirilmesi son derece zor olan bir karakterdir. Bu



arařtırma kuraklıęa tolerans QTL'lerinin bir çeřide pratik olarak aktarılması, kuraklıkla ilgili karakterlerin birbiri ile etkileřimleri, kuraklık řartlarında ne kadar etkin olacaęı ile ilgilidir. Bu sayede kurak olmayan řartlarda yksek verimler veren Baronesse çeřidinin kuraklıęa toleransı geliřtirilmiřtir. Aynı zamanda aktarılacak QTL blgelerinin konumları doęrulanmıř ve Tadmor allellerinin bitki ıřlahında kullanımına uygunluęu arařtırılmıřtır.



### **3. MATERYAL VE YÖNTEM**

#### **3.1. Materyal**

##### **3.1.1. Bitki materyali**

Bu çalışmada Tadmor çeşidinden kuraklığa tolerans sağlayan üç QTL bölgesi genomik seleksiyon ile Baronesse çeşidine aktarılmıştır. Baronesse Almanya'da geliştirilmiş olan ve ABD'de yaygın şekilde üretilen iki sıralı, yüksek verimli yemlik bir çeşittir (Richardson ve ark., 2006). ABD arpa çeşitlerinin verimlerinin yükseltilmesi için ıslah programlarında gen kaynağı olarak kullanılmıştır (Schmieder ve ark., 2004). Baronesse çeşidi Tokat-Kazova'da yeterli yağışa sahip olan tarla şartlarında oldukça iyi performans göstermiştir (Kandemir, 2004a). Kuraklık tolerans QTL'lerinin alındığı Tadmor yerel çeşidi ise, seleksiyonla geliştirilmiş ve kurak şartlara adapte olmuş siyah taneli bir Suriye yerel çeşididir. Kuraklık çalışmalarında toleranslı çeşit olarak kullanılmış (Voltaire, 2003; Rong-hua ve ark., 2006; Ahmed ve ark., 2016) ve kuraklığa tolerans QTL'lerin haritalanmasında kullanılmıştır (Teulat ve ark. 2001b; Diab ve ark., 2004; von Korff ve ark., 2008; Xia ve ark., 2017).

#### **3.2. Yöntem**

##### **3.2.1. Bitki yetiştirme ve embriyo kültürü**

Baronesse ve Tadmor çeşitleri daha hızlı jenerasyon ilerletmek amacıyla, çiçeklenmeyi hızlandırmak için 18 saat ışık, 22 °C sabit sıcaklıkta (Karsai ve ark., 2008) ¼ torf, ¼ perlit, ¼ toprak ve ¼ kum içeren 3 litrelik saksılarda yetiştirilmiştir. Seradaki doğal ışık 400 W yüksek verimli sodyum ampul ile (58000 Lümen) desteklenerek 18 saat ışık periyodu tamamlanmıştır. Erkek olarak kullanılan bitkiler serada veya gelişme kabiniinde (Convion E15) yetiştirilmiştir. Gelişme kabiniindeki şartlar, 22 °C sabit sıcaklık ve 18 saat ışıklandırma şeklinde ayarlanmıştır. Bitkiler modifiye hoagland çözeltisi (2M KNO<sub>3</sub>, 2M MgSO<sub>4</sub>.7H<sub>2</sub>O, 1M KH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub>, 2M Ca(NO<sub>3</sub>)<sub>2</sub>.4H<sub>2</sub>O, 1M NH<sub>4</sub>NO<sub>3</sub>, 0.03 M FeSO<sub>4</sub>.7H<sub>2</sub>O, 5 g mikro besin elementi karışımı [%1.5 B, %1 Cu, %5 Fe, %4 Mn, %0.05 Mo, %6 Zn]) ile gübrelenmiştir.

Jenerasyonlar arası sürenin kısaltılması için embriyo kültürü kullanılmıştır (Bridgen, 1994). Bu amaçla melezlemeden sonra 20-22. günde tam büyüklüğe ulaşmış, ancak henüz sararmamış olan tohumların embriyoları izole edilerek Murashige ve Skoog (MS) ortamında kültüre alınmışlardır. Embriyo kültürü için kültür ortamının bileşenleri Çizelge 3.1.'de verilmiştir. Yaklaşık 2000 lüks yoğunluktaki sürekli ışık altında ve 25 °C sabit sıcaklıkta 4-5 günden sonra embriyolardan 3-5 cm uzunlukta fideler elde edilmiştir. Bu fideler tabanında 4-5 cm kalınlığında sadece torf bulunan saksılara şaşırtılmış, 5-6 günlük aklimatizasyon işleminden sonra saksılara transfer edilmişlerdir.

Çizelge 3.1. Embriyo kültürü için kullanılan modifiye MS ortamı

<b>Kimyasallar</b>	<b>Miktarlar</b>
MS tuz karışımı	4.31 g/l
Sükroz	30 g/l
Tiyamin	1 mg/l
Nikotinik asit	500 µg/l
Piridoksin	500 µg/l
Miyoinositol	250 mg
Gelrite	3 g/l

### 3.2.2. Islah programı

Tadmor çeşidinden kuraklığa tolerans sağlayan üç QTL bölgesi DNA markörleri ile desteklenen geri melezleme ıslahı ile Baronesse çeşidine aktarılmıştır. Baronesse çeşidi ile Tadmor çeşidi melezlenerek 40 adet F<sub>1</sub> tohumu elde edilmiştir. Bu tohumların 10 adedi embriyo kültürüne alınmış, üretilen F<sub>1</sub> bitkileri polimorfik bir SSR markörüyle taranarak heterozigot (F<sub>1</sub>) olduğu teyit edildikten sonra Baronesse çeşidine geri melezlenmiştir. Elde edilen geri melez hatları (GM<sub>1</sub>F<sub>1</sub>) ilgili QTL'lere bağlı ve genetik arka plan markörleri (Şekil 3.1) ile taranmıştır. İncelenen bitkilerden üç QTL bölgesi bakımından da Tadmor allellerini heterozigot taşıyan bitkiler seçilmiştir. Seçilen bu bitkiler genetik arka plan markörlerinin bazıları ile taranmıştır. İncelenen arka plan markörleri bakımından Tadmor allellerini en az taşıyan iki GM<sub>1</sub>F<sub>1</sub> hattı, her bir QTL bölgesi için paralel iki hat şeklinde Baronesse çeşidine geri melezlenmiştir. QTL bölgeleri ile ilgili taramalar her geri melezleme işleminden sonra tekrarlanmıştır. Ancak genetik arka plan markörlerinden bir önceki jenerasyonda Baronesse allelleri homozigot olan markörler bir

sonraki jenerasyonda taranmamıştır. Bir önceki jenerasyonda heterozigot olan ve taranmayan diğer markörler bir sonraki jenerasyonda taranmıştır. Bu şekilde geriye melezleme işlemi dört kez tekrarlanmıştır. Bitkiler kendilendikten sonra ilgili QTL bölgeleri bakımından Tadmor allellerini homozigot taşıyan, tekrarlanan anacın arka planı geri kazanmak için incelenen markörler bakımından Baronesse allellerini homozigot taşıyan GM<sub>4</sub>F<sub>2</sub> bitkileri DNA markörleriyle seçilmiştir. Melezleme şartları için belirtilen aynı sera şartlarında tarla denemeleri için tohumluk üretilmiştir. Sonuçta Tadmor çeşidinden üç QTL bölgesi Baronesse çeşidine aktarılmış, her bir QTL bölgesi için iki paralel hat olmak üzere toplamda altı adet GM<sub>4</sub>F<sub>2</sub> hattı geliştirilmiştir.

### 3.2.3. DNA markörleri

Çalışmada kullanılan DNA markörleri olarak PIC (polymorphism information content; polimorfizm bilgi içeriği) değeri yüksek, tek bant veren SSR markörleri (Çizelge 3.2) seçilmiştir (Ramsay ve ark., 2000; Li, 2004; Varshney ve ark., 2007). Bmag, Bmac, EBmac, GBM, GBMS, scssr ve HVM ile gösterilen SSR markörleri Graingenes 2.0 veri tabanından alınmıştır. Araştırmanın gelişme sürecinde arpa için yeni ortaya çıkan, yine az sayıda bant veren spesifik InDel markörleri de kullanılmıştır (Zhou ve ark., 2015). NK markörleri ise polimorfizmin yetersiz olduğu durumlarda, mevcut arpa genom dizisinden (Beier ve ark., 2017) online primer3 programı (Untergasser ve ark., 2012) kullanılarak tarafımızca geliştirilen SSR markörleridir. DNA markörleri için referans olarak 11 farklı haritalama popülasyonundan geliştirilen haritaların birleştirmesiyle geliştirilen Consensus SSR 2007 haritası kullanılmıştır (Varshney ve ark., 2007). İlgili QTL bölgelerinin kesin olmaması nedeniyle (Zeng, 1994) QTL bölgeleri yaklaşık 20-30 cM'lık kromozom parçaları olarak transfer edilmiştir. İlgili bölgenin aktarılması için QTL bölgelerinin alt ve üst sınırlarını çevreleyen en az iki markör kullanılmıştır.

Genomik DNA Turkuaz DNA saflaştırma kiti kullanılarak elde edilmiştir (Keskin ve ark., 2007). İki-üç yapraklı durumdaki genç fidelerden alınan yaklaşık 4-5 cm uzunluğundaki (yaklaşık 200 mg) taze yaprak örneği 1.5 ml'lik mikro santrifüj tüpünde sıvı azot içerisinde ve 1 ml'lik pipet ucu kullanılarak öğütülmüştür. Elde edilen genomik DNA'nın kalitesi ve miktarı %1'lik agaroz jel ve spektrofotometre ile kontrol edilerek 50 ng/µl'ye ayarlanmıştır. Kalitesi ve miktarı yeterli olmayan genomik DNA'lar yeniden izole edilmiştir. Markör analizleri için polimeraz zincir reaksiyonu (PZR) 50 ng (1 µl) genomik



Çizelge 3.2. Çalışmada kullanılan DNA markörlerine ait bazı özellikler

Kro	cM	Markör	İleri	Geri	(Bç)	PYS
1	7	Bmag021	ATTTTATCAGAACGTCTCTCTC	CTAACTTCTCTCTCCCTCTCC	143	55
1	12	EBmac0713	GGTAAAACATTTCCCTCGT	TAGAGATCACCTCTCTCTGTGC	168	55
1	16	EBmag0794	CAGTCATAACCTGATGAACAA	TCACACTTATCTTGCTGTAA	197	55
1	23	GBMS094*	*****	*****	125	55
1	35	EBmac603	ACCGAAACTAAATGAACTACTCG	TGCAAACTGTGCTATTAAGGG	149	55
1	46	GBMS035*	*****	*****	145	60
1	46	GBMS129*	*****	*****	153	55
1	53	GBM1464	ATAGCCGTGCTCTTGCTCAT	CAAGACCACCATTGTCATTG	135	58
1	66	GBMS226*	*****	*****	188	60
1	72	Bmac187	GCTCTCTCTCAGAAAAATGAA	GAATTATTCTAGGGCTGTGAA	177	55
1	72	GBM1432	ATGGCCAAGATCTCCTTCCT	TGTTGCAGTAGGTCAGGCAC	196	55
1	73	Scssr15864	GCATAAACGGGTGTAAGAGC	CATCCAGTTCAGAGGATAGAGC	167	55
1	73	GBM1030*	*****	*****	170	58
1	75	Bmag900	AGCCTGTGATACATCAAGATC	AGGATGAGGGTATGTAGACG	122	60
1	77	Bmag341	TCATGGAGACCGTTGTAGT	CCACAAGCCTCTGTCTC	215	55
1	78	Bmag359	TGATGACCATTGTATTGAAGA	GTTCTCTCTTAATGATGTGTG	150	55
1	78	Bmag110	ACGAGGAGGACTAGTACAC	5' CCAACTATATTAACAAGGCTCA	145	58
1	78	GBMS041*	*****	*****	193	60
1	79	Bmag516	ATCTAACCCGAACCTTGAG	AGCATCCATATATACAATGATACA	147	58
1	79	Bmag217	AATGCTCAAATATCTATCATGAA	GGGGCTGTCAAGTATATAG	196	58
1	77	GBMS3*	*****	*****	150	60
1	79	GBMS164*	*****	*****	109	60
1	85	Bmag321	ATTATCTCCTGCAACAACCTA	CTCCGGAACACTACGACAAG	218	58
1	80	InDel7065	TGTGGCAACCAACGGTTAGA	CAAGAGAAACAACGGCGAGT	123±4	55
1	80	InDel7066	GCAAGAAGCTCACTCAATCCG	GCTCGATCCGGCATTTGAAC	96±4	55
1	81	Bmag369	CACTAGGCACCAATGACTG	ATCGAAAATCTTAGCTTTGG	191	58
1	84	GBMS111*	*****	*****	150	50
1	83	InDel7062	CACGAGGCCCAATATGTCTG	TTTCATAAGGTGCCCAATGC	105±11	55
1	83	Bmag507	CAACTAGCATACCCAAGCTATA	ACCCCTATTCAATAATGGA	147	58
1	86	InDel7068	TCCCTGACATGATGGATGCG	GGCATCTCATCTCGTCTCGT	89±5	55
1	86	InDel7069	TCGGACTAAAGTGACACACCT	TCGCAAAAAGTTTCAATAATTGA	109±17	55
1	88	GBMS120*	*****	*****	200	55
1	89	GBMS63*	*****	*****	185	55
1	90	InDel7073	GGGCATTGTGATCGAGCGAAC	TGGACAGCAGCATCCATCTG	122±6	58
1	90	InDel7074	CATCCATGGCAGGAAGGAGG	TATGGCATCGTCTCCCTCCA	112±6	60
1	90	EBmac764	AGAATCAAGATCGACCAAAC	AAAAACATGAACCGATGAA	124	55
1	95	GBMS141	ACGACAACATTTTGTGCCA	TGTGAATTTCTTGACTGGG	220	55
1	95	InDel7083	GGTGATTGTAGCTACGCCA	GGCCAATGCGAGACCTTAGA	135±13	55
1	98	InDel7086	CCGAGAAGGGATTCTGCTC	GTTGCACCGTCCAACGCG	115±18	55
1	98	Bmag120	ATTTCATCCAAAGGAGAC	GTCACATAGACAGTTGTCTTCC	230	58
1	106	InDel7097	ATTCTCCATGACCCTGCGTG	AGACAGGTGCTGTGGATGG	189±21	55
1	110	InDel7104	AGTGAAAGGACAACCTTCTCCA	TGTTGCCAAAAGATGTTCTC	184±20	55
1	122	GBM1362	CGCTCCCTCCTTCTGTGA	CCCTTGTTGCTCTTGCAT	520	60
1	125	EBmac755	AGCCTTGTGTATCAGGACA	CTGCTGGTGTCTCTAAAAGT	143	55
1	133	GBMS112*	*****	*****	146	55
1	136	Bmac156	AACCGAATGTATTCCTCTGTA	GCCAAACAACATCGTGTAC	139	55
1	147	Bmag135	ACGAAAGAGTTACAACGGATA	GTTTACCACAGATCTACAGGTG	161	58
1	147	NK1-47	TTTACTTGAGCCGTTTCCT	GCACACGTGGTGGTAACAAG	186	60
1	156	InDel7133	GGGGACATCATGGACACACA	TCCGACAATCCGAAGAAAGGT	135±23	55
1	156	InDel7136	TCAACATGACTACATACACGAGCA	AGGATTTGGGTCACCGACAT	83±6	55
2	1	InDel2001	CCCGGTTGCCCTCATGAATA	GCCTTGCCCTTAATAGCGTGG	105±13	55
2	8	GBMS247	ACACCACATTCATCTCCTTCA	CATTGCTCTGCTTCTCTGTA	228	60
2	30	HVM36	TCCAGCCGAACAATTTCTTG	AGTACTCCGACACCACGTCC	114	55
2	30	GBM1035*	*****	*****	221	55
2	38	GBMS2*	*****	*****	110	60

Çizelge 3.2. (Devam) Çalışmada kullanılan DNA markörlerine ait bazı özellikler

Kro	cM	Markör	İleri	Geri	(Bç)	PYS
2	41	Bmac222	ATTTGAATGTCCAACAGAATC	GGGACTAAAGCCCCTTAC	165	55
2	38	GBM1052*	*****	*****	170	55
2	43	GBMS229*	*****	*****	156	55
2	43	ScsSr10226	TTCCAAGAGAAAGTGCATGG	ACATCGCCAGTATGTTTTCC	186	58
2	49	ScsSr07759	GCAACTCCTCATCATCTCAGG	CAACAGCCAGAAGGTCTACG	208	58
2	48	GBMS137*	*****	*****	185	60
2	49	GBMS66*	*****	*****	113	60
2	50	Bmac218	ATTGCATTGATTAACCTCTACA	GGGGGAATCTTTGTGTAAG	135	58
2	50	GBM1011*	*****	*****	159	55
2	50	GBMS139*	*****	*****	150	55
2	55	NK2-55	CCCTAACGCTCCATCGATCT	GGGATCGAGAAGGAAGAGGG	191	58
2	59	GBM1251	CCAGCAATAACAACGTGTGG	TGTC'TTTTATTCCGGAGCG	242	55
2	59	GBMS233*	*****	*****	129	55
2	60	NK2-060	GTTGATTGAGGCTTGGGACTA	ACGGAGGGAGTATTGCAACA	130	58
2	60	NK2-0601	TTGAGGCTTGGGACTAAAGG	TGGGACGGAGGAGTATTTG	134	58
2	62	ScsSr3381	CAGGGACGTACAATATTACCG	AATAAGCAGGGTACCTTTTGG	162	55
2	64	GBM5230	GAACCGTTCCCTTGCAGTTA	GAAAAGGCTGGTGCATTCAA	226	55
2	64	NK2-064	AGCTCCACCACCTTCTCTGT	ACGCCTCGCACTGATAATTC	217	60
2	65	GBM1172	CGTCAAGCTGAGGAAAGAT	TGACGACGAAGTTCATGAGG	282	55
2	65	GBM1459	AACACATCCATACTTCCCGC	AGCTGAATAAATGCCCATGC	161	55
2	66	HVM23	TCGGTGAAGAAATACGAGGC	TCTTTGTAGACCTACCGGTCC	246	55
2	66	EBmac607	GCGAACATTGTCATGTTAGTA	AACCTTATGGATTGGAGG	146	55
2	67	EBmac0623	CGAACATTGTCGTGTTAGTAA	CTGTCATGCATAACCTATGG	154	55
2	68	GMS3	TTTCAGCATCACAGAAAGC	TTGCATGCATGCATACCC	144	55
2	69	Bmac0093	CGTTTGGGACGTATCAAT	GGGAGTCTTGGCCTACTG	151	55
2	69	NK2-069	ACTGTGATGAGGACGTGTGT	TCAAGACCACAGACAGACA	123	58
2	71	EBmac684	TTCCGTTGAGCTTTCATACAC	ATTGAATCCCAACAGACACAA	172	55
2	73	Bmag0720	AAACCGTTTGTATAGCACG	ATAAGTGAATGCTTCTGAGGA	171	55
2	75	Bmag829	TAAAAGCCAAACTCGATAATC	TTGTGATGAGAAGTTTGTG	189	50
2	76	Bmag518	AATGCCATGATGTTATTGG	AAGAAGATTACATCGAATAGATCA	168	58
2	79	GBMS160	ATCCAGTGGCCTTGTATGG	TCAGTCTCTCTCTTCATGTG	205	58
2	81	Bmag378	CTTTTGTTCCTGAGCATCTA	ATCCAATATAGTAGCAAAGCC	147	58
2	82	Bmag711	GGAGAGTCACATATCAAGGAC	CCACTCCTTCTCATACCTTA	192	55
2	81	InDel2063	TGTTTCCTTTTCCCTTTGTGT	GATGAACTTAAAAGTGGTCCA	131±21	55
2	82	InDel2069	CCCTACCTTCCCCATCGCTA	GACAAATGGCGGAACAGCAG	132±26	60
2	82	GBM1468	GTTCTTCTTTGCTCCTCC	TCCATGGTCTCTCCTTCAC	136	60
2	89	Bmag125	AATTAGCGAGAACAAAATCAC	AGATAACGATGCACCACC	134	55
2	94	GBM1328	TGTGTTGTCCCCAAATACC	CTGAACGGCATCGTCATGT	190	60
2	102	GBM1208	CTACCGAGCTCCTCCTCCTC	GGCCTCCTTCTTGTGCTAGA	146	60
2	117	EBmac0415	GAAACCCATCATAGCAGC	AAACAGCAGCAAGAGGAG	247	55
2	118	GBMS040*	*****	*****	157	55
2	122	HVM54	AACCCAGTAACACCGTCTCG	AGTTCCTGACCCGATGTC	159	60
2	123	GBM1498	TGCTCCAACCCAAAAGCTAC	GAAGACGACGAGCGGTACTC	156	55
2	128	InDel2123	GCCACCTGTCGTCTATCCAG	GGAGACGGCTTTTCTGTCT	99±15	55
2	133	InDel2133	CCCCTCGTTGCACATGGT	GTTGTGGTTGTGTGCTGCAA	131±38	55
2	153	GBMS216*	*****	*****	229	55
2	156	GBM1036*	*****	*****	159	55
3	4	GBM1280	CTACCGAGCTCCTCCTCCTC	GGCCTCCTTCTTGTGCTAGA	279	58
3	8	InDel3002	TCTCGACAAGAAGCTTCT	ACGAGAAGGCTCCAATTGG	101±16	55
3	8	InDel3003	TGCAGCATCAAATTGACTGCA	TCGTCAAGTCTGAGATCCGTC	114±10	55
3	8	InDel3004	TATAACGGTCAAGCGGTGCG	GATGTGCGGCGAAAAGATG	193±39	55
3	8	InDel3005	CGACACAGCATTAGCAACCG	AACATATGCCGGATGCTGCA	111±8	55
3	8	InDel3006	CGCTTAGAGTATGTGGACGGT	TCTCAACTGTTCGTGGCGTC	133±10	58
3	20	EBmac705	GTGGAAAAGTGTGAAACTC	TTGAGGAGAAGTAATGACGAT	150	55
3	50	GBMS166*	*****	*****	156	60

Çizelge 3.2. (Devam) Çalışmada kullanılan DNA markörlerine ait bazı özellikler

Kro	cM	Markör	İleri	Geri	(Bç)	PYS
3	50	GBMS50*	*****	*****	133	55
3	50	GBMS57*	*****	*****	149	60
3	54	Bmag603	ATACCATGATACATCACATCG	GGGGGTATGTACGACTAACTA	120	55
3	54	Bmac0067	AACGTACGAGCTCTTTTCTA	ATGCCAACTGCTTGTTTAG	171	55
3	54	GBMS110*	*****	*****	141	55
3	66	InDel3055	TGTACCTTTGGGAAAAGCTTCTG	GGATGCTTTGAAGTCGTCCG	105±23	55
3	80	GBMS204*	*****	*****	150	60
3	80	GBMS45*	*****	*****	150	60
3	90	GBM1233	TTAACCCCAATGTCAGGAA	AATGTGTTCACTGTGGCTGC	194	55
3	90	GBM1043*	*****	*****	182	55
3	94	Bmag841	GGAAAGTACTTCAAACCTGAA	CTTACAAGATGATGAGAACGA	125	55
3	101	Bmag606	CTATTTGTAATGTATGTATGTCC	TCATTGGTCCAGATAATACAA	140	58
3	113	Bmag0013	AAGGGGAATCAAAATGGGAG	TCGAATAGGTCTCCGAAGAAA	155	58
3	122	GBM1037*	*****	*****	200	55
3	124	Bmag877	AAAGCTCATGGTAGATCAAGA	TAGTTTCCCAAAGCTTCTA	153	55
3	129	GBM1050*	*****	*****	167	55
3	137	EBmac541	ACGGATCTACTTTAGCTAGCA	AAACAACCCACACAATC	106	58
3	137	HV13GEIII	GAGGAACCTACGCCTTACGAG	AGGACCGAGAGTGGTGGTGG	175	55
3	139	HVM070	CCGCCGATGACCTTCTC	ACCCACGACCTATGGCAC	154	58
3	155	InDel3144	TGCGGTTCCACAAATGCCTA	AAACAGGCCCTCAAATCCC	112±21	55
4	1	GBM1501	TGTGGACAGTCAAACACGCT	AAGGAGCACCTGAAAAGCAA	279	58
4	15	GBM1221	ACCAGCAATCCAAGTTACGG	TGCCTGGTCTTGGTGTGTA	124	58
4	22	HVM40	CGATTCCCTTTTCCAC	ATTCTCCGCCGCTCCACTC	160	55
4	26	GBMS114*	*****	*****	117	60
4	29	GBM1323	GCTCTCCAGGTTTCGTTTC	CACCGTCTTGCAAGTGGAGAC	136	55
4	36	GBM1482	GAGAGCTAGCCACCATTTGC	GACAGGTGAGGCTGAGAAG	176	55
4	40	HVKNOX3	CCCCTCAAAGTTCAGGTCAATCCT	ACATCAATCAGAAAAGAAAGCATT	190	55
4	45	Bmag306	ATGTACAAGTAGCTATGTGTTGA	CACATCAAGATAACAAGAGAAGA	149	55
4	45	HVOle	GATGGATGTCAGTCGGTC	ATGAGCAGTAGTACAACCTAAGC	198	55
4	50	HVPAZXG	TTCCGGGTCCTTTCGTGC	TTAATGGGCATCACACCATC	177	58
4	54	Bmag808	TCATAGACTACGACGAAGATG	5' TCTTTGGATGTGTTTACTG	150	55
4	54	EBmac906	CAAATCAATCAAGAGGCC	TTGAAGTGAGACATTCCA	177	55
4	69	InDel4074	GCCGGGGCTCTGAAATTTT	CTTCACTCCCGTGGAACCTC	113±12	55
4	72	InDel4079	CCGTTTGTGCACGCATATGT	CTTCCGTGTGCAAGTGTGCG	94±13	55
4	78	GBM1350	GTCCCTGCATCTCTCCC	CGTTATGTTGAAGCAGCCCT	194	55
4	80	GBM1044*	*****	*****	213	60
4	80	GBMS190*	*****	*****	130	55
4	91	InDel4082	ACTGCTTCTGGTGGGAGTTT	TGCACAGTGAAGGTTCAAGTAAGA	165±8	55
4	91	InDel4094	GCTTACGCTCTTCAGAGAA	CAAAAGCCGTGTAAGGTCCG	137±24	55
4	111	GBM1448	GTATGACACCCGATCCATCC	CAAAATTTGGGACCTGAGGA	103	58
4	128	GBM1059*	*****	*****	263	58
4	128	InDel4154	GTGCAGGCGTAAAATGCGAA	AGTGAAGATATCAATTGACTCA	122±24	55
4	130	InDel4155	GTATGCATGAATCCACGCGC	TCACGACAACACCATGAGCA	103±16	55
4	132	GBM1453	ATGCCCACTTGATGATGGAT	TGCATCTACGTACAGTGTGGTG	216	60
5	1	InDel1001	CCCAGTTGCAAGTTGATCCC	TGTTTCTGCATCTTCTGTTAGA	131±20	55
5	1	InDel1003	CAACAAAACAGTTGCTGTA AAAA	GCCAGAGTTGCTGCATCG	135±28	55
5	1	GBMS187*	*****	*****	143	55
5	28	Bmac399	CGATGCTTACTATGAGAGGT	GGGTCTGAAGCCTGAAC	146	60
5	30	Bmac213	ATGGATGCAAGACCAAAC	CTATGAGAGGTAGAGCAGCC	155	58
5	49	Bmag872	ATGTACCATTACGCATCCA	GAAATGTAGAGATGGCACTTG	125	55
5	60	Bmag211	ATTCATCGATCTTGTATTAGTCC	ACATCATGTGATCAAAGC	174	55
5	64	EBmac501	ACTTAAGTGCCATGCAAAG	AGGGACAAAAATGGCTAAG	151	55
5	66	GMS21	CTATCACACGACGCAACATG	CCTGAGAAAAGAAAGCGCAAC	151	55
5	73	Bmac0032	CCATCAAAGTCCGGCTAG	GTCGGGCCATACTGAC	215	55



Çizelge 3.2. (Devam) Çalışmada kullanılan DNA markörlerine ait bazı özellikler

Kro	cM	Markör	İleri	Geri	(Bç)	PYS
5	87	Bmac154	CTGGGTGATGAATAGAGTTTC	TATTCTCAAAGATGTTCTGC	130	55
5	101	GBM1002*	*****	*****	219	58
5	111	InDel1142	TCCCTGTGTGAACACTCTGC	AACCAGCTGATTTTACGCGC	114±15	55
5	117	InDel1144	TCGCCAAGTCTCTATGTCCG	TTGGGGCTGCAAGTAGATGG	101±16	55
5	118	InDel1145	CCTGTCCTTCGGGTCCCTAT	TGCAACGGTAGGCAATTTAT	133±5	55
5	119	InDel1146	TGTGCAGTGATATGAGGTGACA	TGCTCACCAGACCAGTTTTGT	125±8	55
5	119	InDel1147	GGTACCTGCTAGTCTGATCG	CAAACGCATGGCATCACCG	117±15	55
5	119	InDel1148	TGCGAGCACTACAATGGAGT	GAGCAGTGCCGATGACTCTT	86±7	55
5	119	InDel1149	TTAACGCGCCCTTGGAG	TGCTGCAGCGATGATGGAG	132±32	55
5	123	GBMS012*	*****	*****	248	55
5	128	GBM1308	GTCTCCCTTTCCCTT	CGAGCTGTCCATCTCTTC	283	58
5	135	GBM1461	AAACCATGCATTCTCAGAGA	TTTAGACCGACCCGATGAAG	210	58
5	138	EBmac0565	ATTTGAATGTCCAACAGAATC	AATTGATAAGTTACTGACACAGC	135	55
6	7	Bmac316	ATGGTAGAGGTCCCAACTG	ATCACTGCTGTGCCTAGC	135	55
6	20	InDel6015	CTTCTCGTGTGCTCGTAGC	TACATGAGGGTGTAGGGGCA	144±20	55
6	20	InDel6016	AGCTGATTTTCTTCCCAGGG	AGGCCCTAAGAGACCCACAT	186±38	55
6	20	InDel6017	GCCCAAATTTGTGCTTTGAGC	ACTGTTACCCTAGCTCACATG	144±19	55
6	20	InDel6018	AGTAAGTGATGACCAACATTTTC	AGGATAAGGTGGTTGTGTTTCTT	160±34	55
6	20	InDel6021	GAGTATGTTTGCATGCTGAATAA	TGTAACCGTTGAATGATGAATG	145±31	55
6	31	Bmag500	GGGAACCTTGCTAATGAAGAG	AATGTAAGGGAGTGTCCATAG	150	55
6	40	GBM1021*	*****	*****	175	55
6	58	Bmag173	CATTTTGTGTGGTGACGG	ATAATGGCGGAGAGACA	150	55
6	60	Bmac127	AACTATGTCCAGTCGTTTCC	CTTGTCTGATCATCTTATTCAGA	118	55
6	64	Bmag0496	AGTATAACCAACAGCCGTCTA	CTATAGCACGCCTTTGAGA	189	55
6	64	GBM1063*	*****	*****	173	55
6	67	EBmac0853	CATCACCTAGGTTGTGTAGT	CTTGAGCATGTGTGAGACA	132	55
6	67	Bmag0613	AAGAACCACATATGATCCAAC	CTCCATGACTATGAGGAGAAG	171	58
6	75	EBmac806	ACTAAGTCTTTCACGAGGA	GTGTGTAGTAGGTGGTACTTG	168	55
6	76	GBM1256	GCCTCGATCTGTGAAAGAA	GTCTCGGAGAAGGTGACGAT	276	55
6	76	EBmac602	GATTGGAGCTTCGGATCAC	CCGTCTAGGGAGAGGTCTC	205	55
6	82	InDel6057	TAACCAGCTCTTTACGCCGG	ACGACGGACCATACTGAGGA	126±6	55
6	83	InDel6058	GAGTCCGAGACTACGCGTAC	CACTGCGAATCTGAAGTCGT	144±16	55
6	83	InDel6060	ACACAAAAGGGAAGAAACAAA	TAGTGGCTGCTGGGTGAAG	147±20	55
6	83	InDel6061	TTCTAGCCATAGCCCACAGC	ACCACCATCTGGCTCTCAAC	174±83	55
6	83	InDel6063	TGCCTGTGCCTTTAAATGGC	GTCATCCCGACTTCTGTGGA	123±25	55
6	38	InDel6064	GCAAGCAGCAAAAATCCAC	GGAGAGCACCTTCTTCGTCC	200	55
6	90	HVM11	CCGGTCCGTGCAGAAGAG	AAATGAAAGCTAAATGGCGATAT	181	58
6	92	InDel6065	ACAGCATGGTCACTGTCTTGA	AGTGCCTCAATATCCGTGA	150±73	55
6	92	InDel6066	ACACGCATCCACACATGTAA	AAAGTTGCTCTCACATGTGA	122	55
6	93	NK6-093	CGTTAGAGGCCCGTAAAGG	TGTAGAAATATCTCCGGCGGC	197	58
6	95	NK6-095	CTCGGTTTGTGACGCTATGT	TGAGTGTATGCCATTCACAG	166	58
6	95	NK6-0951	CTTCGACTGATGGAGCTGGA	GATAGGTACGGAGCGGCC	153	58
6	95	GBM1008*	*****	*****	214	60
6	97	InDel6067	CGTGAGGAGCCAGGCAAAAT	CTTCAAGGTTGCGACGTGAC	115±10	55
6	97	Sessr05599	TTCCATCATAACAGCAATGG	TTCTGCGAAGGCTATGTAGG	186	55
6	97	InDel6068	CTCGTCTTCTCCATCCAGC	CGGGGACTGTGCCATCTG	118±4	58
6	97	InDel6069	ATAGGCAGTGCGAACCCTTT	CCGTCCGTCATGATACTTTGC	110	55
6	97	InDel6070	GAAGAACCAGCAAGGTGCTTC	GTGTCCGAGAGGATGACGAG	150	55
6	98	GBM1140	TGACCGATCAAACCTCTTC	TAGCATGAACAAAACCGACG	212	55
6	99	GBM1356	CCACCTGGTTTTGCGTTTAT	AAAGTCCCGAGATTCACCAC	216	60
6	100	InDel6071	GGAACCTTCCAAAACCGAA	GTTTCGGGTTTTGTGCCCTT	90±10	58
6	100	NK6-100	TTCAGCATGAACTTGGGGAG	ACAACAACCCAGGTGAGAGT	183	55
6	105	GBM1022*	*****	*****	190	60
6	105	Sessr00103	GGTAAGGAGTGGGTCTCAGG	CAAGCAGATGCAACTACACC	164	60
6	106	InDel6073	TCCCCTGTCTTCTCTCCC	CAAACCGCACCTCTCCC	113±17	55

Çizelge 3.2. (Devam) Çalışmada kullanılan DNA markörlerine ait bazı özellikler

Kro	cM	Markör	İleri	Geri	(Bç)	PYS
6	106	InDel6074	GCTTCTGGCCGGTCTGTATT	ACCTTTAGTTGCCCACTTTAGA	92±11	55
6	105	Bmag571	AAGAACACCATATGATCCAAC	ATTGGAGACGTATCATGTACC	154	55
6	113	NK6-113	CCCGTATAAGAGGCAGCGG	CCGTGACCTCGAGATCATGA	226	60
6	115	Bmac0040	AGCCCGATCAGATTTACG	TTCTCCCTTTGGTCCTTG	236	58
6	116	InDel6076	GAGAGTCAACAAGGAGTCCG	AACTGTAGACACACCTGCCG	103±18	55
6	120	GBM1276	TCTTCTGCTGTGGGTCTGTC	GCATCTCGACCCCTTCTGAAC	390	60
6	125	GBM1087	TAAGATGCACACGTCCAACC	TGATACACCTCACAGCTCGG	187	55
6	125	GBM1275	TCTTCTGCTGTGGGTCTGTC	CACATCCAGTCGCACAACCT	128	60
6	124	GBM1404	CAAGCCAGCAAACAACAA	GGGAGTACGTGTGCTCCAT	267	55
6	135	InDel6097	GCGCTCATAAGGCTGAATGT	AGTGAAACAAGACCTATTGCCT	134±12	55
7	7	Scsrr02306	TGCCTTGTTTATGTAATATCTTGTG	GGCGTAAATAAGAGTGTCTTCAG	123	55
7	19	GBM1176	TATACATCAGCGGGCCTTTT	CTCCAACCTCGCAAAGAGTC	285	55
7	37	Bmac163	TTTCCAAAGAGGGTATTACG	GCAAAGCCCATGATACATACA	146	58
7	45	Bmag337	ACAAAGAGGGAGTAGTACGC	GACCCATGATATATGAAGATCA	130	55
7	53	Bmac96	GCTATGGCGTACTATGTATGGTTG	TCACGATGAGGTATGATCAAAGA	185	58
7	65	Bmag357	CTTCTACATCATCCTTGTTC	ATGATCATTGTATTGAAGAGCA	146	58
7	80	GBM1483	CAGTGATATGGACTACGGCG	CTTGTCTCCACCTCGAAGC	172	60
7	87	Bmag223	TTAGTCACCCTCAACGGT	CCCCTAACTGCTGTGATG	127	55
7	107	InDel5180	ACCGCCAGTGAAAAATGTT	ACAAATCTCGGTCACTCAACA	128±19	55
7	126	EBmac824	GCAAGCTTCCTAAATCCTTA	TGCAGACAGTTTTTCATATACA	308	55
7	126	GBM1436	ACGAGGCAAAGGTAGGGTTT	ACTTGATGAAGCCGATGTC	350	55
7	132	GBM1054*	*****	*****	162	60
7	138	GMS27	CTTTTCTTTGACGATGCACC	TGAGTTTGTGAGAAGTGGATGG	154	58
7	144	GBMS77*	*****	*****	182	60
7	156	GBM1164	TGAGTTTATTCGGTCTCGCC	ACGAACACCTTCATCCATCC	163	55
7	156	GBM1064*	*****	*****	228	55
7	160	HVM6	CATGAATGAATGATTGGTTTTG	CGCATCCGTATGTATGAGTAA	174	55
7	160	GBM1001*	*****	*****	171	55
7	166	InDel5236	TCAAAATGCATGAACACGTTTC	TGTACTTATAACAAATACCGTGTATT	138±19	55
7	166	InDel5238	CCTTCTCGGTTGATTGCCT	CATACTCTGTCCAGCCAGCC	140±9	55

Kr: kromozom, cM: santimorgan, BÇ: baz çifti, PYS: primer yapışma sıcaklığı (°C). \*Marion Roeder'den alınmış primerler olup, yaptığımız anlaşma gereği dizileri paylaşılmamaktadır.

### 3.2.4. Sera denemeleri

Üç QTL bölgesi için geliştirilen GM<sub>4</sub>F<sub>2</sub> hatlarından birer tanesi ve ebeveyn hatlar kuraklığa toleransın en önemli özelliklerinden olan nispi su içeriği açısından sera şartlarında teste tabi tutulmuşlardır. Bu amaçla iki ayrı deneme yürütülmüş, ilki Ekim 2017, ikincisi Temmuz 2018'de başlatılmıştır. Sera denemeleri Teulat ve ark. (1998) tarafından kullanılan yöntemle göre yürütülmüştür. 1/3 kum 1/3 tarla toprağı ve 1/3 torf içeren 3 litrelik saksılar kullanılmıştır. Saksılardaki karışımın tarla kapasitesi Samarah (2005)'e göre belirlenmiştir. Saksı içerisindeki karışım 24 saat suya doyurulmuş, streç film ile kapatılarak bir gün suyun drenajı sağlandıktan sonra tartılıp, tarla kapasitesindeki karışımın ağırlığı belirlenmiştir. Karışım 105 °C'de 48 saat etüvde kurutulmuş ve nemini

kaybettikten sonra ağırlığı belirlenmiştir. Tarla kapasitesindeki nem miktarı karışımın kuru ağırlığına oranlanarak, tarla kapasitesi % olarak hesaplanmıştır.

Tohumlar petri kaplarında çimlendirilmiş, her bir saksıya sekiz fide şaşırtılmış ve gelişen beş fide bırakılmıştır. Denemeler beş tekrarlamalı yürütülmüş her saksı bir tekerrürü oluşturmuştur. Bitkiler üç-dört yapraklı döneme kadar günlük tarla kapasitesi seviyesinde yetiştirilmiştir. Normal su rejimi günlük tarla kapasitesinde devam ettirilirken, su stresi uygulaması tarla kapasitesinin %20'si olacak şekilde tartılarak uygulanmıştır (Samarah, 2005). Su stresi uygulaması bitkilerin altı yapraklı olduğu döneme kadar sürdürülmüştür. Her bitkiden bir adet olmak üzere, toplam beş yaprakta nispi su içeriği belirlenmiştir. Yaklaşık 8-10 cm boyundaki beş yaprak örneği keskin bir makasla kesildikten hemen sonra tartılmış (taze ağırlık), sonra saf su içinde 4 °C'de karanlıkta bir gece bekletilerek tam turgora ulaşması sağlanmış ve yeniden tartılmıştır (turgor ağırlığı). Daha sonra bu yapraklar 76 °C'de sabit ağırlığa gelene kadar yaklaşık 24 saat kurutulmuş ve tekrar tartılmıştır (kuru ağırlık). Örnek alma anında yaprakların nispi su içeriği aşağıdaki formüle göre hesaplanmıştır (Teulat ve ark., 1998).

$$\text{Nispi su içeriği (\%)} = \frac{(\text{Taze Ağırlık} - \text{Kuru ağırlık})}{(\text{Turgor ağırlığı} - \text{Kuru Ağırlık})} \times 100$$

Yaprakta nispi su içeriği üç gün arayla üç kez belirlenmiş, elde edilen değerlerin ortalaması alınmıştır.

### 3.2.5. Tarla denemeleri

Geliştirilen GM<sub>4</sub>F<sub>2</sub> hatlarının serada tohum üretiminden sonra, bu hatlar ve ebeveyn çeşitlerle Tokat'ta kışlık yağmur korunaklı (Tokat Kapalı), Tokat'ta kışlık (Tokat Açık), Tokat'ta yazlık (Tokat Açık Yazlık) ve Erbaa'da yazlık (Erbaa Açık Yazlık) olarak dört tarla denemesi yürütülmüştür. Tokat Açık, Tokat Açık Yazlık ve Erbaa Açık Yazlık denemeleri yağışa bağlı şartlarda yürütülmüştür. Bölge son yıllarda başaklanma döneminde çok yağış aldığından, yağmurdan korunaklı deneme gerçekleştirilmiştir. Bu denemede kuraklık gözlemleri için uygun bir alan oluşturulmuş, bitkiler başaklanma zamanına kadar normal yağış şartlarında yetiştirilmiş, başaklanma öncesi (6 Nisan) şeffaf

polietilen örtü ile kapatılmıştır. Yanlardan sıralara 1.5 m mesafede 1.5 m yükseklikte başlayan örtülü alanın yüksekliği 3.8 m, eni 11 m'dir (Şekil 3.2).

Tokat Tarla denemeleri Tokat Gaziosmanpaşa Üniversitesi Tarımsal Uygulama ve Araştırma Merkezi deneme alanında gerçekleştirilmiştir. Deneme alanının bulunduğu ova (Kazova) 40°33' kuzey enlemi ve 36°47' doğu boylamında yer almaktadır ve rakımı 623 m'dir. Erbaa denemesi ise Erbaa-Karayaka belediyesi yakınlarında bir üretici tarlasında gerçekleştirilmiştir. Erbaa deneme alanı 40°44' kuzey enlemi ile 36°55' doğu boylamında ve 240 m rakımda yer almaktadır. Deneme alanlarının iklim özellikleri Çizelge 3.3'de, toprak özellikleri ise Çizelge 3.4.'de verilmiştir.

Çizelge 3.3. Deneme alanlarının deneme yılı ve uzun yıllar iklim verileri

		Kasım	Aralık	Ocak	Şubat	Mart	Nisan	Mayıs	Haziran	Top/Ort.	
Tokat	Sıcaklık	2018	7.7	5.5	5.1	8.3	11.9	14.8	18.5	22.0	11.7
	(°C)	1929-2017	7.9	3.8	1.8	3.5	7.5	12.5	16.5	19.9	9.2
	Yağış	2018	42.8	51.3	30.7	15.2	82.0	4.5	59.3	42.5	328.3
	(mm)	1929-2017	43.9	47.1	41.0	33.3	40.5	54.1	59.3	38.9	358.1
Erbaa	Sıcaklık	2018	8.0	6.5	6.8	9.2	12.1	14.8	19.7	22.9	12.5
	(°C)	1929-2017	9.5	5.7	3.9	5.0	9.0	13.9	17.8	21.2	10.8
	Yağış	2018	38.6	77.8	30.6	13.0	51.5	8.9	41.9	79.8	342.1
	(mm)	1929-2017	51.2	50.2	39.3	35.5	36.2	53.1	54.2	42.1	361.8

Kaynak: Tokat Meteoroloji Müdürlüğü (2018)

Çizelge 3.4. Deneme alanı toprak özellikleri

		Tokat	Anlamı	Erbaa	Anlamı
Tekstür	Kil (%)	29.80		13.80	
	Silt (%)	39.14	Killi Tın	25.12	Kumlu Tın
	Kum (%)	31.08		61.80	
P <sub>2</sub> O <sub>5</sub> (kg/da)		5.68	Az	6.18	Orta
K <sub>2</sub> O (kg/da)		157.70	Çok fazla	175.30	Çok fazla
Kireç (%)		20.60	Fazla	2.39	Az
Organik Madde (%)		1.00	Az	0.95	Çok az
pH		8.10	Kuvvetli alkali	7.81	Hafif alkali
EC (mS)		0.22	Tuzsuz	0.13	Tuzsuz



Şekil 3.2. Tokat Kapalı denemesinin farklı gelişme dönemleri. a: kardeşlenme, b: sapa kalkma, c: çiçeklenme ve d: olgunlaşma.

Ekim elle ve 15 kg/da tohumluk hesabıyla yapılmıştır. Tokat Kapalı denemesi 2 m uzunlukta üç, açık denemeler ise 3 m uzunluğunda beş sıradan oluşmuştur. Tüm denemelerde sıra aralığı 20 cm'dir. Yabancı otlar 2,4-D etkili madde içeren bir herbisit ile kontrol edilmiştir. Külleme hastalığı başlangıcı görüldüğünde, Boscalid ve Kresoxim-methyl etkili maddeli fungusit ile ilaçlama yapılmıştır. Parsellere dekara 7.5 kg fosfor ve 8 kg saf azot hesabıyla gübre uygulanmıştır. Fosforlu gübrenin tamamı (triple süper fosfat) ve azotlu gübrenin yarısı (amonyum sülfat) ekimle birlikte, diğer yarısı (üre) sapa kalkma dönemi öncesi verilmiştir. Parsel alanlarının tamamı büyük çim biçme makaslarıyla hasat edilmiş, demet halinde tarlada kurutulduktan sonra makineyle harmanlanmıştır. Ekim ve hasat zamanları Çizelge 3.5'te verilmiştir. Tokat denemeleri aynı arazide gerçekleştirilmiştir. Tokat deneme alanının tarla kapasitesi %21.35, solma noktası ise %11.30'dur. Tokat denemelerinde toprağın nem içeriği gravimetrik yöntemle belirlenmiştir (Cömert ve Öztekin, 2016). Deneme alanı toprağındaki nem içeriği değerleri Çizelge 3.6.'te verilmiştir.

Çizelge 3.5. Tarla denemelerinin ekim ve hasat tarihleri

Deneme	Ekim tarihi	Hasat Tarihi
Tokat Kapalı	11 Kasım 2017	06 Haziran 2018
Tokat Açık	11 Kasım 2017	05 Haziran 2018
Tokat Açık Yazlık	05 Şubat 2018	18 Haziran 2018
Erbaa Açık Yazlık	01 Şubat 2018	11 Haziran 2018

Çizelge 3.6. Tokat deneme alanının toprak nem içeriği (%)

Alındığı tarih	Tokat Açık	Tokat Kapalı
16 Nisan 2018	13.10	11.00
25 Nisan 2018	17.60	12.30
02 Mayıs 2018	15.80	10.30
15 Mayıs 2018	19.10	10.20
23 Mayıs 2018	19.20	8.40
03 Mayıs 2018	16.70	7.90

Tarla denemelerinde ve elde edilen tanede aşağıdaki gözlem, test ve analizler yapılmıştır:

**Başaklanma süresi (gün):** Ekim tarihinden bitkilerin %50'sinin kılçıklarını çıkardığı tarihe kadar geçen süre gün olarak belirlenmiştir (Kandemir ve ark., 2000).

**Bitki boyu (cm):** Her parselden tesadüfi seçilen 20 bitki başak ucu (kılçık hariç) ile toprak yüzeyi arasındaki uzaklık ölçülerek belirlenmiştir (Kandemir ve ark., 2000).

**Nispi su içeriği (%):** Sera denemeleri kısmında daha önceden verilmiştir. Sera denemelerinden farklı olarak, başaklanma dönemi sonrasında altı bayrak yaprakta ölçülen ölçülmüş, 5-6 gün arayla 13.00 ile 15.00 saatleri arasında yapılan beş örnekleminin ortalaması ile belirlenmiştir.

**Yaprak sıcaklığı (°C):** Taşınabilir bir infrared termometre (Omega OS530HRE) ile yaprak doğal açısında, 0.95'e ayarlı yaprak emisyonunda belirlenmiştir (Silva ve ark., 2007). Değerler başaklanma dönemi sonrasında, bir hafta ara ile yapılan iki ölçümün ortalaması olarak belirlenmiştir. Ölçümler bulutsuz günlerde, 13.00 ile 15.00 saatleri arasında yapılmıştır.

**Kanopi sıcaklığı (°C):** Bitkiler başaklandıktan sonra, portatif bir infrared termometre (Omega OS 530HRE) ile sıraya 2 m mesafeden, sıra yönüne dik açı ile yatay eksene 30 derece açıyla sıcaklık ölçülmüştür. Ölçüm her parseldeki bir sırada üç defa yapılmış ve

ortalaması alınmıştır (Rashid ve ark., 1999). Ölçümler bulutsuz günlerde, 13.00 ile 15.00 saatleri arasında yapılmıştır.

**SPAD indeksi:** Bayrak yaprakta SPAD indeksi çiçeklenmeden iki hafta sonra haftalık olarak bir klorofil metre (Konika Minolka, SPAD-502) kullanılarak ölçülmüş ve SPAD birimi olarak ifade edilmiştir (Montilla-Bascon ve ark., 2017). Her parselde altı bitkide, bayrak yaprakta üç ölçüm yapılmış ve ortalaması alınmıştır (Guo ve ark., 2008). Ölçümler bulutsuz günlerde 13.00 ile 15.00 saatleri arasında yapılmıştır.

**Klorofil foresan parametreleri:** Başlangıç floresan ( $F_0$ ), maksimum floresan ( $F_M$ ), değişken floresan ( $F_V$ ) ve maksimum PSII kuantum etkinliği ( $F_V/F_M$ ) klorofil fluorometre (Opti-Sciences, OS30p+) kullanılarak ölçülmüştür. Ölçümler altı bayrak yaprakta, çiçeklenmeden sonra haftalık olarak yapılmıştır (Guo ve ark., 2008). Tüm ölçümler karanlık adaptasyon klipsleri ile 25 dakika karanlık bir periyot sonrasında gerçekleştirilmiştir. Ölçümler bulutsuz günlerde, 13.00 ile 15.00 saatleri arasında yapılmıştır.

**Yatma oranı (%):** Her parselde yatan bitkilerin oranı gözleme dayalı % olarak belirlenmiştir (Kandemir ve ark., 2000).

**Olgunlaşma süresi (gün):** Ekim tarihinden itibaren yaprakların tamamının sarardığı tarih arasındaki süre dikkate alınarak belirlenmiştir (Öztürk ve ark., 2007).

**Biyolojik verim (kg/da):** Hasat edilen parsel ürünleri, beş gün süreyle deneme alanında kurumaya bırakılmış ve daha sonra bu ürünler tartılarak hesaplanmıştır (Lakew ve ark., 2011).

**Başakta tane sayısı:** Her parselden rastgele seçilen 40 bitkinin başakta tane sayısı sayılarak ortalaması alınmıştır (Lakew ve ark., 2011).

**Başak uzunluğu (cm):** Her parselden hasattan sonra 40 başak örneği alınmış, başak alt boğumundan kılçıklar hariç başakta en üst başakçık ucuna kadar ölçülüp ortalaması alınarak hesaplanmıştır (Lakew ve ark., 2011).

**Tane verimi (kg/da):** Harman edildikten sonra elde edilen tane ürünü temizlenip tartılarak elde edilen değerler %8 sabit nem içeriğine göre hesaplanmıştır.

**Metrekarede başak sayısı:** Toplam parsel verimi, başakta tane sayısı ve bin tane ağırlığı üzerinden hesaplama yoluyla belirlenmiştir (Aisawi ve ark., 2009).

**Hasat indeksi (%):** Tane verimi elde edildiği parselde ait biyolojik verime oranlanarak hesaplanmıştır (Chloupek ve ark., 2010).

**Bin tane ağırlığı (g):** Tane üründen dört adet 100 tane sayılmış ve ortalaması alınarak %8 sabit nem içeriğine göre bin tane ağırlığı belirlenmiştir (Kandemir ve ark., 2000).

**Hektolitre ağırlığı (kg):** Elde edilen tane ürün kılçıklarından tamamen ayrıldıktan sonra dört adet 250 ml ölçüm yapılmış ortalaması alınarak 400 ile çarpılmış ve %8 sabit nem içeriğine göre hektolitre ağırlıkları hesaplanmıştır.

**Ham protein oranı (%):** Laboratuvarında 1 mm'lik elekten geçecek şekilde öğütülen örneklerin azot oranları Kjeldahl metodu ile belirlenmiş ve elde edilen değerler 5.83 faktörüyle çarpılarak ham protein oranları hesaplanmıştır (Alkan ve Kandemir, 2010).

### 3.2.6. İstatistiksel analizler

GM<sub>4</sub>F<sub>2</sub> hatlarından elde edilen veriler bu hatların geliştirildiği tekrarlanan ebeveynlerle karşılaştırılarak aktarılan bölgelerin meydana getirdiği etkiler incelenmiştir. Sera denemeleri tesadüf parselleri deneme desenine, tarla denemeleri tesadüf blokları deneme desenine göre varyans analizine tabi tutulmuştur. Ortalamalar arasındaki farkların önemliliği Duncan çoklu karşılaştırma testi ile belirlenmiştir. Tüm veriler MSTAT-C paket programı kullanılarak analiz edilmiştir (Freed ve Eisensmith 1986). Varyans analiz tabloları tez görünümünü ve bütünlüğünü bozmaması için ekler bölümünde verilmiştir. Farklılıkların daha iyi gözlemlenmesi için, önemlilik dereceleri ne olursa olsun tüm çoklu karşılaştırmalar %5 seviyesinde gerçekleştirilmiştir.



## 4. BULGULAR VE TARTIŞMA

### 4.1. Genomik Seleksiyon ile Hatların Geliştirilmesi

DNA markörlerinin seleksiyon için kullanılabilmesi ebeveyn çeşitler arasında polimorfik olmalarına bağlıdır. Bu amaçla tekrarlanan ebeveyn Baronesse ve donör ebeveyn Tadmor arasında polimorfizm araştırması yapılmıştır. Markörlere ait polimorfizm sonuçları Çizelge 4.1’de verilmiştir.

Çizelge 4.1. Markörlere ait polimorfizm sonuçları

Kr	cM	Markör adı	Polimorfizm durumu	Kr	cM	Markör adı	Polimorfizm durumu
1	7	Bmag021	Polimorfik	1	81	Bmag369	Polimorfik değil
1	12	EBmac713	Polimorfik değil	1	84	GBMS111	Polimorfik değil
1	16	EBmag794	Polimorfik	1	83	InDel7062	Polimorfik değil
1	23	GBMS094	Polimorfik değil	1	83	Bmag507	Polimorfik
1	35	EBmac603	Polimorfik	1	86	InDel7068	Polimorfik değil
1	46	GBMS035	Polimorfik	1	86	InDel7069	Polimorfik değil
1	46	GBMS129	Polimorfik değil	1	88	GBMS120	Polimorfik
1	53	GBM1464	Polimorfik	1	89	GBMS63	Polimorfik değil
1	66	GBMS226	Polimorfik	1	90	InDel7073	Polimorfik değil
1	72	Bmac187	Polimorfik	1	90	InDel7074	Polimorfik
1	72	GBM1432	Polimorfik değil	1	90	EBmac764	Polimorfik
1	73	scssr15834	Polimorfik	1	95	GBMS141	Polimorfik
1	73	GBM1030	Polimorfik değil	1	95	InDel7083	Polimorfik değil
1	75	Bmag900	Polimorfik	1	98	InDel7086	Polimorfik değil
1	77	Bmag341	Polimorfik değil	1	98	Bmag120	Polimorfik
1	78	Bmag359	Polimorfik	1	106	InDel7097	Polimorfik
1	78	Bmag110	Polimorfik	1	110	InDel7104	Polimorfik değil
1	78	GBMS041	Polimorfik	1	122	GBM1362	Polimorfik değil
1	79	Bmag516	Polimorfik	1	125	EBmac755	Polimorfik değil
1	79	Bmag217	Polimorfik	1	133	GBMS112	Polimorfik değil
1	77	GBMS3	Polimorfik	1	136	Bmac156	Polimorfik
1	79	GBMS164	Polimorfik	1	147	Bmag135	Polimorfik
1	85	Bmag321	Polimorfik değil	1	147	NK1-47	Polimorfik
1	80	InDel7065	Polimorfik değil	1	156	InDel7133	Polimorfik değil
1	80	InDel7066	Polimorfik değil	1	156	InDel7136	Polimorfik
2	1	InDel2001	Polimorfik	2	66	EBmac607	Polimorfik
2	8	GBMS247	Polimorfik değil	2	67	EBmag0623	Polimorfik
2	30	HVM36	Polimorfik	2	68	GMS3	Polimorfik
2	30	GBM1035	Polimorfik değil	2	69	Bmac0093	Polimorfik
2	38	GBMS2	Polimorfik	2	69	NK2-069	Polimorfik değil
2	41	Bmac222	Polimorfik değil	2	71	EBmac684	Polimorfik
2	38	GBM1052	Polimorfik değil	2	73	Bmag0720	Polimorfik
2	43	GBMS229	Polimorfik	2	75	Bmag829	Polimorfik değil
2	43	scssr10226	Polimorfik değil	2	76	Bmag518	Polimorfik
2	49	scssr07759	Polimorfik değil	2	79	GBMS160	Polimorfik değil
2	48	GBMS137	Polimorfik	2	81	Bmag378	Polimorfik değil
2	49	GBMS66	Polimorfik	2	82	Bmag711	Polimorfik
2	50	Bmac218	Polimorfik değil	2	81	InDel2063	Polimorfik değil
2	50	GBM1011	Polimorfik değil	2	82	InDel2069	Polimorfik

Çizelge 4.1. (Devam) Markörlere ait polimorfizm sonuçları

2	50	GBMS139	Polimorfik değil	2	82	GBM1468	Polimorfik
2	55	NK2-55	Polimorfik	2	89	Bmag125	Polimorfik
2	59	GBM1251	Polimorfik değil	2	94	GBM1328	Polimorfik
2	59	GBMS233	Polimorfik	2	102	GBM1208	Polimorfik
2	60	NK2-060	Polimorfik değil	2	117	EBmac0415	Polimorfik
2	60	NK2-0601	Polimorfik	2	118	GBMS040	Polimorfik
2	62	scssr3381	Polimorfik	2	122	HVM54	Polimorfik
2	64	GBM5230	Polimorfik değil	2	123	GBM1498	Polimorfik değil
2	64	NK2-064	Polimorfik değil	2	128	InDel2123	Polimorfik
2	65	GBM1172	Polimorfik	2	133	InDel2133	Polimorfik değil
2	65	GBM1459	Polimorfik	2	153	GBMS216	Polimorfik değil
2	66	HVM23	Polimorfik değil	2	156	GBM1036	Polimorfik
3	4	GBM1280	Polimorfik	3	80	GBMS204	Polimorfik
3	8	InDel3002	Polimorfik değil	3	80	GBMS45	Polimorfik
3	8	InDel3003	Polimorfik değil	3	90	GBM1233	Polimorfik
3	8	InDel3004	Polimorfik değil	3	90	GBM1043	Polimorfik değil
3	8	InDel3005	Polimorfik değil	3	94	Bmag841	Polimorfik
3	8	InDel3006	Polimorfik	3	101	Bmag606	Polimorfik
3	20	EBmac705	Polimorfik	3	113	Bmag13	Polimorfik
3	50	GBMS166	Polimorfik	3	122	GBM1037	Polimorfik değil
3	50	GBMS50	Polimorfik değil	3	124	BMAG0877	Polimorfik değil
3	50	GBMS57	Polimorfik	3	129	GBM1050	Polimorfik değil
3	54	Bmag603	Polimorfik	3	137	EBmac541	Polimorfik
3	54	Bmac0067	Polimorfik değil	3	137	HV13GEIII	Polimorfik
3	54	GBMS110	Polimorfik	3	139	HVM070	Polimorfik değil
3	66	InDel3055	Polimorfik	3	155	InDel3144	Polimorfik
4	0	GBM1501	Polimorfik	4	69	InDel4074	Polimorfik
4	15	GBM1221	Polimorfik	4	72	InDel4079	Polimorfik değil
4	22	HVM40	Polimorfik	4	78	GBM1350	Polimorfik değil
4	26	GBMS114	Polimorfik değil	4	80	GBM1044	Polimorfik değil
4	29	GBM1323	Polimorfik	4	80	GBMS190	Polimorfik değil
4	36	GBM1482	Polimorfik	4	91	InDel4082	Polimorfik değil
4	40	HVKNOX3	Polimorfik değil	4	91	InDel4094	Polimorfik değil
4	45	Bmag306	Polimorfik değil	4	111	GBM1448	Polimorfik
4	45	HVOle	Polimorfik değil	4	128	GBM1059	Polimorfik değil
4	50	HVPAZXG	Polimorfik	4	128	InDel4154	Polimorfik değil
4	54	Bmag808	Polimorfik	4	130	InDel4155	Polimorfik
4	54	EBmac906	Polimorfik değil	4	132	GBM1453	Polimorfik değil
5	1	InDel1001	Polimorfik	5	111	InDel1142	Polimorfik değil
5	1	InDel1003	Polimorfik değil	5	117	InDel1144	Polimorfik değil
5	1	GBMS187	Polimorfik değil	5	118	InDel1145	Polimorfik
5	28	Bmac399	Polimorfik değil	5	119	InDel1146	Polimorfik
5	30	Bmac213	Polimorfik	5	119	InDel1147	Polimorfik değil
5	49	Bmag872	Polimorfik	5	119	InDel1148	Polimorfik değil
5	60	Bmag211	Polimorfik değil	5	119	InDel1149	Polimorfik değil
5	64	EBmac501	Polimorfik değil	5	123	GBMS0012	Polimorfik
5	66	GMS21	Polimorfik değil	5	128	GBM1308	Polimorfik değil
5	73	Bmac0032	Polimorfik	5	135	GBM1461	Polimorfik
5	87	Bmac154	Polimorfik	5	138	EBmac0565	Polimorfik değil
5	101	GBM1002	Polimorfik değil				
6	7	Bmac316	Polimorfik	6	93	NK6-093	Polimorfik değil
6	20	InDel6015	Polimorfik değil	6	95	NK6-095	Polimorfik
6	20	InDel6016	Polimorfik değil	6	95	NK6-0951	Polimorfik değil
6	20	InDel6017	Polimorfik değil	6	95	GBM1008	Polimorfik

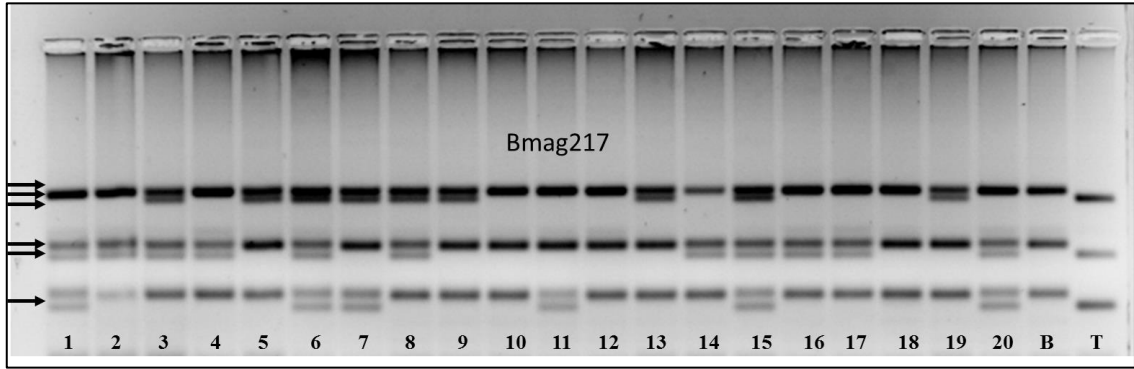
Çizelge 4.1. (Devam) Markörlere ait polimorfizm sonuçları

6	20	InDel6018	Polimorfik değil	6	97	InDel6067	Polimorfik
6	20	InDel6021	Polimorfik değil	6	97	scssr05599	Polimorfik
6	31	Bmag500	Polimorfik	6	97	InDel6068	Polimorfik değil
6	40	GBM1021	Polimorfik	6	97	InDel6069	Polimorfik değil
6	58	Bmag173	Polimorfik değil	6	97	InDel6070	Polimorfik değil
6	60	Bmac127	Polimorfik	6	98	GBM1140	Polimorfik değil
6	64	Bmag0496	Polimorfik değil	6	99	GBM1356	Polimorfik değil
6	64	GBM1063	Polimorfik	6	100	InDel6071	Polimorfik değil
6	67	EBmag0853	Polimorfik değil	6	100	NK6-100	Polimorfik değil
6	67	Bmag0613	Polimorfik	6	105	GBM1022	Polimorfik değil
6	75	EBmac806	Polimorfik	6	105	scssr00103	Polimorfik
6	76	GBM1256	Polimorfik değil	6	106	InDel6073	Polimorfik değil
6	76	EBmac602	Polimorfik	6	106	InDel6074	Polimorfik
6	82	InDel6057	Polimorfik değil	6	105	Bmag571	Polimorfik
6	83	InDel6058	Polimorfik değil	6	113	NK6-113	Polimorfik
6	83	InDel6060	Polimorfik değil	6	115	Bmac0040	Polimorfik
6	83	InDel6061	Polimorfik değil	6	116	InDel6076	Polimorfik
6	83	InDel6063	Polimorfik değil	6	120	GBM1276	Polimorfik değil
6	38	InDel6064	Polimorfik değil	6	125	GBM1087	Polimorfik
6	90	HVM11	Polimorfik değil	6	125	GBM1275	Polimorfik değil
6	92	InDel6065	Polimorfik	6	124	GBM1404	Polimorfik değil
6	92	InDel6066	Polimorfik değil	6	135	InDel6097	Polimorfik değil
7	7	scssr02306	Polimorfik	7	126	GBM1436	Polimorfik değil
7	19	GBM1176	Polimorfik	7	132	GBM1054	Polimorfik değil
7	37	Bmac163	Polimorfik	7	138	GMS27	Polimorfik değil
7	45	Bmag337	Polimorfik	7	144	GBMS77	Polimorfik
7	53	Bmac96	Polimorfik	7	156	GBM1164	Polimorfik değil
7	65	Bmag357	Polimorfik değil	7	156	GBM1064	Polimorfik
7	80	GBM1483	Polimorfik değil	7	160	HVM6	Polimorfik
7	87	Bmag223	Polimorfik	7	160	GBM1001	Polimorfik değil
7	107	InDel5180	Polimorfik	7	166	InDel5236	Polimorfik değil
7	126	EBmac824	Polimorfik	7	166	InDel5238	Polimorfik değil

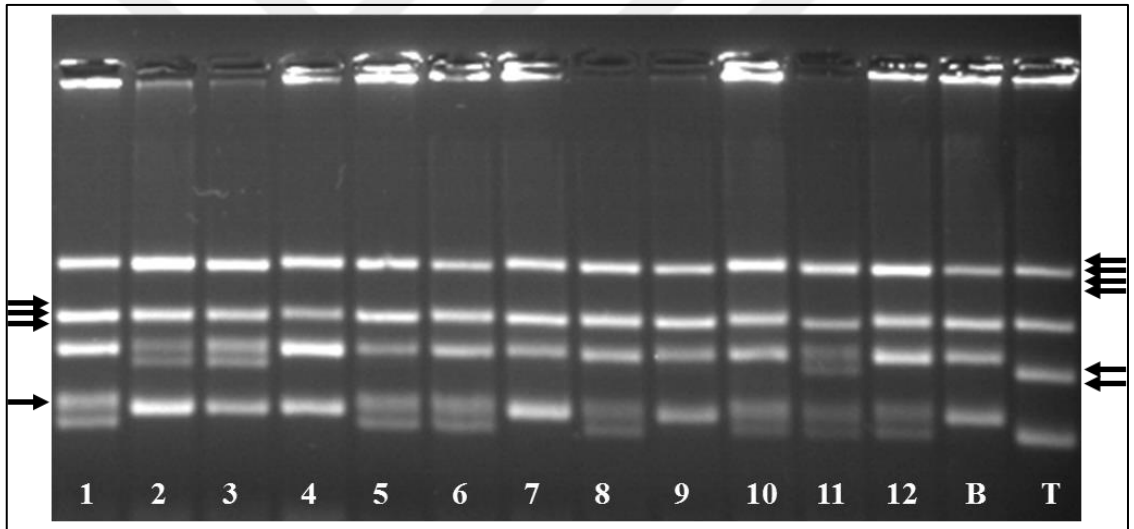
Kr: Kromozom. cM: santimorgan. Koyu renkli yazılan markörler ilgili QTL'leri seçmek için, diğerleri ise genomik arka planı belirlemek için kullanılan markörlerdir.

#### 4.1.1. F<sub>1</sub> ve GM<sub>1</sub>F<sub>1</sub> jenerasyonu

Tadmor çeşidinden kuraklığa tolerans QTL'lerinin (QTL1, QTL2 ve QTL6) Baronesse çeşidine aktarılması için başlangıç melezlemesinden sonra iki farklı F<sub>1</sub> bitkisi Baronesse çeşidine geri melezlenmiştir. Her iki paralel hattın elde edilen toplam 169 GM<sub>1</sub>F<sub>1</sub> hattı ilk önce QTL1'e bağlı üç, QTL2'ye bağlı üç ve QTL6'ya bağlı dört olmak üzere 10 markör ile taranmıştır. QTL bölgelerinin seleksiyonu için kullanılan iki SSR markörüne ait jel resmi Şekil 4.1'de verilmiştir. Üç QTL bölgesini birlikte heterozigot taşıyan toplam 12 hat seçilmiştir. Bu hatlar, genetik arka planında Tadmor allellerini en az taşıyan hatların seleksiyonu için 21 markör ile taranmıştır. Genetik arka plan seleksiyonu için kullanılan dört SSR markörüne ait jel resmi Şekil 4.2'de, DNA markör taramalarının sonuçları Çizelge 4.2'de verilmiştir.



Şekil 4.1. GM<sub>1</sub>F<sub>1</sub> hatlarının QTL1 bölgesine bağlı Bmag217 SSR markörü ile taranması. %3'lük metafor agaroz jel kullanılmıştır. Jelden tasarruf etmek için aynı jele birden fazla yükleme yapılmıştır. Tek ok ile gösterilen sıra birinci yüklemeyi, çift ok ile gösterilen sıra ikinci yüklemeyi ve üç okla gösterilen sıra ise üçüncü yüklemeyi işaret etmektedir. 1-20 geri melez hatları; B: Baronesse, T: Tadmor. Bu markör ilgili QTL bölgesi ile bağlantılı olduğu için heterozigot bitkiler (örneğin 1, 6, 7, 11 ve 15 gibi) seçilmiştir.

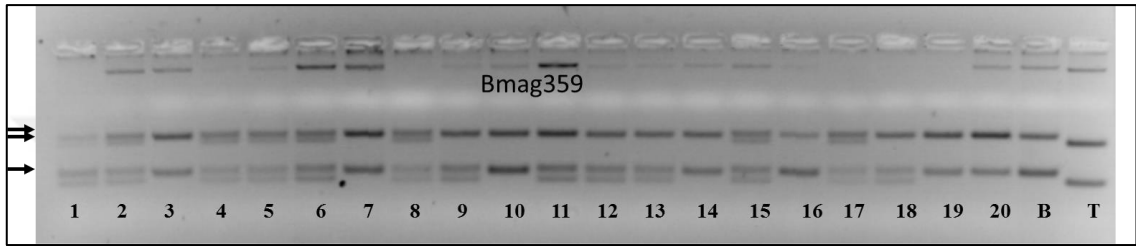


Şekil 4.2. GM<sub>1</sub>F<sub>1</sub> hatlarının genetik arka plan seleksiyonu için kullanılan dört SSR markörü ile taranması. %3'lük metafor agaroz jel kullanılmıştır. Jelden tasarruf etmek için aynı jele birden fazla yükleme yapılmıştır. Tek ok ile gösterilen sıra birinci yüklemeyi (Bmag021), iki ok ile gösterilen sıra ikinci yüklemeyi (Bmag013), üç okla gösterilen sıra üçüncü yüklemeyi (GBM1323) ve dört ok ile gösterilen sıra dördüncü yüklemeyi (scsr02306) işaret etmektedir. 1-12 geri melez hatları; B: Baronesse, T: Tadmor. Bu markörler genetik arka plan seleksiyonu olarak kullanıldığı için anaç genotipe benzer homozigot bitkiler (örneğin Bmag021 markörü için 2, 3, 4, 7 ve 9 gibi) seçilmiştir.

#### 4.1.2. GM<sub>2</sub>F<sub>1</sub> jenerasyonu

Her üç QTL bölgesini de Tadmor'dan taşıyan, ancak QTL dışındaki genomik arka plan bölgelerinde en az sayıda Tadmor alleli en az taşıyan iki GM<sub>1</sub>F<sub>1</sub> hattı Baronesse çeşidine

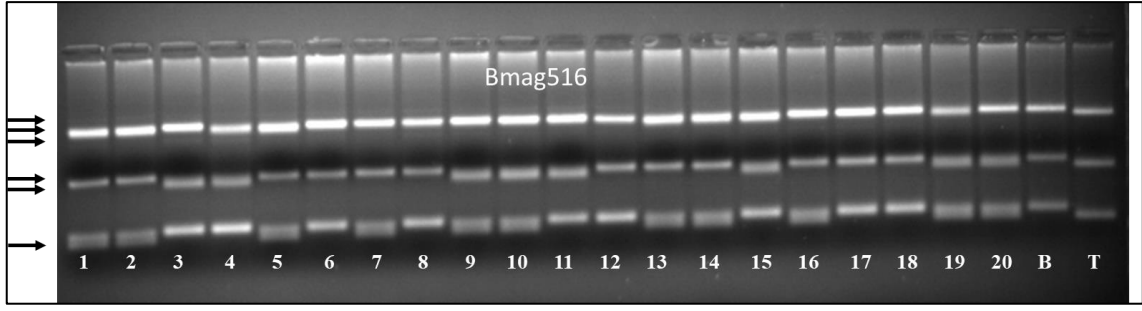
geri melezlenmiştir. Her iki paralel hattın üretilen toplam 186 GM<sub>2</sub>F<sub>1</sub> hattı yeniden ilgili QTL1 ve QTL2'ye bağlı üç ve QTL6'ya bağlı dört markör ile taranmıştır. Bu bölgelerin seleksiyonu için kullanılan Bmag359 SSR markörüne ait jel resmi Şekil 4.3'te verilmiştir. Her üç bölgenin Tadmor allellerini de taşıyan 15 hat belirlenmiştir. Bu hatların genetik arka planlarının belirlenmesi için 25 markör kullanılmıştır. Bu markörler daha önce yapılan arka plan taramasında hatların Tadmor allellerini taşıdığı belirlenen markörlere ek olarak daha önce çalışılmamış arka plan markörleridir. DNA markör taramalarının sonuçları Çizelge 4.2'de verilmiştir.



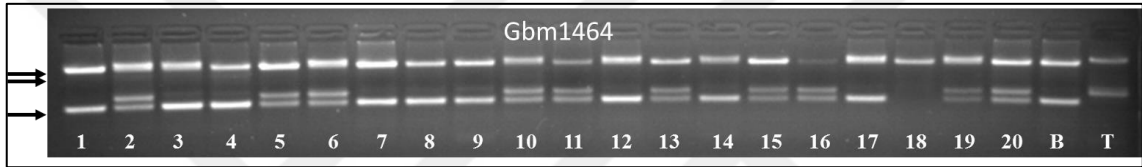
Şekil 4.3. GM<sub>2</sub>F<sub>1</sub> hatlarının QTL1 bölgesine bağlı Bmag359 SSR markörü ile taranması. %3'lük metafor agaroz jel kullanılmıştır. Jelden tasarruf etmek için aynı jele birden fazla yükleme yapılmıştır. Tek ok ile gösterilen sıra birinci yüklemeyi, çift ok ile gösterilen sıra ikinci yüklemeyi işaret etmektedir. 1-20 geri melez hatları; B: Baronesse, T: Tadmor. Bu markör ilgili QTL bölgesi ile bağlantılı olduğu için heterozigot bitkiler (örneğin 1, 2, 4, 5, 6, 8, 9, 11, 12, 13, 15, 17 ve 18 gibi) seçilmiştir.

#### 4.1.3. GM<sub>3</sub>F<sub>1</sub> jenerasyonu

Genetik arka planında Baronesse allellerini en çok taşıyan iki GM<sub>2</sub>F<sub>1</sub> hattı Baronesse çeşidine geri melezlenerek iki paralel hattın üretilen toplam 332 GM<sub>3</sub>F<sub>1</sub> hattı ilk önce ilgili QTL'lere bağlı markörler ile taranmıştır. Bu bölgelerin seleksiyonu için kullanılan bir SSR markörüne ait jel resmi Şekil 4.4'te verilmiştir. Bu jenerasyonda tek bir QTL bölgesi taşıyan hatlardan toplamda her bir QTL bölgesi için 18-22 arasında hat seçilmiştir. Bu hatların genetik arka planlarının belirlenmesi için yirmi iki markör kullanılmıştır. Bu markörler yine, önceki jenerasyonda heterozigot olanlar ve daha önce çalışılmamış arka plan markörlerinden seçilmiştir. Arka plan seleksiyonu için kullanılan bir SSR markörüne ait jel resmi Şekil 4.5'te verilmiştir. Bu jenerasyonda arka plan markörlerinin tamamı çalışılmıştır. DNA markör taramalarının sonuçları Çizelge 4.2'de verilmiştir.



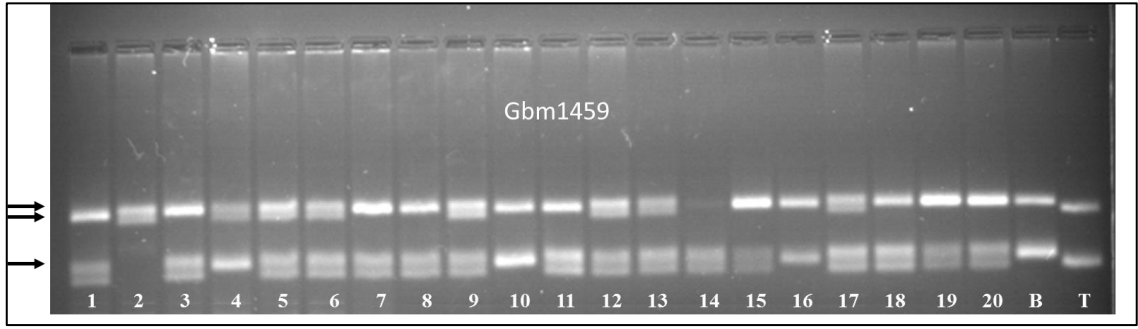
Şekil 4.4. GM<sub>3</sub>F<sub>1</sub> hatlarının QTL1 bölgesine bağlı Bmag516 SSR markörü ile taranması. %3'lük metafor agaroz jel kullanılmıştır. Jelden tasarruf etmek için aynı jele birden fazla yükleme yapılmıştır. Tek ok ile gösterilen sıra birinci yüklemeyi, çift ok ile gösterilen sıra ikinci yüklemeyi, üç okla gösterilen üçüncü yüklemeyi işaret etmektedir. 1-20 geri melez hatları; B: Baronesse, T: Tadmor. Bu markör ilgili QTL bölgesi ile bağlantılı olduğu için heterozigot bitkiler (örneğin 1, 2, 5, 7, 9, 10, 13, 14, 16, 19 ve 20 gibi) seçilmiştir.



Şekil 4.5. GM<sub>3</sub>F<sub>1</sub> hatlarının genetik arka plan seleksiyonu için Gbm1464 markörü ile taranması. %3'lük metafor agaroz jel kullanılmıştır. Jelden tasarruf etmek için aynı jele birden fazla yükleme yapılmıştır. Tek ok ile gösterilen sıra birinci yüklemeyi, çift ok ile gösterilen sıra ikinci yüklemeyi işaret etmektedir. 1-20 geri melez hatları; B: Baronesse, T: Tadmor. Genetik arka plan seleksiyonu için homozigot bitkiler (örneğin 1, 3, 4, 7, 8, 9, 12, 14 ve 17 gibi) seçilmiştir.

#### 4.1.4. GM<sub>4</sub>F<sub>1</sub> jenerasyonu

Arka plan seleksiyonu için incelenen DNA markörleri bakımından Baronesse allellerini en çok taşıyan iki GM<sub>3</sub>F<sub>1</sub> hattı Baronesse çeşidine geri melezlenmiştir. İki paralel hattan üretilen toplam 337 GM<sub>4</sub>F<sub>1</sub> hattı ilk önce ilgili QTL'lere bağlı markörler ile taranmıştır. İlgili QTL'in Tadmor allellerini taşıyan hat, diğer iki QTL için kullanılan DNA markörleriyle de taranmış ve Baronesse allellerini taşıyan hatlar seçilmiştir. İlgili QTL bölgesinin seleksiyonu için kullanılan bir SSR markörüne ait jel resmi Şekil 4.6'da verilmiştir. Toplamda her bir QTL bölgesinden 19-23 arasında hat seçilmiştir. Seçilen hatların genetik arka planlarının belirlenmesi için önceki jenerasyonda heterozigot olan DNA markörleri kullanılmıştır. DNA markör taramalarının sonuçları Çizelge 4.2'de verilmiştir. Bu jenerasyonda genetik arka plan seleksiyonu tamamlanmış, geliştirilen hatların tamamının incelenen arka plan markörleri bakımından Baronesse allellerini homozigot taşıdıkları belirlenmiştir.



Şekil 4.6. GM<sub>4</sub>F<sub>1</sub> hatlarının QTL2 bölgesine bağlı GBM1459 markörü ile taranması. %5'lik metafor agaroz jel kullanılmıştır. Jelden tasarruf etmek için aynı jele birden fazla yükleme yapılmıştır. Tek ok ile gösterilen sıra birinci yüklemeyi, çift ok ile gösterilen sıra ise ikinci yüklemeyi işaret etmektedir. 1-20 geri melez hatları; B: Baronesse, T: Tadmor. Bu markör ilgili QTL bölgesi ile bağlantılı olduğu için heterozigot bitkiler (örneğin 1, 3, 5, 6, 7, 8, 9, 11, 12, 13, 14, 15, 17, 18, 19 ve 20 gibi) seçilmiştir.

Çizelge 4.2. Markör destekli geri melez ıslah programında farklı jenerasyonlarda seçilen bitki ve incelenen markör sayıları

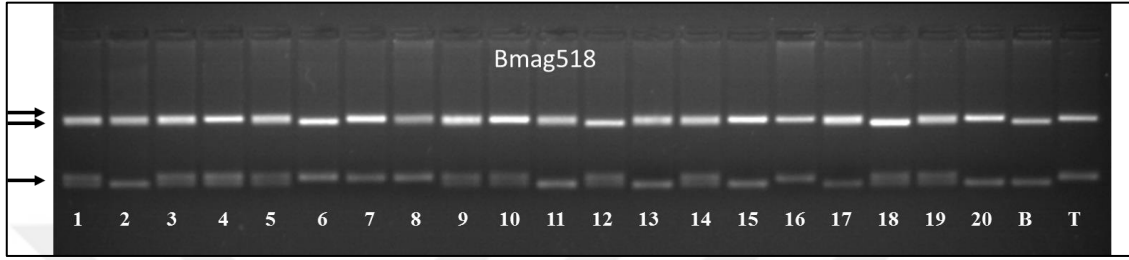
		QTL Bölgeleri			Arka plan markörleri		
Jenerasyon		Taşıdığı QTL	İncelenen hat sayısı	Seçilen hat sayısı	Toplam taranan markör sayısı	Baronesse alleli taşıyan markör sayısı	Tekrarlanan anaç genomu %
A	GM <sub>1</sub> F <sub>1</sub>	1, 2 ve 6	88	6	21	16	76.2
B	GM <sub>1</sub> F <sub>1</sub>	1, 2 ve 6	81	6	21	15	71.4
A	GM <sub>2</sub> F <sub>1</sub>	1, 2 ve 6	93	7	46	40	87.0
B	GM <sub>2</sub> F <sub>1</sub>	1, 2 ve 6	93	8	47	40	85.1
A	GM <sub>3</sub> F <sub>1</sub>	1	52	20	68	63	92.6
B	GM <sub>3</sub> F <sub>1</sub>	1	56	22	68	63	92.6
A	GM <sub>3</sub> F <sub>1</sub>	2	54	21	68	62	91.2
B	GM <sub>3</sub> F <sub>1</sub>	2	54	20	68	63	92.6
A	GM <sub>3</sub> F <sub>1</sub>	6	56	18	68	64	94.1
B	GM <sub>3</sub> F <sub>1</sub>	6	60	18	67	64	95.5
A	GM <sub>4</sub> F <sub>1</sub>	1	52	22	73	73	100
B	GM <sub>4</sub> F <sub>1</sub>	1	52	23	73	73	100
A	GM <sub>4</sub> F <sub>1</sub>	2	55	21	73	73	100
B	GM <sub>4</sub> F <sub>1</sub>	2	54	22	73	73	100
A	GM <sub>4</sub> F <sub>1</sub>	6	60	19	72	72	100
B	GM <sub>4</sub> F <sub>1</sub>	6	64	20	72	72	100

A ve B her geliştirilen hattın paralelidir.

#### 4.1.5. GM<sub>4</sub>F<sub>2</sub> jenerasyonu

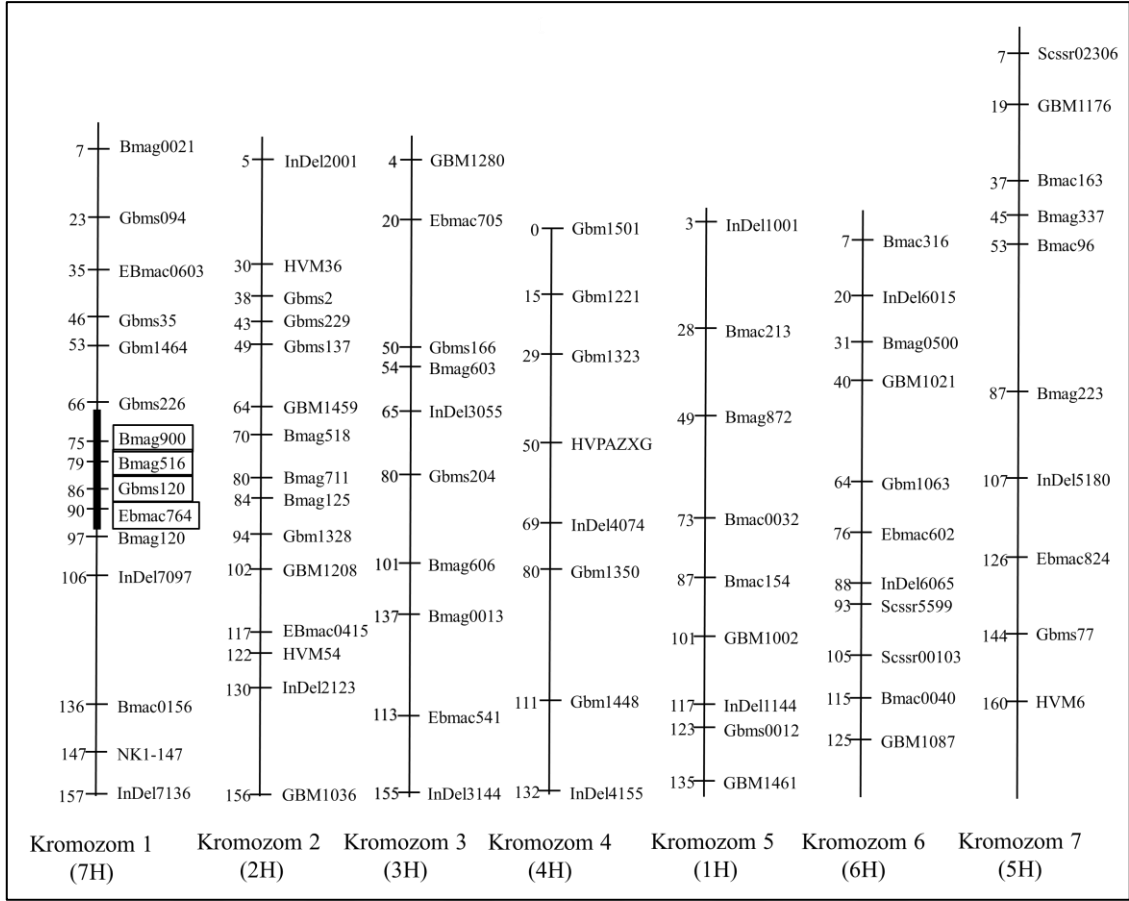
İncelenen arka plan markörlerinde Baronesse allellerini en çok taşıyan iki GM<sub>4</sub>F<sub>1</sub> hattı, QTL bölgelerini homozigot olarak taşıyanları elde etmek için kendilenmiştir. Üretilen

toplam 600 GM<sub>4</sub>F<sub>2</sub> hattı ilgili QTL'lere bağlı markörler ile taranmıştır. Bu bölgelerin seleksiyonu için kullanılan bir SSR markörüne ait jel resmi Şekil 4.7'de verilmiştir. İlgili QTL bölgesi için Tadmor allellerini homozigot taşıyan bitkiler seçilmiştir. Seçilen bitkilerin genomu Şekil 4.8, 4.9 ve 4.10'de verilmiştir. GM<sub>4</sub>F<sub>2</sub> jenerasyonunda tamamlanan bu çalışmada geliştirilen hatların ilgili QTL bölgesi dışında geri kalan genom bölgelerinde Baronesse allelleri geri kazandırılmıştır.

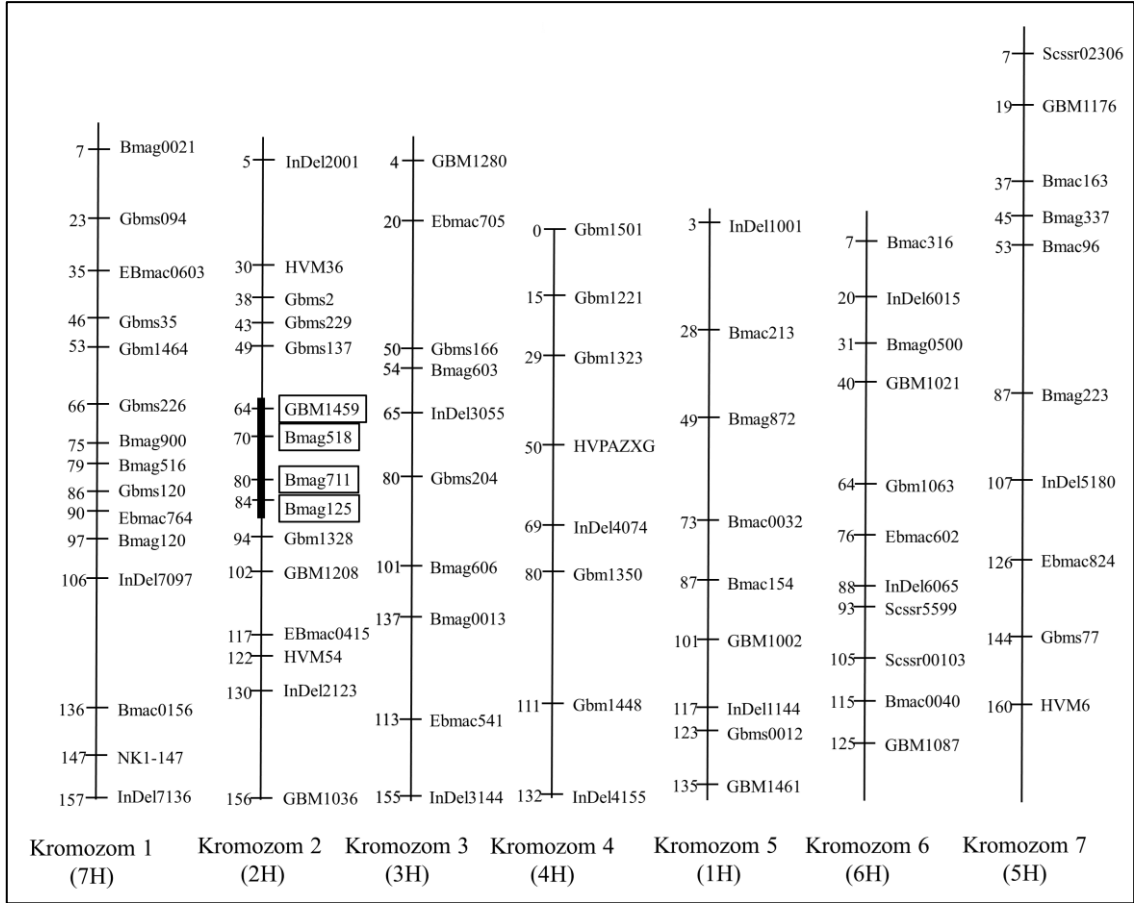


Şekil 4.7. GM<sub>4</sub>F<sub>2</sub> hatlarının QTL2 bölgesine bağlı Bmag518 markörü ile taranması. %3'lük metafor agaroz jel kullanılmıştır. Jelden tasarruf etmek için aynı jele birden fazla yükleme yapılmıştır. Tek ok ile gösterilen sıra birinci yüklemeyi, çift ok ile gösterilen sıra ikinci yüklemeyi işaret etmektedir. 1-20 geri melez hatları; B: Baronesse, T: Tadmor. Bu markör ilgili QTL bölgesi ile bağlantılı olduğu için Tadmor allellerini homozigot taşıyan bitkiler (örneğin 6, 7, 8 ve 16 gibi) seçilmiştir.

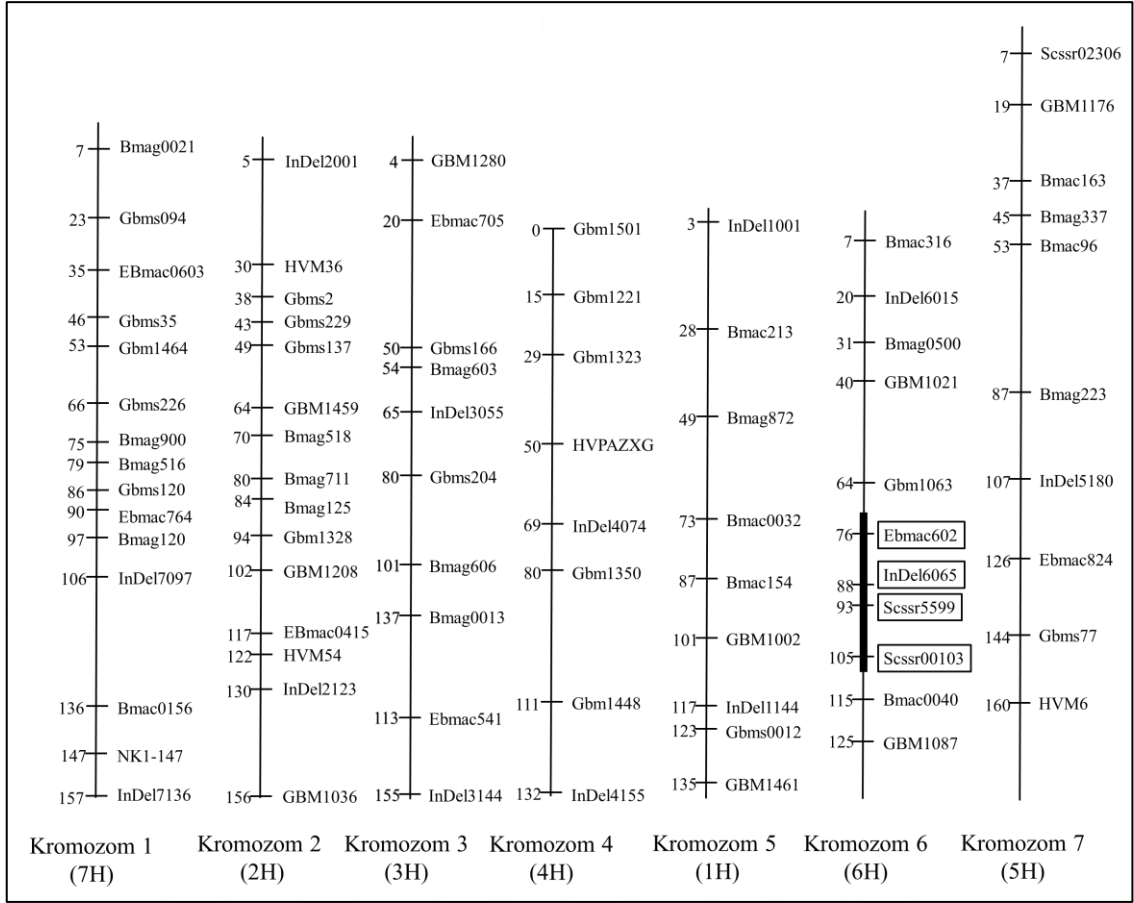




Şekil 4.8. QTL1 bölgesinin Tadmor çeşidinden transfer edilmesi ile geliştirilen GM<sub>4</sub>F<sub>2</sub> hattının genomik bileşimi. Kromozomların solundaki rakamlar cM cinsinden kromozom uzunluklarıdır. Koyu renkli çubuk transfer edilen Tadmor QTL bölgesini göstermektedir. Çerçeve içine alınan markörler bu bölgenin seçilmesi için kullanılan markörlerdir. Diğer markörler genomik arka plan seleksiyonunda kullanılan markörlerdir.



Şekil 4.9. QTL2 bölgesinin Tadmor çeşidinden transfer edilmesi ile geliştirilen GM<sub>4</sub>F<sub>2</sub> hattının genomik bileşimi. Kromozomların solundaki rakamlar cM cinsinden kromozom uzunluklarıdır. Koyu renkli çubuk transfer edilen Tadmor QTL bölgesini göstermektedir. Çerçeve içine alınan markörler bu bölgenin seçilmesi için kullanılan markörlerdir. Diğer markörler genomik arka plan seleksiyonunda kullanılan markörlerdir.



Şekil 4.10. QTL6 bölgesinin Tadmor çeşidinden transfer edilmesi ile geliştirilen GM<sub>4</sub>F<sub>2</sub> hattının genomik bileşimi. Kromozomların solundaki rakamlar cM cinsinden kromozom uzunluklarıdır. Koyu renkli çubuk transfer edilen Tadmor QTL bölgesini göstermektedir. Çerçeve içine alınan markörler bu bölgenin seçilmesi için kullanılan markörlerdir. Diğer markörler genomik arka plan seleksiyonunda kullanılan markörlerdir.

Geri melezleme ıslahında asıl hedef var olan bir çeşidi bir ya da birkaç özellik bakımından geliştirmektir. Tekrarlanan anacın genomunu geri kazanmak için yapılan geri melezlemelerde markör destekli seleksiyon kullanımıyla, bağlantı sürüklenmesi ile birlikte hareket eden istenmeyen genlerin gelmesi büyük ölçüde engellenebilmektedir. Fakat QTL konumlarının tam olarak bilinmemesi, bu gibi çalışmalarda ilgili gen ile birlikte gelebilecek birkaç yüz geni de aktarmayı zorunlu kılmaktadır. Şöyle ki; yüksek çözünürlüklü olmayan genetik haritalarda QTL konumları ancak 20-30 cM gibi geniş aralıklarda belirlenebilir. Bu çalışmada kullanılan Tadmor yerel çeşidinin Er/Apm ile haritalamasından elde edilen harita bilgisi de neredeyse bu aralıktadır (Teulat ve ark., 2001a). Bu durum bu QTL'lerin bitki ıslahında mutlak kullanılabilirliği için kromozom parçası halinde aktarılmasını zorunlu hale getirmiştir. Nitekim bu çalışmada da QTL1 için yaklaşık 20, QTL2 için 20 ve QTL6 için 30 cM'lik bir kromozom parçası aktarılmıştır.

Gen kaynağının tekrarlanan anacın karakterlerini olumsuz etkileyebilecek yabancı formlar olması durumunda tekrarlanan anacın karakteristik özelliklerini olumsuz etkileyebilecek genler gelebilir (Xu ve ark., 2018). QTL kaynağının kültür çeşitlerine genetik olarak yakın olduğu durumlarda (kültür çeşitleri ve yerel çeşitler) bu durum çok büyük bir sorun değildir. QTL'lerin en az bağlantı sürüklenmesi ile elit çeşitlere aktarılması yüksek çözünürlüklü genetik haritalama yapılması sayesinde olacaktır.

Genetik arka plan seleksiyonu ile geri melez ıslahında hedeflenen arka plan geri kazanılmıştır. Sadece ilgili QTL bölgesi için DNA markörleri ile yürütülen geri melez ıslahı programlarında tekrarlanan anacın %99 geri kazanılması, klasik geri melezleme ıslahındaki gibi altı jenerasyon geri melezleme gerektirir. Bu sürenin daha az jenerasyonda tamamlanması için kullanılan arka plan seleksiyonu, bu çalışmada ıslah sürecinin GM<sub>4</sub>F<sub>2</sub> jenerasyonunda tamamlanmasını sağlamıştır. Rahman ve ark. (2018) çeltikte su basmasına tolerans için yürüttükleri çalışmalarında, her kromozoma yaklaşık altı SSR markörü ile bütün genomu incelemiş (her 20 cM başına bir markör), üç geri melez jenerasyonunda tekrarlanan anacın genomunu %95 geri kazanarak ıslah programını tamamlamışlar, GM<sub>3</sub>F<sub>3</sub> popülasyonunda da arka plan seleksiyonu yapmışlardır. Mısır bitkisinde besin içeriğini artırmak için yürütülen markör destekli geri melezleme ıslahında genetik arka plan seleksiyonu için kromozom başına ortalama 7.4 (her 30 cM başına bir markör) DNA markörünü kullanan Hossain ve ark. (2018) tekrarlanan anacın genomunu %98 geri kazanarak iki geri melez jenerasyonu ile ıslah işlemini tamamlamışlardır. Araştırmacılar homozigot taşıyan bitkilerin seleksiyonu için yaptıkları kendilemelerde de arka plan seleksiyonu yapılmıştır. Kuraklığa tolerans QTL bölgelerinin aktarıldığı bu çalışmada, kromozom başına ortalama 10 markör ile incelenen arka plan markörleri ile tekrarlanan anacın genomu GM<sub>4</sub>F<sub>2</sub> popülasyonunda geri kazanılmıştır.

#### **4.2. Sera Denemeleri**

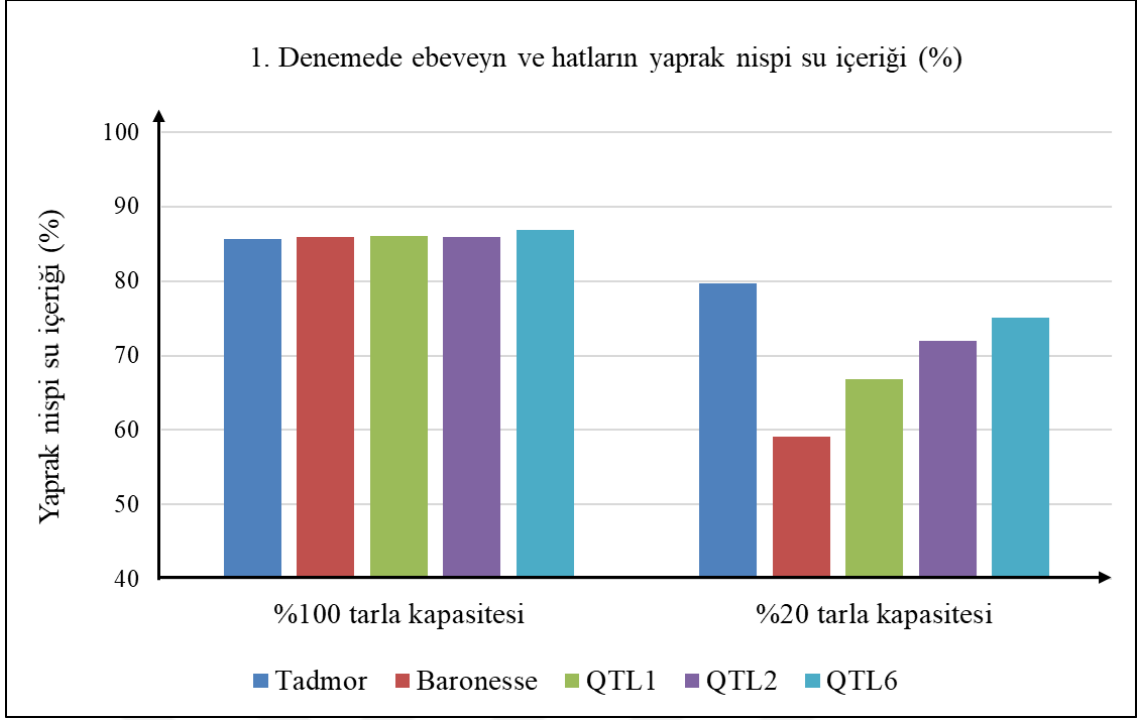
Sera denemelerinde yaprak nispi su içeriği bakımından istatistiki anlamda ( $P < 0.01$ ) önemli farklılıklar belirlenmiştir. Her iki sera denemesinde de Baronesse ve Tadmor çeşidi arasındaki farklar su uygulamasında (%100 tarla kapasitesi) istatistiki olarak önemli olmazken, su stresi uygulamasında (%20 tarla kapasitesi) önemli olmuştur

(Çizelge 4.3). Tadmor çeşidi Baronesse çeşidine göre ilk denemede %20 (Şekil 4.11), ikinci sera denemesinde ise %25 (Şekil 4.12) daha fazla yaprak nispi su içeriğine sahip olmuştur. QTL1 bölgesi taşıyan hat ilk denemede %7.7, ikinci denemede ise %4.7 daha yüksek nispi su içeriği değerlerine sahip olmasına rağmen bu fark istatistiki olarak önemli olmamıştır. QTL2 bölgesi için geliştirilen hat Baronesse çeşidinden daha yüksek nispi su içeriğine sahip olmuştur. Bu farklar ilk denemede (%12.9) istatistiki olarak önemli olurken, ikinci denemede (%4.3) önemli olmamıştır. QTL6 bölgesini taşıyan hat her iki denemede daha yüksek nispi su içeriğine sahip olmuş, bu fark ilk denemede %15.9 ikinci denemede %7.2 olmuştur. QTL6 bölgesini taşıyan hat ile Baronesse çeşidi arasındaki farklar sadece ilk denemede istatistiki olarak önemli olmuştur.

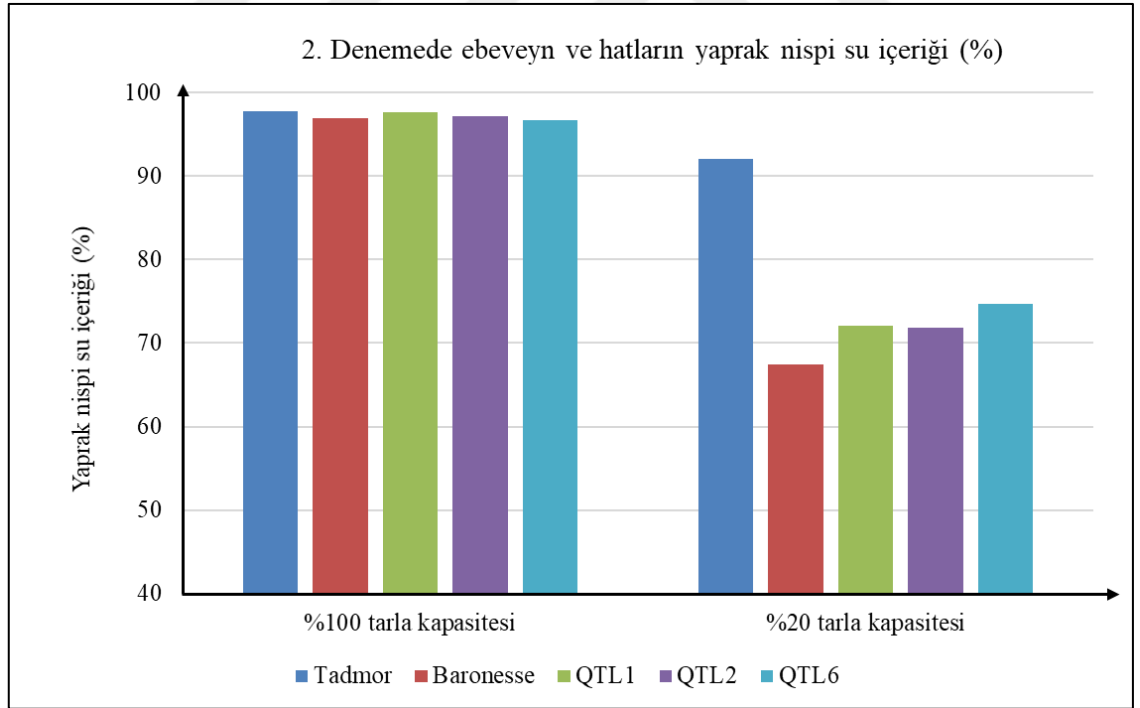
Çizelge 4.3. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin yaprak nispi su içerikleri (%)

Ebeveyn/Hat	1. Deneme		2. Deneme	
	%100 TK Su Uygulaması	%20 TK Su Stresi	%100 TK Su Uygulaması	%20 TK Su Stresi
Tadmor	85.3 <sup>ÖD</sup>	79.4 A <sup>**</sup>	97.8 <sup>ÖD</sup>	92.0 A <sup>**</sup>
Baronesse	85.9	59.1 C	96.9	67.4 B
QTL1	86.1	66.9 BC	97.7	72.1 B
QTL2	85.9	72.0 AB	97.2	71.8 B
QTL6	86.9	75.0 AB	96.7	74.6 B
Ortalama	86.0	70.5	97.3	75.6

<sup>ÖD</sup>. Önemli değil. <sup>\*\*</sup> %1 düzeyinde önemli. Aynı harfle gösterilen ortalamalar arasındaki farklılıklar %5 düzeyinde önemsizdir.



Şekil 4.11. Serada kontrollü şartlarda Tadmor ve Baronesse çeşitleri ile geliştirilen ıslah hatlarının 1. denemede su uygulaması ve su stresi şartlarında nispi su içerikleri.



Şekil 4.12. Serada kontrollü şartlarda Tadmor ve Baronesse çeşitleri ile geliştirilen ıslah hatlarının 2. denemede su uygulaması ve su stresi şartlarında nispi su içerikleri.

Su stresinin uygulandığı iki denemede de Tadmor çeşidi en yüksek yaprak nispi su içeriği değerlerine sahip olmuştur. Tadmor çeşidinin özellikle kurak şartlarda yaprak nispi su

içeriğini devam ettirebildiği bulgusu Teulat ve ark. (2001a) tarafından da belirlenmiştir. Geliştirilen QTL1 hattı Baronesse çeşidinden daha yüksek değerlere sahip olmuş, ancak farklılık önemli olmamıştır. Bu QTL bölgesinin yaprak nispi su içeriği ile ilgili olduğu rapor edilmiştir (Teulat ve ark., 1998). QTL1 bölgesini taşıyan hatlar Tadmor çeşidindeki kadar yüksek olmasa da %20 tarla kapasitesinde Baronesse çeşidinin yaprak nispi su içeriğini ortalama %6 artırmıştır. QTL2 bölgesi Baronesse çeşidinin nispi su içeriğini geliştirmiştir. Teulat ve ark. (1997) bu QTL bölgesinin yaprak nispi su içeriğini etkilediğini belirlemişlerdir. QTL6 bölgesini taşıyan hat, geliştirilen tüm hatlar arasında yaprak nispi su içeriğinde en fazla artışı sağlayan bölge olmuştur. Bu bölgenin Tadmor çeşidinde yaprak nispi su içeriği bakımından en etkili ve stabil QTL bölgesi olduğu orijinal haritalama çalışmasında da belirtilmiştir (Teulat ve ark., 1997; Teulat ve ark., 1998). Geliştirilen hatlar Baronesse çeşidinden daha yüksek nispi su içeriğine sahip olmasına rağmen, farklılıkların ilk denemede QTL1 hattında ve ikinci denemede bütün hatlarda Baronesse çeşidinden istatistiki olarak önemli olmaması, oldukça yüksek nispi su içeriğine sahip olan Tadmor çeşidinin istatistiksel analizlerde yer almasından dolayı hata kareleri ortalamasını artırmasından kaynaklanmıştır. Tadmor olmadan yapılan istatistiksel analizlerde geliştirilen tüm hatların yaprak nispi su içeriğinin her iki denemede de Baronesse çeşidinden istatistiki olarak daha yüksek olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.4.). Bu sonuçlar aktarılan üç QTL bölgesinin de Baronesse çeşidinde sera koşullarında fide devresindeki kuraklığa toleransı geliştirdiğini göstermektedir. Buna göre aktarılan QTL bölgelerinin kurağa tolerans genlerini içerdiği hükmüne varılabilir.

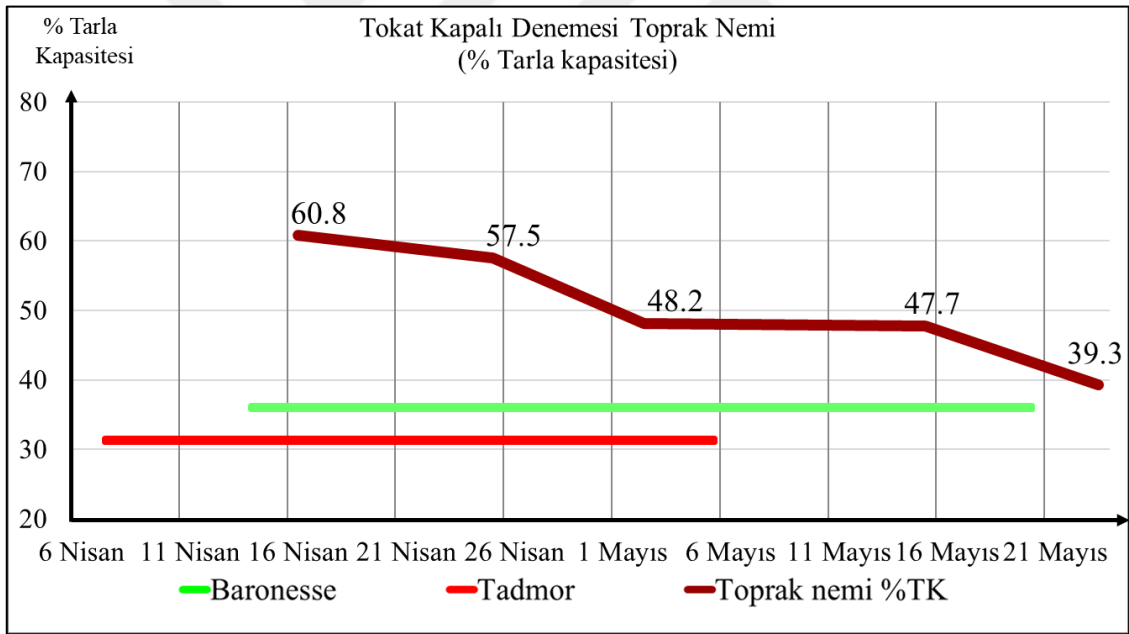
Çizelge 4.4. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin yaprak nispi su içerikleri (%) (Tadmor çeşidi olmadan yapılan istatistik analize göre gruplandırma)

Ebeveyn/Hat	1. Deneme		2. Deneme	
	%100 TK Su Uygulaması	%20 TK Su Stresi	%100 TK Su Uygulaması	%20 TK Su Stresi
Baronesse	85.9 <sup>ÖD</sup>	59.1 B*	96.9 <sup>ÖD</sup>	67.4 C**
QTL1	86.1	66.9 AB	97.7	72.1 AB
QTL2	85.9	72.0 A	97.2	71.8 B
QTL6	86.9	75.0 A	96.7	74.6 A
Ortalama	86.2	68,3	97.1	71.5

<sup>ÖD</sup>. Önemli değil. \*\*, \* sırasıyla %1 ve %5 düzeyinde önemli. Aynı harfle gösterilen ortalamalar arasındaki farklılıklar %5 düzeyinde önemsizdir.

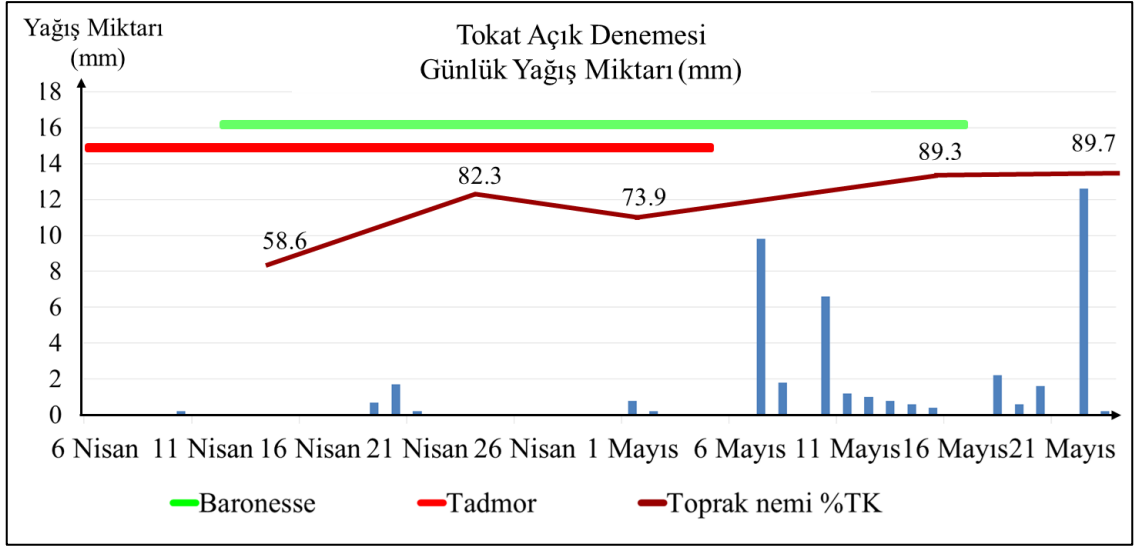
### 4.3. Tarla Denemeleri

Toplam dört tarla denemesine ait veriler sunulmuştur. Tokat denemeleri aynı arazide yürütülmüştür. Tokat Kapalı denemesinin günlük yağış miktarları, toprakta nem miktarları ve bitki fenolojik dönemleri Şekil 4.13’de, Tokat Açık denemesinin Şekil 4.14’de ve Tokat Açık Yazlık denemesinin Şekil 4.15’te verilmiştir. Erbaa Açık Yazlık denemesine ait yağış miktarı ve bitki fenolojik dönemleri Şekil 4.16’te gösterilmiştir. Tokat denemelerinde başaklanma sonrası düşen yağışlar, Tokat Açık ve Tokat Açık Yazlık denemelerinde kuraklık şartlarının oluşmasına engel olmuştur. Erbaa Açık Yazlık denemesi ise çıkış sonrası uzun bir kuraklık döneminin sonrasında başaklanma döneminde yağış almıştır. Bu verilere göre Tokat Kapalı denemesi gerçek anlamda terminal kuraklığın olduğu denemedir.

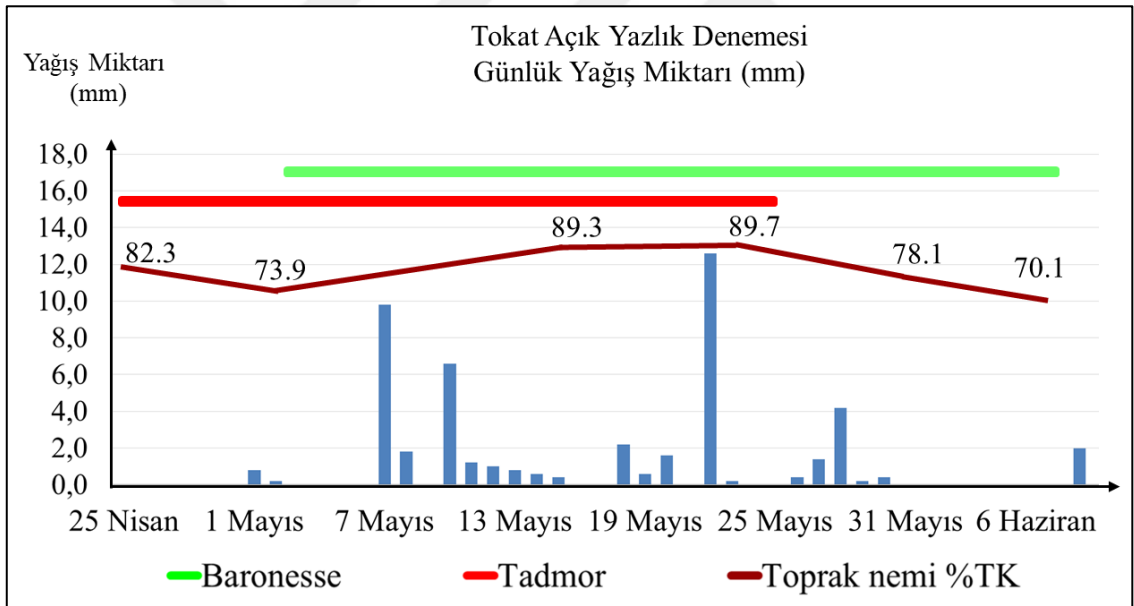


Şekil 4.13 Tokat Kapalı denemesinde toprak nemi ve ebeveyn çeşitlerin başaklanma-olgunlaşma dönemleri. Toprak nemi değerleri, topraktaki mevcut nemin tarla kapasitesine göre yüzdesi olarak belirlenmiştir.

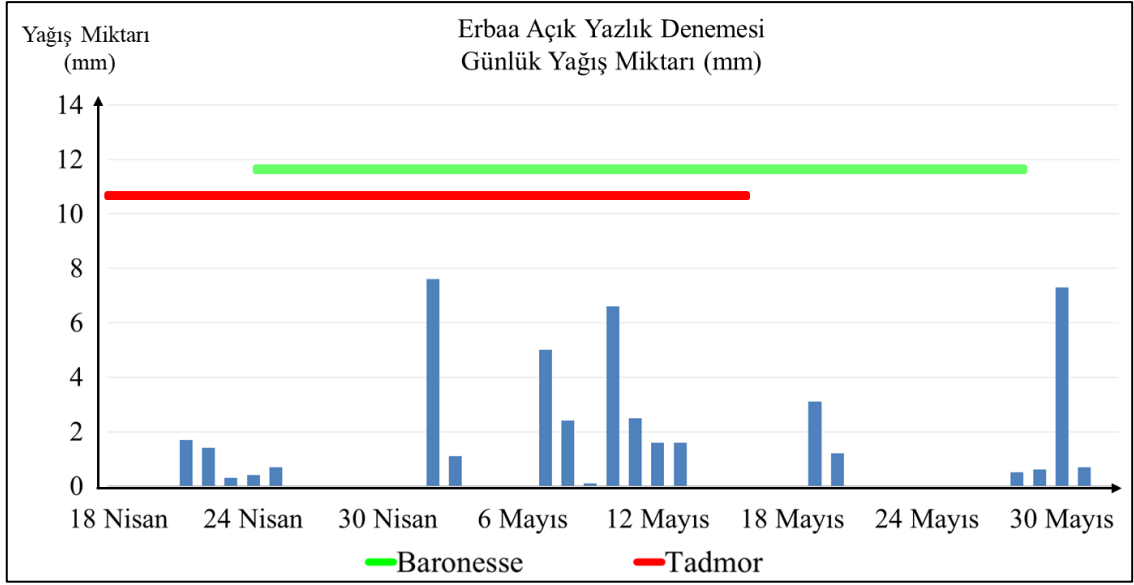




Şekil 4.14. Tokat Açık denemesinde günlük yağış miktarları (mavi çubuklar), toprak nemi (bordo çizgi) ve ebeveyn çeşitlerin başaklanma-olgunlaşma dönemleri (yeşil ve kırmızı yatay çizgiler). Toprak nemi değerleri, topraktaki mevcut nemin tarla kapasitesine göre yüzdesi olarak belirlenmiştir.



Şekil 4.15. Tokat Açık Yazlık denemesine ait günlük yağış miktarları (mavi çubuklar), toprak nemi (bordo çizgi) ve ebeveyn çeşitlerin başaklanma-olgunlaşma dönemleri (yeşil ve kırmızı yatay çizgiler). Toprak nemi değerleri, topraktaki mevcut nemin tarla kapasitesine göre yüzdesi olarak belirlenmiştir.



Şekil 4.16. Erbaa Açık Yazlık denemesine ait günlük yağış miktarları (mavi çubuklar) ve ebeveyn çeşitlerin başaklanma-olgunlaşma dönemleri (yeşil ve kırmızı yatay çizgiler).

#### 4.3.1. Yaprak nispi su içeriği

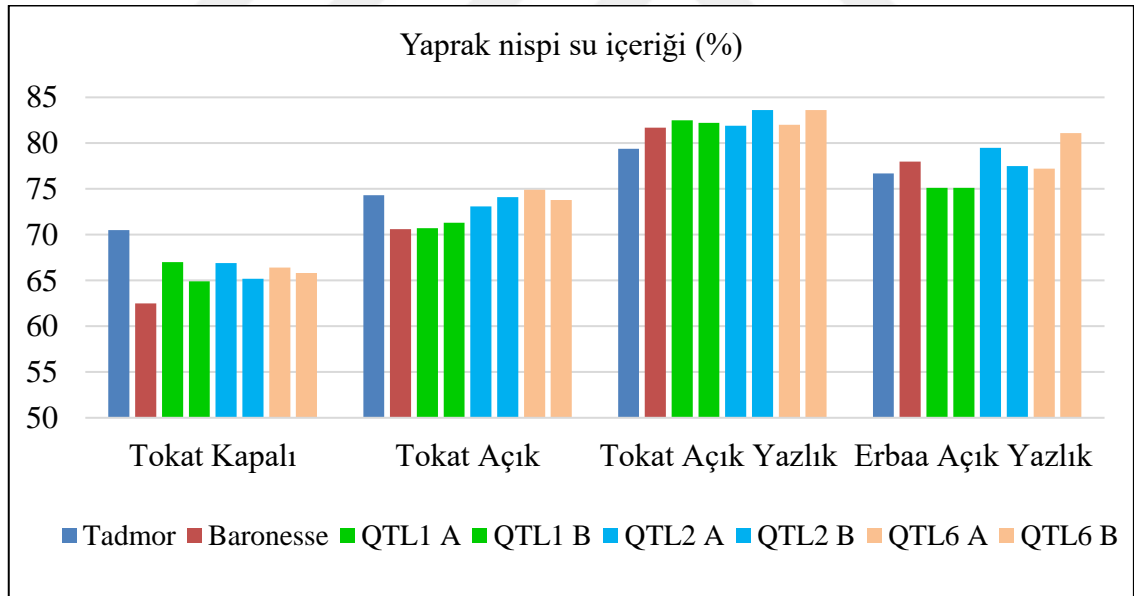
Tarla şartlarında yaprak nispi su içeriği bakımından hatlar arasında istatistiki anlamda ( $P < 0.01$  ve  $0.05$ ) önemli farklılıklar bulunmuştur (Çizelge 4.5). Baronesse çeşidi Tokat Kapalı ve Tokat Açık denemelerinde Tadmor çeşidinden daha az yaprak nispi su içeriği değerlerine sahip olmasına rağmen, diğer iki denemede Tadmor çeşidinden daha yüksek değerlere sahip olmuştur (Şekil 4.17). Tokat Kapalı denemesinde QTL1 bölgesi için geliştirilen hatların ikisi de Baronesse çeşidinden %2.4-4.5 daha yüksek nispi su içeriğine sahip olmuş ve bu farklılıklar sadece QTL1A hattında istatistiki anlamda önemli olmuştur. Tokat Açık ve Tokat Açık Yazlık denemelerinde QTL1 hatları Baronesse çeşidinden daha yüksek yaprak nispi su içeriği değerlerine sahip olsa da bu fark istatistiki olarak önemli bulunmamıştır. Erbaa Açık Yazlık denemesinde QTL1 hatları %2.9 daha az yaprak nispi su içeriği değerlerine sahip olmuştur. QTL2 kazandırılan her iki hat Baronesse çeşidinden daha yüksek ya da benzer yaprak nispi su içeriğine sahip olmuştur. Tokat Kapalı denemesinde QTL2A hattındaki %4.4 ve Tokat Açık denemesinde QTL2B hattı ile Baronesse çeşidi arasındaki %3.5 fark istatistiki olarak önemli olurken, diğer hatlardaki ve diğer denemelerdeki artışlar önemli olmamıştır. QTL6 bölgesini taşıyan hatların her ikisi de gerçek kuraklık etkisinin gözlemlendiği Tokat Kapalı denemesinde Baronesse çeşidinden %3.3-3.9 arasında daha yüksek yaprak nispi su içeriğine sahip olmuştur. Tokat Açık denemesinde de her iki hat yüksek olmasına rağmen sadece QTL6A

hattındaki %4.3'lük fark istatistiki anlamda önemli olmuştur. Tokat Açık Yazlık denemesinde her iki hat, Erbaa Açık Yazlık denemesinde ise QTL6A Baronesse çeşidinden farklı olmazken, QTL6B hattı önemli farka sahip olmuştur.

Çizelge 4.5. Ebeveyn ve hatların yaprak nispi su içerikleri (%)

Ebeveyn/Hat	Denemeler				Ortalama
	Tokat Kapalı	Tokat Açık	Tokat Açık Yazlık	Erbaa Açık Yazlık	
Tadmor	70.5 A**	74.3 AB*	79.4 B**	76.7 CD**	75.2
Baronesse	62.5 C	70.6 D	81.7 A	78.0 BC	73.2
QTL1 A	67.0 B	70.7 CD	82.5 A	75.1 D	73.8
QTL1 B	64.9 BC	71.3 BCD	82.2 A	75.1 D	73.4
QTL2 A	66.9 B	73.1 A-D	81.9 A	79.5 AB	75.4
QTL2 B	65.2 BC	74.1 ABC	83.6 A	77.5 C	75.1
QTL6 A	66.4 B	74.9 A	82.0 A	77.2 C	75.1
QTL6 B	65.8 B	73.8 A-D	83.6 A	81.1 A	76.1
Ortalama	66.2	72.9	82.1	77.2	

\*\*,\* sırasıyla %1 ve %5 düzeyinde önemli. Aynı harfle gösterilen ortalamalar arasındaki farklılıklar %5 düzeyinde önemsizdir.



Şekil 4.17. Ebeveyn ve hatların yaprak nispi su içerikleri (%)

Yaprak nispi su içeriğinin kuraklık şartlarında yüksek olması kuraklığa toleransın önemli bir işaretidir (Silva ve ark., 2007). Ebeveyn çeşitler arasındaki en fazla yaprak nispi su içeriği farkı (%8) Tokat Kapalı denemesinde gözlenmiştir. Diğer denemelerde ebeveyn çeşitler arasındaki farkın (%1.3-3.7) daha düşük olmasının sebebi, başaklanma dönemi

sonrasında düşen yağışlardır. Yağışlarla birlikte topraktaki mevcut su miktarı artmış ve bitkilerin yaprak nispi su içeriğini devam ettirmesini sağlamıştır. Gerçek kuraklık stresinin olduğu Tokat Kapalı denemesinde Tadmor çeşidi kuraklığa toleransını sergilemiştir. QTL1 bölgesi Tokat Kapalı denemesinde yaprak nispi su içeriğinde artış sağlamıştır. Fakat Erbaa Açık Yazlık denemesinde ebeveyn Baronesse çeşidi ile karşılaştırıldığında daha düşük, Tokat Açık ve Tokat Yazlık Açık denemelerinde ise benzer nispi su içeriklerine sahip olmuşlardır. Teulat ve ark. (2003) QTL1 bölgesinin Erbaa Açık Yazlık denemesindeki gibi uzun dönem kuraklığın görüldüğü çevrede yaprak nispi su içeriğini olumsuz etkilediğini ve diğer sulanan ve yağışa bağlı şartlarda bu QTL'in etkisinin ortaya çıkmadığını belirlemişlerdir. Bu sonuçlardan hareketle, QTL1'in çevreden etkilendiği hükmüne varılabilir. QTL2 bölgesi, Erbaa Açık Yazlık denemesinde QTL2B hattı dışında bütün denemelerde Baronesse çeşidine kıyasla %0.2 ile 4.4 arasında yaprak nispi su içeriği artışı sağlamıştır. Teulat ve ark. (2002) sadece terminal kuraklığın olduğu çevrede etkili olan bu QTL bölgesinin, erken dönemde kuraklık stresi görülen diğer çevrelerde etkisini görememişlerdir. Dolayısıyla, QTL2 bölgesinin de çevreden etkilendiği söylenebilir. QTL6 bölgesi yaprak nispi su artışı bakımından tüm denemelerde etkili olmuş ve istikrarlı bir durum sergilemiştir. Nitekim Teulat ve ark. (2003) da inceledikleri bütün çevrelerde QTL6 bölgesinin tutarlı şekilde nispi su içeriğini artırdığını belirlemişlerdir. QTL6 transfer edilerek geliştirilen tüm hatlarda artışlar görülmesine rağmen, hatların hiçbiri donör çeşit Tadmor seviyesine çıkamamıştır. Bu durum Tadmor çeşidinin düşük yağışlı bölgelere adaptasyonunu sağlayan küçük etkili çok sayıda gene sahip olduğunu gösterebilir. Öte yandan her bir QTL'in tek başına etkisi, birlikte etkisinden daha az olabilir. Zaten QTL1'in QTL6 ile etkileşim içerisinde olduğu Teulat ve ark. (1997) tarafından da belirtilmiştir. Tadmor çeşidinde kurak şartlarda görülen yüksek yaprak nispi su içeriği göz önüne alındığında, diğer QTL bölgelerinin birbiri ile etkileşimi sonucu yüksek nispi su içeriği oluşturabileceği sonucuna varılabilir.

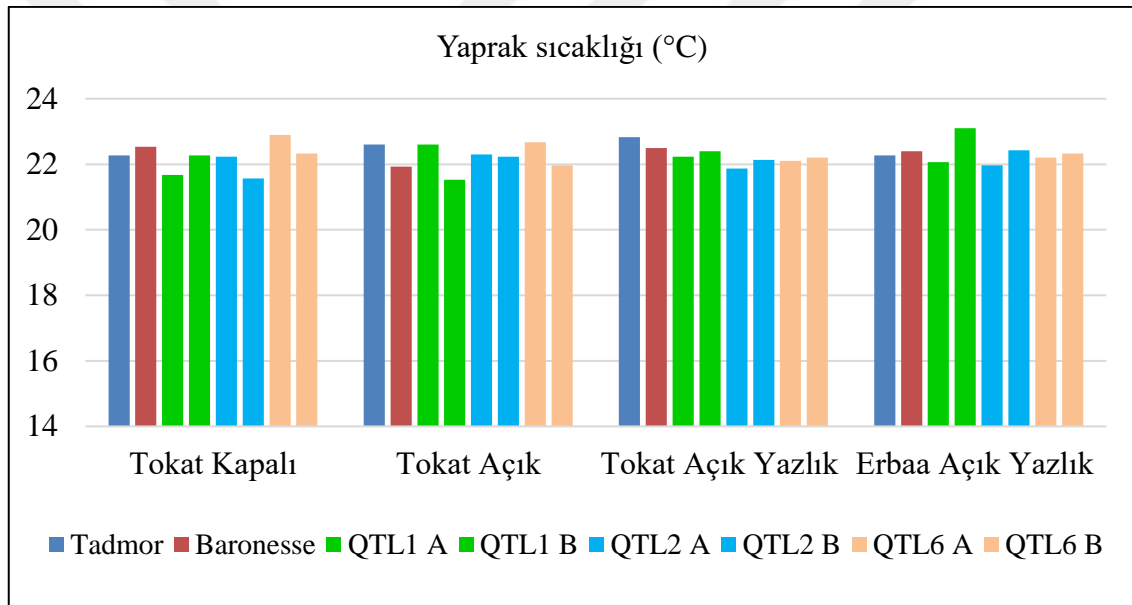
#### **4.3.2. Yaprak sıcaklığı**

Yaprak sıcaklığı bakımından Tadmor ve Baronesse çeşitleri arasındaki farklar istatistiki anlamda önemli olmamıştır (Çizelge 4.6). Benzer şekilde Baronesse çeşidinden geliştirilen hatlar arasında bir farklılık gözlenmemiştir (Şekil 4.18).

Çizelge 4.6. Ebeveyn ve hatların yaprak sıcaklıkları (°C)

Denemeler					
Ebeveyn/Hat	Tokat Kapalı	Tokat Açık	Tokat Açık Yazlık	Erbaa Açık Yazlık	Ortalama
Tadmor	22.27 <sup>ÖD</sup>	22.60 <sup>ÖD</sup>	22.83 <sup>ÖD</sup>	22.27 <sup>ÖD</sup>	22.5
Baronesse	22.53	21.93	22.50	22.40	22.3
QTL1 A	21.67	22.60	22.23	22.07	22.1
QTL1 B	22.27	21.53	22.40	23.10	22.3
QTL2 A	22.23	22.30	21.87	21.97	22.1
QTL2 B	21.57	22.23	22.13	22.43	22.1
QTL6 A	22.90	22.67	22.10	22.20	22.5
QTL6 B	22.33	21.97	22.20	22.33	22.2
Ortalama	22.22	22.23	22.28	22.35	

<sup>ÖD</sup> Önemli değil.



Şekil 4.18. Ebeveyn ve hatların yaprak sıcaklıkları (°C)

Yaprak sıcaklığı, bitkilerin kuraklık şartlarında transpirasyon vasıtasıyla yaprağı serinletme etkisi nedeniyle kuraklığa toleransın belirlenmesi için kullanılmaktadır. Breidenbach ve ark. (1997) transpirasyonun oluşturduğu sıcaklığın yaprak sıcaklığındaki etkisini ölçmek için çok küçük olduğunu belirtmişlerdir. Yaprak sıcaklığının rüzgar, hava sıcaklığı ve havadaki nemden önemli derecede etkilendiğini, gölge ve tam güneş şartlarında yaprak sıcaklığında 15 °C fark olduğunu belirten Jones ve ark. (2009), ilgili özelliğin tarla denemelerinden ziyade kontrollü şartlarda daha etkili olduğunu rapor etmişlerdir. Bundan dolayıdır ki, hassas ve toleranslı arpa genotipleri arasında yaprak sıcaklığında farkın belirlendiği araştırmalar, sera (Chen ve ark., 2019) ya da bitki gelişme

kabininde (Behbahanizadeh ve ark., 2014) yürütülmüştür. Ebeveyn çeşitler ve geliştirilen hatlar arasında görülen farkın önemli olmaması nedeniyle, yaprak sıcaklığının kuraklık toleransının belirlenmesinde güvenilir bir gösterge olamayacağı söylenebilir.

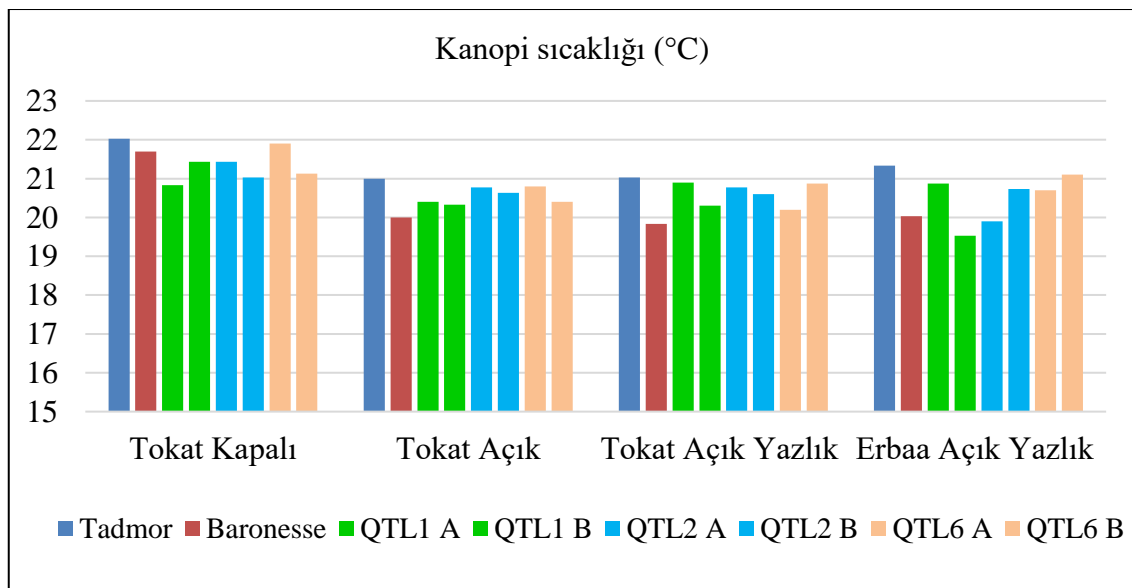
### 4.3.3. Kanopi sıcaklığı

Kanopi sıcaklığı bakımından Tadmor ve Baronesse çeşitlerinde arasında farklar istatistiki anlamda önemli olmamıştır (Çizelge 4.7). Benzer şekilde Baronesse çeşidinden geliştirilen hatlarda da bu bakımdan bir farklılık gözlenmemiştir (Şekil 4.19).

Çizelge 4.7. Ebeveyn ve hatların kanopi sıcaklıkları (°C)

Denemeler					
Ebeveyn/Hat	Tokat Kapalı	Tokat Açık	Tokat Açık Yazlık	Erbaa Açık Yazlık	Ortalama
Tadmor	22.03 <sup>ÖD</sup>	21.00 <sup>ÖD</sup>	21.03 <sup>ÖD</sup>	21.33 <sup>ÖD</sup>	21.3
Baronesse	21.70	20.00	19.83	20.03	20.4
QTL1 A	20.83	20.40	20.90	20.87	20.7
QTL1 B	21.43	20.33	20.30	19.53	20.4
QTL2 A	21.43	20.77	20.77	19.90	20.7
QTL2 B	21.03	20.63	20.60	20.73	20.7
QTL6 A	21.90	20.80	20.20	20.70	20.9
QTL6 B	21.13	20.40	20.87	21.10	20.9
Ortalama	21.44	20.54	20.56	20.53	

<sup>ÖD</sup> Önemli değil.



Şekil 4.19. Ebeveyn ve hatların kanopi sıcaklıkları (°C)

Kuraklık stresi altında nispeten verim kayıpları ile kendini gösteren hassas genotipler, gün ortasında daha sıcak kanopi sıcaklığına sahip olma eğilimindedirler (Rashid ve ark., 1999). Bu nedenle kuraklığa toleranslı genotiplerin daha serin kanopi sıcaklığına sahip olması beklenir. Bundan dolayıdır ki, kanopi sıcaklığının kuraklığa toleransın takip edilmesi için kullanılabilmesi düşünülmüştür. Kızılgücü ve ark. (2018) da araştırmamızda bulunan sonuçlara benzer şekilde arpa çeşitleri arasında kanopi sıcaklığı bakımından fark bulamamışlardır. Mamnouie ve ark. (2006), farklı kurağa tolerans karakterlerine sahip arpa çeşitlerine bitki su ihtiyacının farklı seviyelerinde uyguladıkları sulamanın kanopi sıcaklığını etkilediğini ve kanopi sıcaklıkları arasında fark olduğunu tespit etmişlerdir. Bu sonuçlara göre kanopi sıcaklığının genotip, çevre ve özellikle topraktaki mevcut su içeriğine bağlı olarak değiştiği söylenebilir.

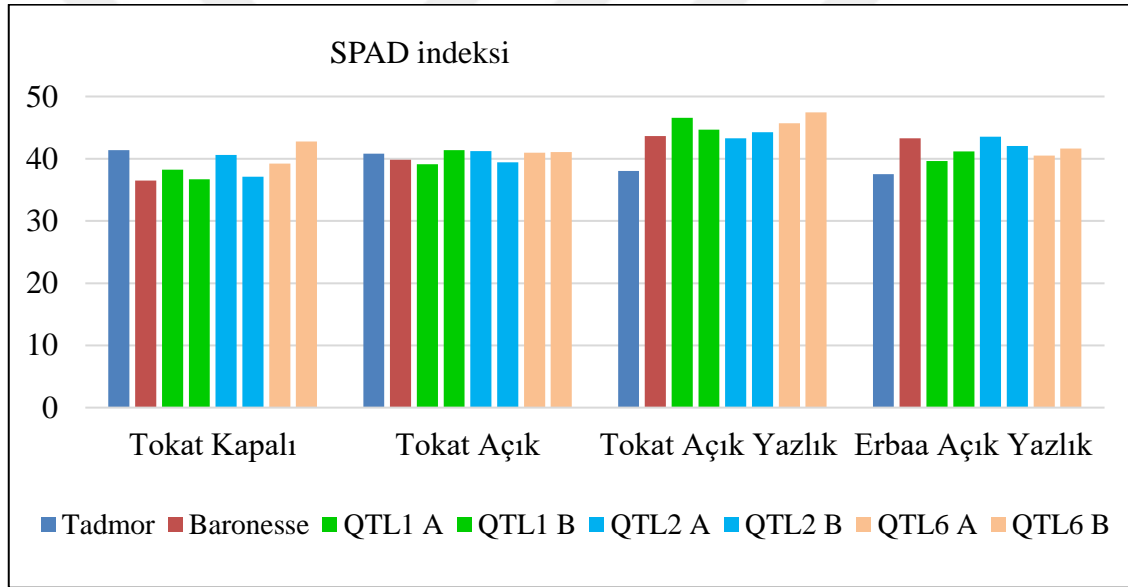
#### **4.3.4. SPAD indeksi**

SPAD indeksi bakımından hatlar arasında Tokat Açık denemesi hariç istatistiksel anlamda ( $P < 0.01$  ve  $0.05$ ) önemli farklılıklar bulunmuştur (Çizelge 4.8). Tokat Kapalı denemesinde Baronesse çeşidi Tadmor çeşidinden daha az SPAD indeksine sahip olmasına rağmen, Tokat Açık Yazlık ve Erbaa Açık Yazlık denemede Tadmor çeşidinden daha yüksek değerlere sahip olmuştur (Şekil 4.20). QTL1 hatları bütün denemelerde tekrarlanan ebeveyne benzer SPAD birimi değerlerine sahip olmuştur. QTL2 hatları Tokat Kapalı denemesi hariç diğer denemelerde Baronesse çeşidine benzer SPAD birimi değerlerine sahip olmuştur. Tokat Kapalı denemesinde QTL2A hattı Baronesse çeşidinden istatistiksel anlamda daha yüksek değerlere sahip olmuştur. QTL6B hattı Tokat Kapalı ve Tokat Açık Yazlık denemelerinde Baronesse çeşidinden daha yüksek SPAD indeksine sahip olurken, diğer denemelerde benzer değerlere sahip olmuştur.

Çizelge 4.8. Ebeveyn ve hatların SPAD indeksleri (SPAD birimi)

Ebeveyn/Hat	Denemeler				Ortalama
	Tokat Kapalı	Tokat Açık	Tokat Açık Yazlık	Erbaa Açık Yazlık	
Tadmor	41.37 AB*	40.80 <sup>OD</sup>	38.02 D**	37.52 B*	39.43
Baronesse	36.50 D	39.83	43.65 BC	43.28 A	40.82
QTL1 A	38.23 BCD	39.12	46.55 AB	39.62 AB	40.88
QTL1 B	36.71 D	41.36	44.65 ABC	41.17 AB	40.97
QTL2 A	40.63 ABC	41.21	43.27 C	43.55 A	42.16
QTL2 B	37.13 CD	39.41	44.27 BC	42.03 A	40.71
QTL6 A	39.23 A-D	40.96	45.70 ABC	40.52 AB	41.60
QTL6 B	42.78 A	41.08	47.43 A	41.62 A	43.23
Ortalama	39.07	40.47	44.19	41.16	

<sup>OD</sup> Önemli değil. \*\*, \* sırasıyla %1 ve %5 düzeyinde önemli. Aynı harfle gösterilen ortalamalar arasındaki farklılıklar %5 düzeyinde önemsizdir.



Şekil 4.20. Ebeveyn ve hatların SPAD indeksleri (SPAD birimi)

Kurak şartlarda yapraktaki klorofil miktarının bir göstergesi olan yaprak SPAD indeksi kurağa toleranslı genotiplerde daha yüksek olmaktadır. Bu yüzden SPAD indeksi kuraklığa toleransın belirlenmesinde hızlı bir metot olarak görülmektedir (Rashid ve ark., 1999). Bu çalışmada Tadmor çeşidinde kurak şartlarda gözlenen daha yüksek SPAD indeksi değerleri, Rong-Hua ve ark. (2006) tarafından da desteklenmektedir. QTL1 bölgesi SPAD indeksini etkilememiştir. Önceki çalışmalarda QTL1 bölgesinin hem Tadmor hem de diğer ebeveynlerden geliştirilen haritalama popülasyonlarında SPAD indeksine etkisinin olmadığı belirlenmiştir (von Korff ve ark., 2008; Xue ve ark., 2008). Çalışmamızda QTL2 bölgesi için geliştirilen hatların sadece biri, gerçek kuraklık



etkisinin oluşturulduğu Tokat Kapalı denemesinde istatistiki anlamda daha yüksek SPAD indeksine sahip olurken, diğer denemelerde Baronesse çeşidine benzer değerler elde edilmiştir. von Korff ve ark. (2008) QTL2 bölgesinin Tadmor allellerinin bazı çevrelerde SPAD indeksi ile ilgili olduğunu belirlemişlerdir. Farklı haritalama popülasyonlarında bu araştırmada kullanılan bölgeler içinden sadece QTL2 bölgesinin, kurak şartlar altında SPAD indeksi ile ilgili olduğu belirlenmiştir (Guo ve ark., 2008; Xue ve ark., 2008). QTL6B hattı, Tokat Kapalı ve Tokat Açık Yazlık denemelerinde Baronesse çeşidinden daha yüksek değere sahip olurken, diğer denemelerde benzer sonuçlar vermiştir. This ve ark. (2000) kontrollü şartlarda ve tarla ortamında yürüttükleri denemelerinde QTL6 bölgesinin, Tadmor allellerinin sadece kuraklık stresi olan kontrollü şartlarda SPAD indeksi üzerinde etkili olduğunu belirlemişlerdir. Bu sonuçlara göre QTL bölgelerinin SPAD indeksine etkisi çevreden önemli derecede etkilenmektedir.

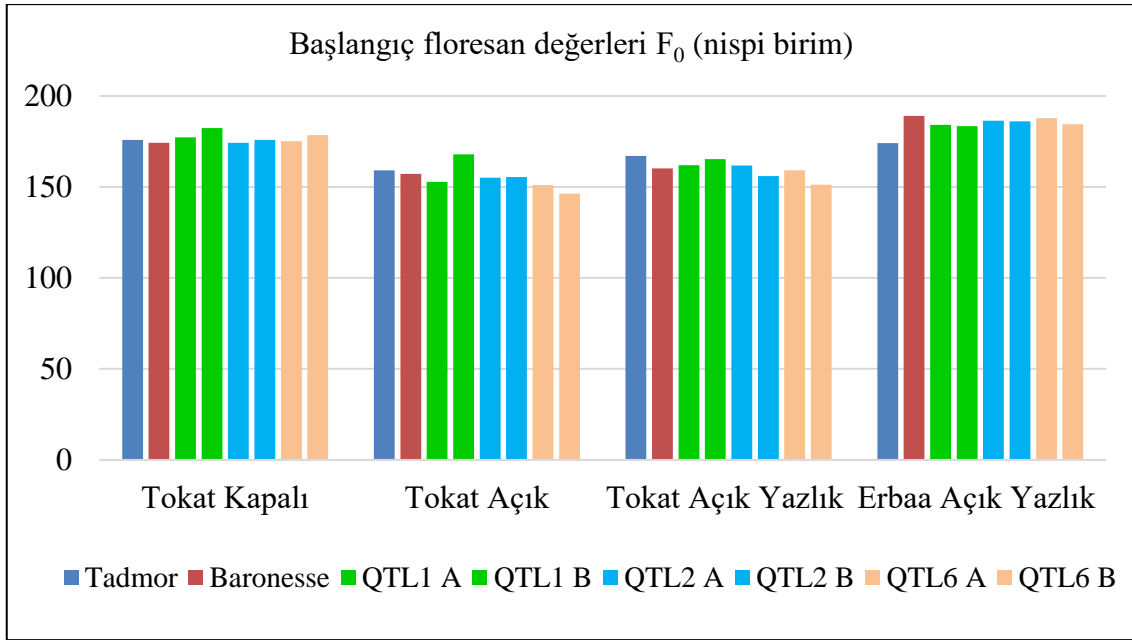
#### 4.3.5. Başlangıç floresan değerleri (F<sub>0</sub>)

Başlangıç floresan değerleri bakımından, Tadmor ve Baronesse çeşitleri arasındaki farklar istatistiki anlamda önemli bulunmamıştır (Çizelge 4.9). Baronesse çeşidinden geliştirilen hatlar ile Baronesse çeşidi arasındaki farklar da önemsiz bulunmuştur (Şekil 4.21)

Çizelge 4.9. Ebeveyn ve hatların başlangıç floresan değerleri F<sub>0</sub> (nispi birim)

Ebeveyn/Hat	Denemeler				Ortalama
	Tokat Kapalı	Tokat Açık	Tokat Açık Yazlık	Erbaa Açık Yazlık	
Tadmor	175.9 <sup>ÖD</sup>	159.2 <sup>ÖD</sup>	167.0 <sup>ÖD</sup>	174.1 <sup>ÖD</sup>	169.0
Baronesse	174.3	157.3	160.2	189.1	170.2
QTL1 A	177.3	152.8	162.0	184.1	169.0
QTL1 B	182.4	168.0	165.4	183.5	174.8
QTL2 A	174.3	155.2	161.8	186.4	169.4
QTL2 B	175.8	155.5	156.0	186.0	168.3
QTL6 A	175.1	151.0	159.2	187.9	168.3
QTL6 B	178.5	146.3	151.3	184.5	165.2
Ortalama	176.7	155.7	160.4	184.5	

<sup>ÖD</sup> Önemli değil. \*\* sırasıyla %1 düzeyinde önemli. Aynı harfle gösterilen ortalamalar arasındaki farklılıklar %5 düzeyinde önemsizdir.



Şekil 4.21. Ebeveyn ve hatların başlangıç floresan değerleri  $F_0$  (nispi birim)

Başlangıç floresan değerleri, kuraklık stresi altında fotosentez reaksiyon merkezlerinin tahrip olup olmadığı ve bu merkezlere enerji transferi hakkında fikir veren bir ölçüdür (Araus ve ark., 1998). Kuraklığa toleranslı genotiplerde kuraklık stresi altında başlangıç floresan değerinin daha az artması ya da değişmemesi fotosentezin devam ettiği anlamında gelir. Ebeveyn çeşitleri arasında başlangıç floresan değerleri bakımından önemli fark gözlenmemiştir. Li ve ark. (2006), Tadmor çeşidinin kuraklık stresi altında başlangıç floresan değerinin kuraklık stresinin olmadığı şartlara göre bazı farklılıklar olduğunu, fakat istatistiksel olarak önemli olmadığını belirlemişlerdir. Ebeveyn çeşitler arasında gözlenmeyen farkın geliştirilen hatlarda da olmaması beklenen bir durumdur. Guo ve ark. (2008) başlangıç floresan değerlerine etki eden QTL'leri haritalama çalışmasında, başlangıç floresan değerleri ile ilgili olduğu tespit edilen bölgeler bu araştırmada aktarılan QTL bölgelerinin dışındadır. Bu bilgiler ışığında üç QTL bölgesinin de başlangıç floresan değerlerine etkisi olmadığı söylenebilir.

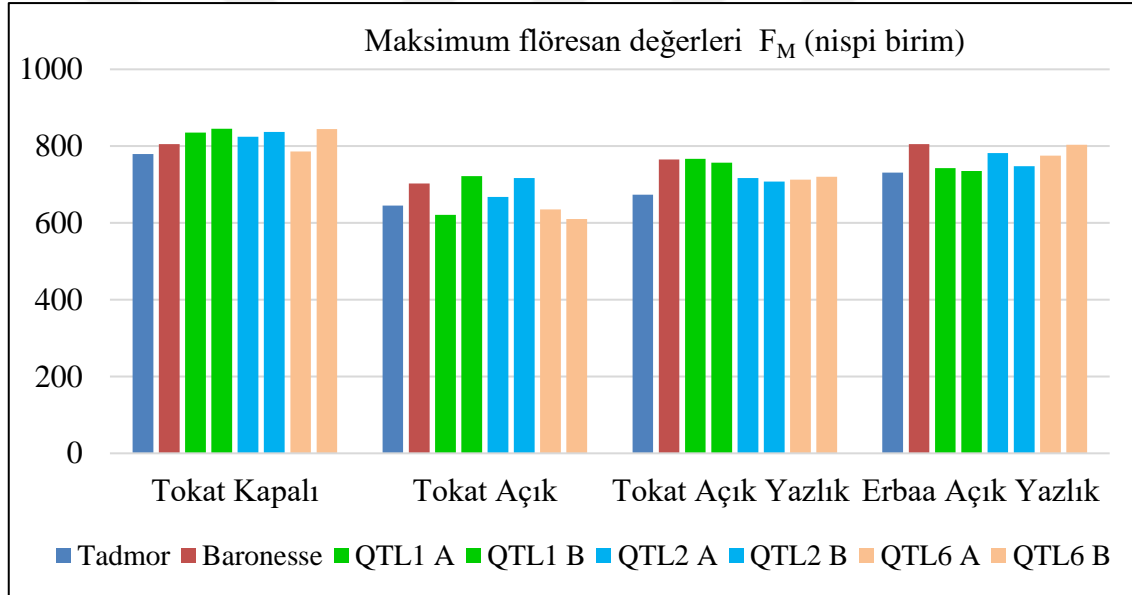
#### 4.3.6. Maksimum floresan değerleri ( $F_M$ )

Maksimum floresan değerleri bakımından Tadmor ve Baronesse çeşitleri arasındaki farklar istatistiki olarak önemsiz bulunmuştur (Çizelge 4.10). Baronesse çeşidinden geliştirilen hatlar ile Baronesse çeşidi arasındaki farklar da istatistiki anlamda önemli değildir (Şekil 4.22).

Çizelge 4.10. Ebeveyn ve hatların maksimum floresan değerleri  $F_M$  (nispi birim)

Denemeler					
Ebeveyn/Hat	Tokat Kapalı	Tokat Açık	Tokat Açık Yazlık	Erbaa Açık Yazlık	Ortalama
Tadmor	779.4 <sup>ÖD</sup>	645.1 <sup>ÖD</sup>	673.8 <sup>ÖD</sup>	731.2 <sup>ÖD</sup>	707.4
Baronesse	805.4	702.4	765.3	805.4	769.7
QTL1 A	835.2	621.1	766.8	742.8	741.5
QTL1 B	845.0	722.0	756.6	735.3	764.7
QTL2 A	824.8	667.8	717.0	781.9	747.9
QTL2 B	836.8	716.5	708.0	747.7	752.3
QTL6 A	786.2	635.5	712.3	775.6	727.4
QTL6 B	844.1	610.2	720.1	803.7	744.5
Ortalama	819.6	665.1	727.5	765.4	

<sup>ÖD</sup> Önemli değil.



Şekil 4.22. Ebeveyn ve hatların maksimum floresan değerleri  $F_M$  (nispi birim)

Maksimum floresan değerlerindeki azalma, ısıya dönüştürülen ışık miktarının arttığı ya da fotosistem merkezinin kapalı olduğu anlamına gelir (Zlatev, 2009). Bu durum kuraklık stresi altındaki bitkinin fotosenteze devam edip etmediğinin, dolayısıyla kuraklık toleransının bir göstergesidir. Ebeveyn çeşitler arasında maksimum floresan değerleri bakımından önemli bir fark gözlenmemiştir. Geliştirilen hatlarda belirlenen maksimum floresan değerleri Baronesse çeşidine benzer olmuştur. Wojcik-Jagla ve ark.'nın (2018), maksimum floresan değerlerine etki eden QTL bölgelerini belirlemek için yürüttükleri çalışmalarında belirledikleri QTL bölgeleri bu araştırmada kullanılan bölgelerin

dışındadır. Bu araştırmada incelenen QTL bölgelerinin maksimum floresan değerlerini etkilemediği sonucuna varılabilir.

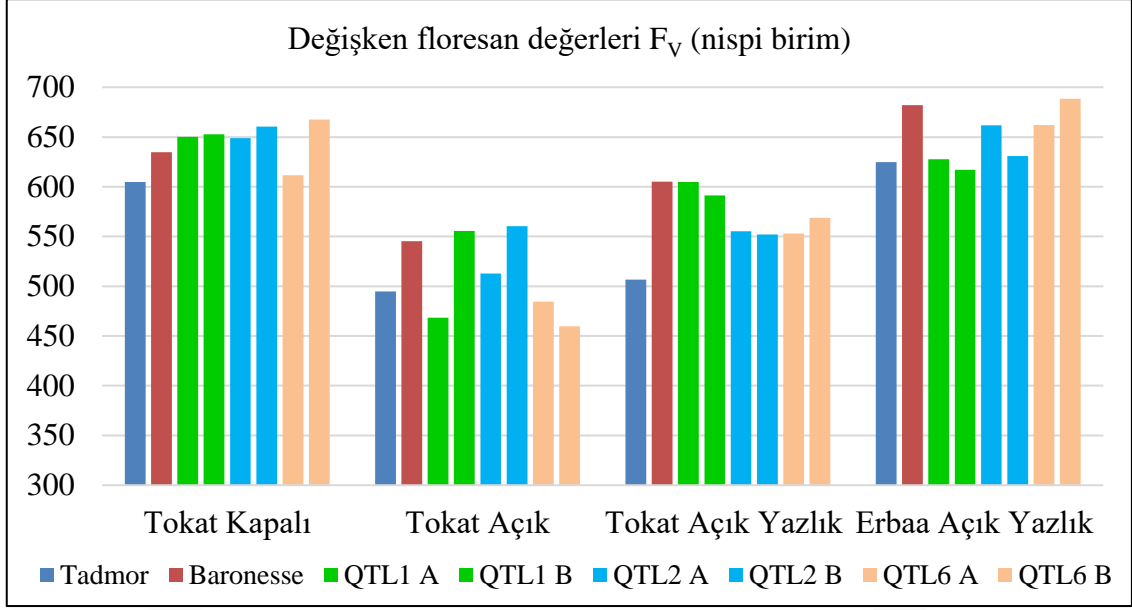
#### 4.3.7. Değişken floresan değerleri (Fv)

Değişken floresan değerleri bakımından Tadmor ve Baronesse çeşitleri arasındaki farklar istatistiki olarak önemsiz bulunmuştur (Çizelge 4.11). Baronesse çeşidinden geliştirilen hatlar ile Baronesse çeşidi arasındaki farklar da istatistiki anlamda önemli olmamıştır (Şekil 4.23).

Çizelge 4.11. Ebeveyn ve hatların değişken floresan değerleri Fv (nispi birim)

Ebeveyn/Hat	Denemeler				Ortalama
	Tokat Kapalı	Tokat Açık	Tokat Açık Yazlık	Erbaa Açık Yazlık	
Tadmor	604.9 <sup>ÖD</sup>	494.7 <sup>ÖD</sup>	506.8 <sup>ÖD</sup>	624.6 <sup>ÖD</sup>	557.7
Baronesse	634.8	545.2	605.2	682.1	616.8
QTL1 A	650.3	468.3	604.8	627.8	587.8
QTL1 B	652.6	555.6	591.2	616.9	604.1
QTL2 A	649.0	512.7	555.2	661.7	594.6
QTL2 B	660.4	560.5	552.0	630.9	600.9
QTL6 A	611.6	484.5	553.1	662.0	577.8
QTL6 B	667.5	459.7	568.8	688.5	596.1
Ortalama	641.4	510.1	567.1	649.3	

<sup>ÖD</sup> Önemli değil.



Şekil 4.23. Ebeveyn ve hatların değişken floresan değerleri F<sub>v</sub> (nispi birim)

Kuraklık stresi altında değişken floresan değeri, fotosentezin engellenmesinden dolayı ısıya dönüştürülen ışık miktarının (Araus ve ark., 1998), reaksiyon merkezlerinde meydana gelen zararın (Zlatev, 2009) ve fotosentez reaksiyon merkezinin açık ya da kapalı olma durumunun (Bogale ve ark., 2011) bir ölçüsü olarak görülmektedir. Ebeveyn çeşitler arasında değişken floresan değerleri bakımından önemli bir fark gözlenmemiştir. Li ve ark. (2006) kuraklık stresi altında toleranslı Tadmor çeşidinin, toleranslı olmayan çeşitlere göre daha düşük değişken floresan değerlerine sahip olduğunu belirlemiştir. Bu bakımdan kuraklık stresi altında, Baronesse çeşidi Tadmor çeşidi ile benzer değişken floresan değerine sahip olmuştur. Ebeveyn çeşitler arasında fark olmaması geliştirilen hatlarda da fark olmamasına neden olmuş olabilir. Bununla birlikte, Guo ve ark. (2008) değişken floresan değerlerine etki eden QTL'leri haritaladıkları çalışmalarında, bu araştırmada aktarılan QTL bölgelerinin dışında QTL'ler belirlemişlerdir.

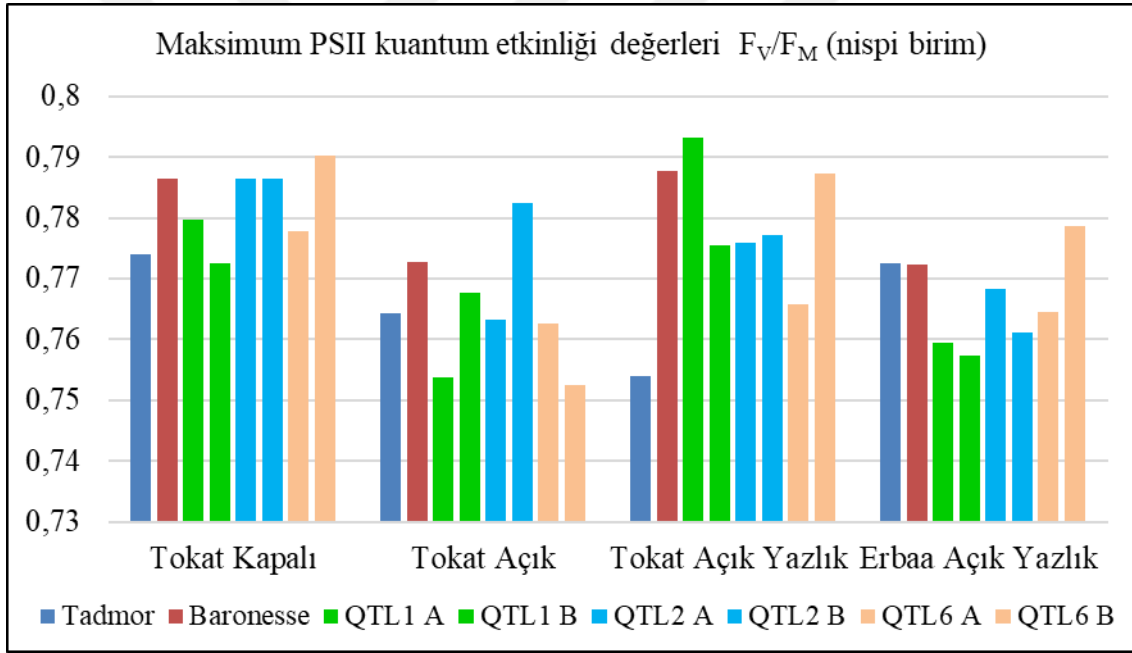
#### 4.3.8. Maksimum PSII kuantum etkinliği değerleri (F<sub>v</sub>/ F<sub>M</sub>)

Maksimum PSII Kuantum Etkinliği değerleri bakımından Tadmor ve Baronesse çeşitleri arasındaki farklar Tokat Açık Yazlık denemesi dışında istatistiki olarak önemsiz bulunmuştur (Çizelge 4.12). Baronesse çeşidinden geliştirilen hatlar ile Baronesse çeşidi arasındaki farklar da önemli bulunmamıştır (Şekil 4.24).

Çizelge 4.12. Ebeveyn ve hatların maksimum PSII kuantum etkinliği değerleri  $F_v/F_M$  (nispi birim)

Denemeler					
Ebeveyn/Hat	Tokat Kapalı	Tokat Açık	Tokat Açık Yazlık	Erbaa Açık Yazlık	Ortalama
Tadmor	0.774 <sup>ÖD</sup>	0.764 <sup>ÖD</sup>	0.754 C*	0.772 <sup>ÖD</sup>	0.766
Baronesse	0.786	0.773	0.788 AB	0.772	0.780
QTL1 A	0.780	0.754	0.793 A	0.759	0.772
QTL1 B	0.773	0.768	0.775 ABC	0.757	0.768
QTL2 A	0.786	0.763	0.776 ABC	0.768	0.773
QTL2 B	0.787	0.782	0.777 ABC	0.761	0.777
QTL6 A	0.778	0.763	0.766 BC	0.765	0.768
QTL6 B	0.790	0.752	0.787 AB	0.779	0.777
Ortalama	0.782	0.765	0.777	0.767	

<sup>ÖD</sup> Önemli değil. \* %5 düzeyinde önemli. Aynı harfle gösterilen ortalamalar arasındaki farklılıklar %5 düzeyinde önemsizdir.



Şekil 4.24. Ebeveyn ve hatların Maksimum PSII kuantum etkinliği değerleri  $F_v/F_M$  (nispi birim)

Fotosentez sisteminin önemli bir bileşeni olan foto sistem II (PS II) kuraklık stresine hassastır. Kuraklık stresinde fotosentez miktarında oluşan azalmalar, biyokimyasal süreçlerin düzensizliği ve reaksiyon merkezlerinin zarar görmesi ile ilgilidir (Guo ve ark., 2008). Karanlığa alıştırmış yapraklarda belirlenen  $F_v/F_M$ , bitki fotosentez performansının göstergesidir. Ebeveyn çeşitler arasında değişken floresan değerleri bakımından önemli bir fark gözlenmemiştir. Li ve ark. (2006) Tadmor çeşidinin kuraklık stresinde maksimum PSII kuantum etkinliği değerlerinin azaldığını, fakat istatistiksel

olarak önemli olmadığını belirlemiştir. Geliştirilen hatlar ve tekrarlanan anaç Baronesse çeşidine benzer değerlere sahip olmuştur. Wojcik-Jagla ve ark.'nın (2018) maksimum PSII kuantum etkinliği değerlerine etki eden QTL bölgelerini belirlemek için yürüttükleri çalışmalarında belirledikleri QTL'ler araştırmamızda incelenen QTL bölgelerinden farklı yerlerdedir. Araştırmamızda kullanılan QTL bölgeleri, Baronesse çeşidinin maksimum PSII kuantum etkinliği değerlerini etkilememiştir.

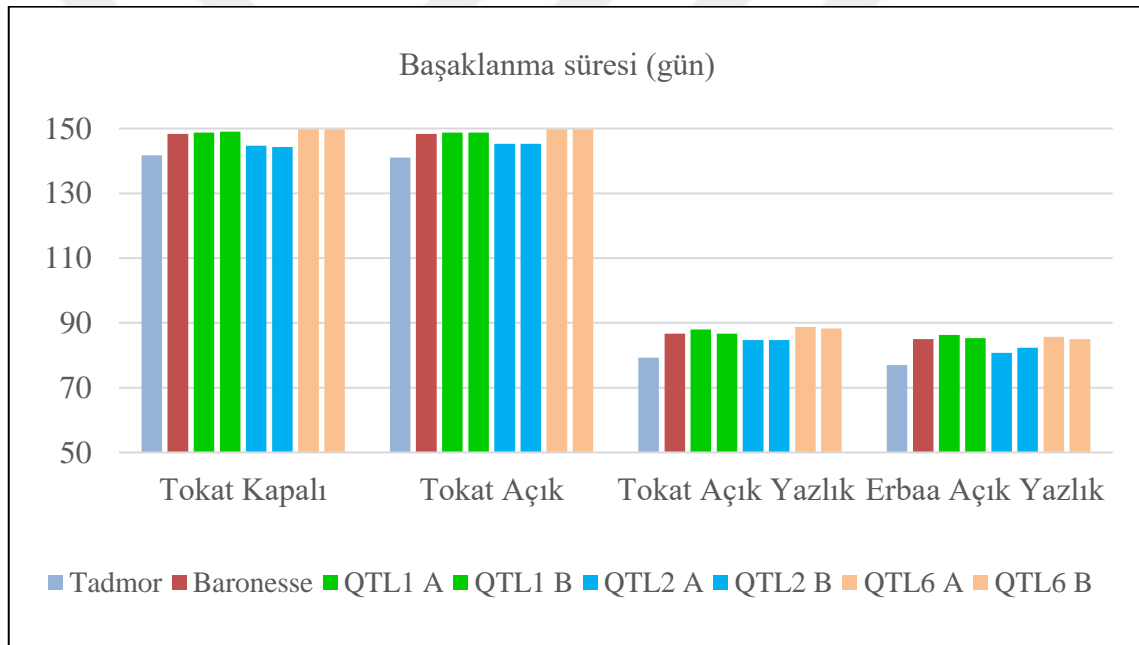
#### **4.3.9. Başaklanma süresi**

Başaklanma süreleri bakımından hatlar arasında istatistiki anlamda ( $P < 0.01$ ) önemli farklılıklar bulunmuştur (Çizelge 4.13). Tadmor çeşidi tüm denemelerde tekrarlanan ebeveyn Baronesse çeşidinden 5.3 ile 8.0 gün arasında daha erken başaklanmıştır (Şekil 4.25). Tokat Kapalı denemesinde QTL1 B hattı hariç, QTL1 bölgesini taşıyan iki hat ile Baronesse çeşidi arasında başaklanma süresi bakımından önemli bir fark bulunmamıştır. QTL2 kazandırılan her iki hat bütün denemelerde daha erken başaklanmışlardır. Bu erkencilik Tokat Kapalı denemesinde 2.5, Tokat Açık denemesinde 3.0, Tokat Açık Yazlık denemesinde 2.0 ve Erbaa Açık Yazlık denemesinde 3.5 gün olmuştur. Bu farklılıklar tüm denemelerde istatistiki anlamda önemli bulunmuştur. QTL6 bölgesini taşıyan hatlar ile Baronesse çeşidi arasındaki Tokat Kapalı denemesinde gözlenen 2.9, Tokat Açık Yazlık denemesinde gözlenen 1.8 günlük gecikme istatistiki anlamda farklı olmuştur. QTL6 bölgesi Tokat Açık denemelerinde başaklanma süresini 1.4 gün geciktirmiş fakat bu farklılık istatistiki olarak önemli olmamıştır. Erbaa Açık Yazlık denemelerinde başaklanma Baronesse çeşidine benzer olmuştur. Sonuç olarak QTL6 bölgesinin başaklanma süresini 1 ile 3 gün arasında geciktirdiği söylenebilir.

Çizelge 4.13. Ebeveyn ve hatların başaklanma süreleri (gün)

Ebeveyn/Hat	Denemeler				Ortalama
	Tokat Kapalı	Tokat Açık	Tokat Açık Yazlık	Erbaa Açık Yazlık	
Tadmor	141.7 D**	141.0 C**	79.3 D**	77.0 C**	109.8
Baronesse	147.0 B	148.3 A	86.7 B	85.0 A	116.8
QTL1 A	147.7 B	148.7 A	88.0 AB	86.3 A	117.7
QTL1 B	149.0 A	148.7 A	86.7 B	85.3 A	117.4
QTL2 A	144.7 C	145.3 B	84.7 C	80.7 B	113.9
QTL2 B	144.3 C	145.3 B	84.7 C	82.3 B	114.2
QTL6 A	149.7 A	149.7 A	88.7 A	85.7 A	118.5
QTL6 B	149.7 A	149.7 A	88.3 A	85.0 A	118.2
Ortalama	146.8	147.1	85.9	83.4	

\*\* : %1 düzeyinde önemli. Aynı harfle gösterilen ortalamalar arasındaki farklılıklar %5 düzeyinde önemsizdir.



Şekil 4.25. Ebeveyn ve hatların başaklanma süreleri (gün)

Başaklanma süresi bitkilerin çeşitli çevresel şartlara adaptasyonunu sağlayan önemli bir karakterdir. Başaklanma süresini düzenleyen genler gün uzunluğuna tepki, vernalizasyon gereksinimi ve çevreden bağımsız tek başına etkili genler olarak üçe ayrılır (Stracke ve Borner 1998). Laurie ve ark. (1995) başaklanma ile ilgili beş önemli lokus ve sekiz QTL belirlemişlerdir. Araştırmamızda aktardığımız QTL1 bölgesine çok yakın, küçük etkili bir başaklanma süresi QTL'i bulunmaktadır (Pillen ve ark., 2003; Sameri ve Komatsuda 2004; Wang ve ark., 2010a). Sameri ve Komatsuda (2004) bu QTL'i yazlık ve kışlık



ekimlerde incelemiş, sadece terminal kuraklığın belirgin olduğu yazlık ekimlerde kuraklıkla ilişkili olduğunu gözlemlemişlerdir. Tokat Kapalı denemesinde QTL1B hattında gözlenen iki günlük gecikmenin sebebi bu bölgede bulunan başaklanma süresi QTL'i olabilir. Ancak QTL1 bölgesi için geliştirilen iki paralel hattın aynı denemede benzer etkiyi göstermemesi nedeniyle bu QTL'in varlığı hakkında kesin olarak hükme varılamamaktadır. Kromozom 2'de bulunan QTL2 bölgesinde çevreden bağımsız tek başına etkili genler grubunda olan bir başaklanma süresi geni (*eps2*) rapor edilmiştir (Laurie et al. 1995; Francia ve ark., 2004). Tarla denemelerinin tamamında QTL2 bölgesini içeren hatların erken başaklanması, *eps2* geni ile ilişkili olabilir. QTL6 bölgesinde de başaklanma süresi ile ilgili olan ve tek başına etkili genler grubunda yer alan *eps6* geni bulunmaktadır (Bezant ve ark., 1996; Schmalenbach ve ark., 2009). QTL6 bölgesi için geliştirilen hatlarda başaklanma süresinde görülen farklılıkların sebebi de Tadmor çeşidinin *eps6* allelleri olabilir.

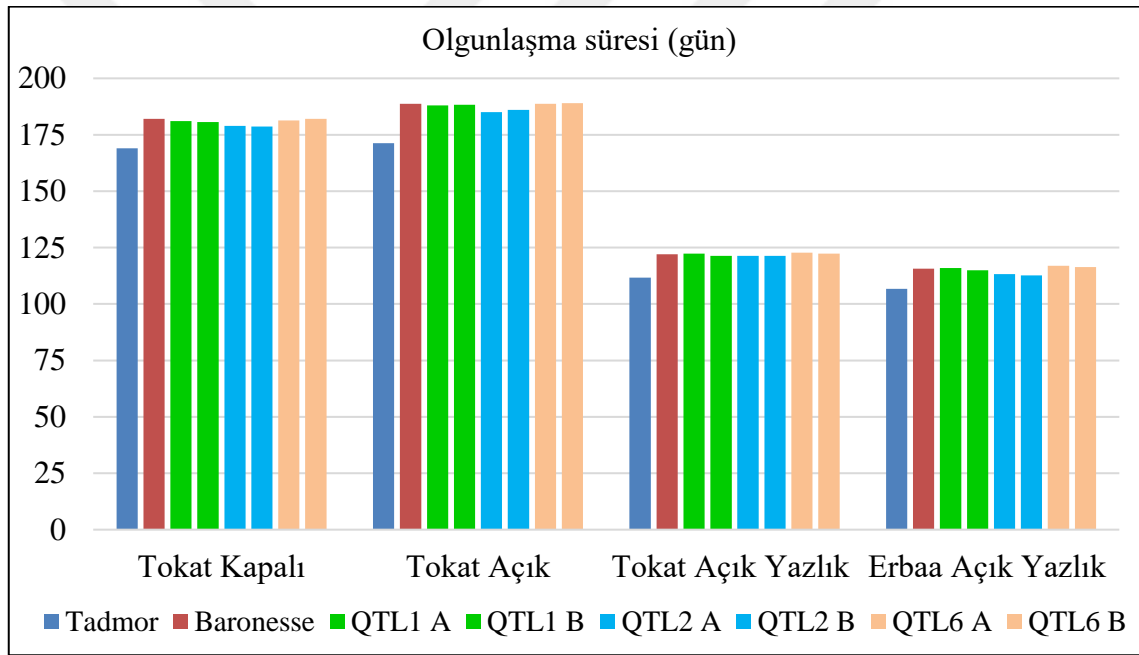
#### **4.3.10. Olgunlaşma süresi**

Olgunlaşma süreleri bakımından ebeveyn çeşitler ve hatlar arasında istatistiki anlamda ( $P<0.01$ ) önemli farklılıklar bulunmuştur (Çizelge 4.14). Tadmor çeşidi tüm denemelerde tekrarlanan ebeveyn Baronesse çeşidinden 9.0 ile 17.4 gün arasında daha erken olgunlaşmıştır (Şekil 4.26). QTL1 bölgesini taşıyan hatlar ile Baronesse çeşidi arasındaki olgunlaşma süresi arasındaki farklar Tokat Kapalı denemesinde QTL1B hattı dışında istatistiki anlamda önemli olmamıştır. QTL2 Tokat Açık Yazlık denemesi hariç, istatistiki olarak Baronesse çeşidinden farklı olmuştur. QTL2 bölgesini taşıyan iki hat bütün denemelerde Baronesse çeşidinden 0.7 ile 3.2 gün arasında daha erken olgunlaşmışlardır. QTL6 bölgesini taşıyan hatlar Erbaa Açık Yazlık denemesinde QTL6A hattı hariç Baronesse çeşidinden istatistiki olarak farksız bulunmuştur.

Çizelge 4.14. Ebeveyn ve hatların olgunlaşma süreleri (gün)

Ebeveyn/Hat	Denemeler				Ortalama
	Tokat Kapalı	Tokat Açık	Tokat Açık Yazlık	Erbaa Açık Yazlık	
Tadmor	169.0 D**	171.3 C**	111.7 C**	106.7 E**	139.7
Baronesse	182.0 A	188.7 A	122.0 AB	115.7 BC	152.1
QTL1 A	181.0 AB	188.0 A	122.3 A	116.0 ABC	151.8
QTL1 B	180.7 B	188.3 A	121.3 B	115.0 C	151.3
QTL2 A	179.0 C	185.0 B	121.3 B	113.3 D	149.7
QTL2 B	178.7 C	186.0 B	121.3 B	112.7 D	149.7
QTL6 A	181.3 AB	188.7 A	122.7 A	117.0 A	152.4
QTL6 B	182.0 A	189.0 A	122.3 A	116.3 AB	152.4
Ortalama	179.2	185.6	120.6	114.1	

\*\* %1 düzeyinde önemli. Aynı harfle gösterilen ortalamalar arasındaki farklılıklar %5 düzeyinde önemsizdir.



Şekil 4.26. Ebeveyn ve hatların olgunlaşma süreleri (gün)

Olgunlaşmanın daha erken olması arpanın terminal kuraklık stresinden önce yaşam döngüsünü tamamlaması için önemlidir. Tadmor çeşidi Baronesse çeşidinden bütün denemelerde daha erken olgunlaşmıştır. Tadmor çeşidinin QTL1, QTL2 ve QTL6 bölgeleri Baronesse çeşidinin olgunlaşma süresini önemli ölçüde etkilememiştir. QTL2 bölgesi aktarılan hatlarda gözlenen 1 ile 3 günlük erken olgunlaşmasını sebebi, bu bölgenin daha erken başaklanmayla sonuçlandığından olabilir. Erken başaklanan genotiplerin erken olgunlaştığı Kandemir (2004b) tarafından da belirlenmiştir. Tadmor

çeşidinin erken olgunlaşmasının sebebi von Korff ve ark. (2008)'nin Tadmor x Er/Apm haritalama popülasyonunda kromozom 5'de 6'da haritalamış oldukları iki QTL bölgesi olabilir.

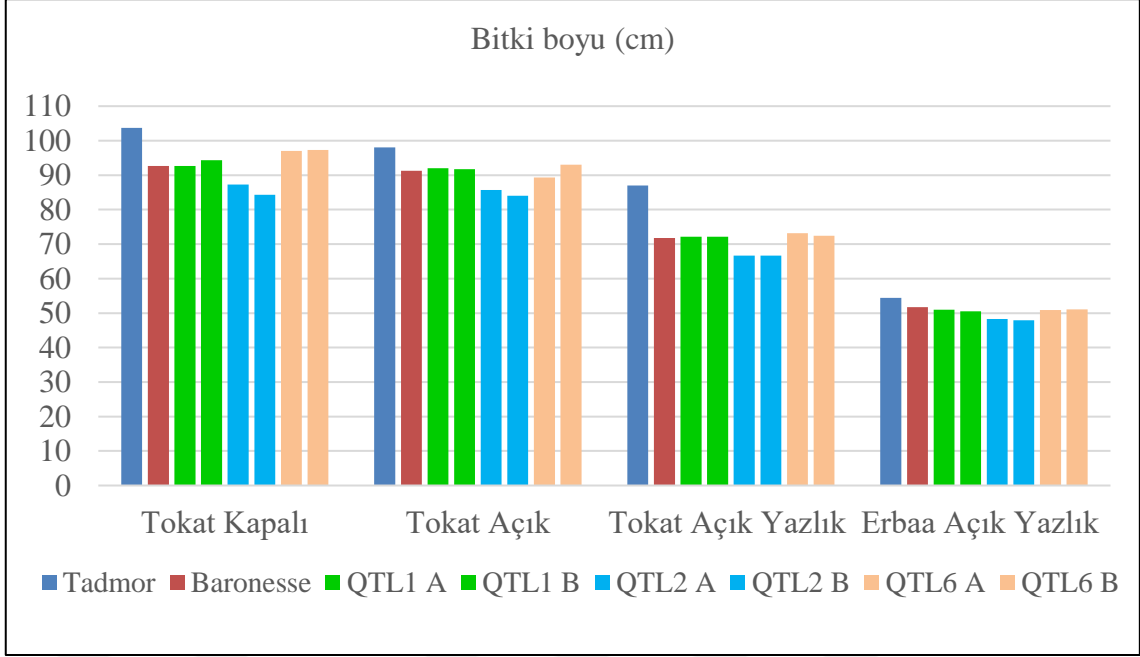
#### 4.3.11. Bitki boyu

Bitki boyu bakımından hatlar arasında istatistiki anlamda ( $P < 0.01$ ) önemli farklılıklar belirlenmiştir (Çizelge 4.15). Tadmor çeşidi tüm denemelerde Baronesse çeşidinden 2.7-15.2 cm arasında daha uzun bitki boyuna sahip olmuştur (Şekil 4.27). QTL1 bölgesini taşıyan iki hat ile Baronesse çeşidi arasında bitki boyu bakımından ortaya çıkan farklar önemli bulunmamıştır. QTL2 kazandırılan her iki hat bütün denemelerde Baronesse çeşidinden 3.6-6.9 cm arasında daha kısa olmuştur. QTL6 bölgesini taşıyan hatlarda gerçek kuraklığın görüldüğü Tokat Kapalı denemede bitki boyları Baronesse çeşidine göre kısmen uzun olsa da bu fark istatistiki açıdan önemli olmamıştır. QTL2 bölgesi hariç, incelenen QTL'lerin Baronesse çeşidinin bitki boyunu etkilemediği söylenebilir.

Çizelge 4.15. Ebeveyn ve hatların bitki boyu değerleri (cm)

Ebeveyn/Hat	Denemeler				Ortalama
	Tokat Kapalı	Tokat Açık	Tokat Açık Yazlık	Erbaa Açık Yazlık	
Tadmor	103.7 A**	98.0 A**	87.0 A**	54.4 A**	85.8
Baronesse	92.7 B	91.3 BC	71.8 B	51.7 B	76.9
QTL1 A	92.7 B	92.0 BC	72.1 B	51.0 B	77.0
QTL1 B	94.3 B	91.7 BC	72.1 B	50.5 B	77.2
QTL2 A	87.3 C	85.7 D	66.7 C	48.3 C	72.0
QTL2 B	84.3 C	84.0 D	66.7 C	47.9 C	70.7
QTL6 A	97.0 B	89.3 C	73.2 B	50.9 B	77.6
QTL6 B	97.3 B	93.0 B	72.4 B	51.1 B	78.4
Ortalama	93.7	90.6	72.8	50.7	

\*\* : %1 düzeyinde önemli. Aynı harfle gösterilen ortalamalar arasındaki farklılıklar %5 düzeyinde önemsizdir.



Şekil 4.27. Ebeveyn ve hatların bitki boyu değerleri (cm)

Bitki boyu bodur, yarı bodur ve diğer bitki boyu genleri ile kontrol edilen bir özelliktir. Tadmor çeşidinde bilinen kısa bitki boyu lokusu yoktur (Chloupek ve ark., 2006). Baronesse çeşidi bu araştırmanın yürütüldüğü bölgede daha önceki bir çalışmada kısa bitki boyu değerleri ile öne çıkmıştır (Kandemir, 2004a). Tadmor çeşidi kısa bitki boyu sağlayan herhangi bir lokus taşımadığından dolayı bütün tarla denemelerinde Baronesse çeşidinden daha uzun bitki boyu değerlerine sahip olmuştur. QTL1 bölgesi bitki boyunda herhangi bir değişikliğe neden olmamıştır. QTL1 bölgesinin bitki boyunu etkilemediği Teulat ve ark. (2001b) tarafından da belirlenmiştir. QTL2 bölgesi için geliştirilen hatlarda gözlenen daha kısa bitki boyu başaklanma süresi ile ilgilidir. Bezan ve ark. (1996) bitki boyu ve başaklanma süresinin birbiri ile ilişkili karakterler olduğunu belirtmişlerdir. Erken başaklanma çoğu kez daha kısa bitki boyu ile sonuçlanmaktadır. Bu yüzden QTL2 hatlarının bitki boyları Baronesse çeşidine göre daha kısa olmuştur. QTL6 bölgesini taşıyan hatlar bitki boyu bakımından Baronesse çeşidinden farklı olmamıştır. QTL6 da dahil çok sayıda QTL bölgesinin bitki boyuna etkisini inceleyen Lakew ve ark. (2013) bu bölgenin bitki boyuna etki etmediğini belirlemişlerdir. Bölgenin bitki boyu ile ilişkili olmadığı orijinal haritalama popülasyonunun tarlada yürütülen denemelerinde de gözlenmiştir (Teulat ve ark., 2001b).

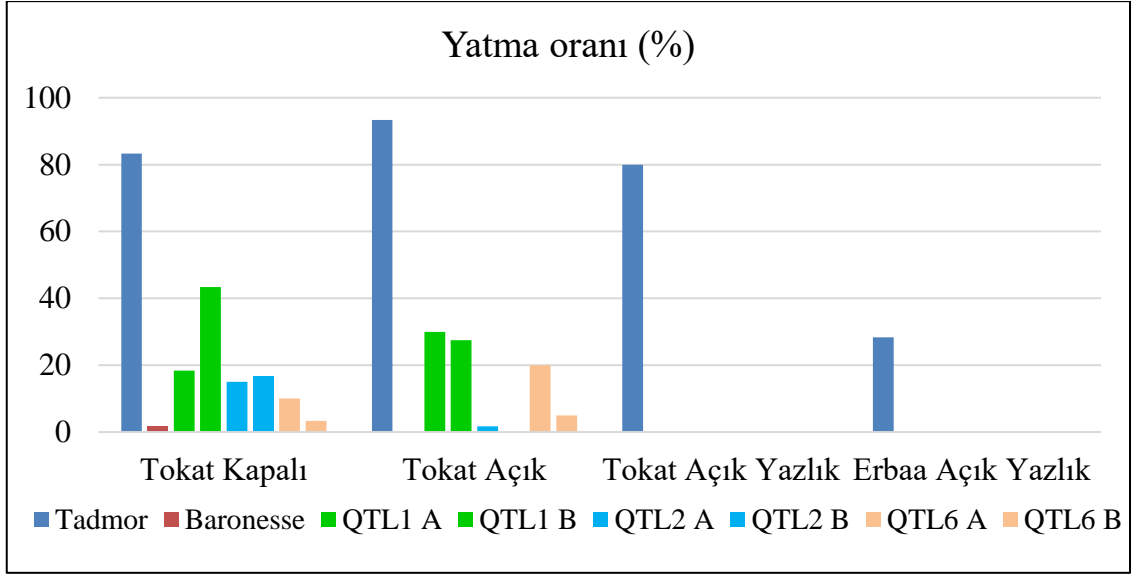
#### 4.3.12. Yatma oranı

Yatma oranları bakımından çalışmada incelenen genotipler arasında önemli farklılıklar bulunmuştur ( $P<0.01$ ). Tadmor çeşidi tüm denemelerde tekrarlanan ebeveyn Baronesse çeşidinden daha yüksek yatma oranına sahip olmuştur (Çizelge 4.16). QTL1 bölgesini taşıyan hatlar Tokat Açık denemesinde ve QTL1B hattı Tokat Kapalı denemesinde Baronesse çeşidine göre daha yüksek yatma oranlarına sahip olurken, diğer denemelerde fark bulunmamıştır. QTL2 ve QTL6 bölgelerini taşıyan hatlar tüm denemelerde Baronesse çeşidine benzer yatma oranlarına sahip olmuşlardır (Şekil 4.28).

Çizelge 4.16. Ebeveyn ve hatların yatma oranları (%)

Ebeveyn/Hat	Denemeler				Ortalama
	Tokat Kapalı	Tokat Açık	Tokat Açık Yazlık	Erbaa Açık Yazlık	
Tadmor	83.33 A**	93.33 A**	80.00 A**	28.33 A**	71.25
Baronesse	1.67 C	0.00 C	0.00 B	0.00 B	0.42
QTL1 A	18.33 C	30.00 B	0.00 B	0.00 B	12.08
QTL1 B	43.33 B	27.50 B	0.00 B	0.00 B	17.71
QTL2 A	15.00 C	1.67 C	0.00 B	0.00 B	4.17
QTL2 B	16.67 C	0.00 C	0.00 B	0.00 B	4.17
QTL6 A	10.00 C	20.00 BC	0.00 B	0.00 B	7.50
QTL6 B	3.33 C	5.00 C	0.00 B	0.00 B	2.08
Ortalama	23.96	22.19	10.00	3.54	

\*\* %1 düzeyinde önemli. Aynı harfle gösterilen ortalamalar arasındaki farklılıklar %5 düzeyinde önemsizdir.



Şekil 4.28. Ebeveyn ve hatların yatma oranları (%)

Yatma oranı bitki boyu ve sap sağlamlığı ile ilgiliyken aynı zamanda yağışa da önemli ölçüde bağlıdır. Tadmor çeşidi özellikle yağışın fazla olmadığı kurak bölgeler için geliştirildiğinden (Teulat ve ark., 1997), yatma açısından bir seleksiyona uğramamış, bitki boyu yüksek, ince saplı bir çeşittir ve bu yüzden yatmaya hassastır (von Korff ve ark., 2008). Tadmor çeşidinin yatma oranının tüm denemelerde yüksek olması bitki boyunun uzun ve ince saplı olmasından kaynaklanmaktadır. Aktarılan QTL bölgelerinin bitki boyuna çok fazla etki etmemesi nedeniyle çeşidin yatma oranı da olumsuz etkilememişlerdir. Tokat Kapalı denemesinde QTL1 hatlarında görülen yatma oranı bakımından kısmi artışlar, bu QTL bölgesindeki yatma oranını etkileyen olası diğer genlerin varlığından kaynaklanmış olabilir. Tokat Açık denemesinde görülen farklılıklar ise başaklanma dönemi sonrasında gerçekleşen yağışlardan kaynaklanmış olabilir.

#### 4.3.13. Başak boyu

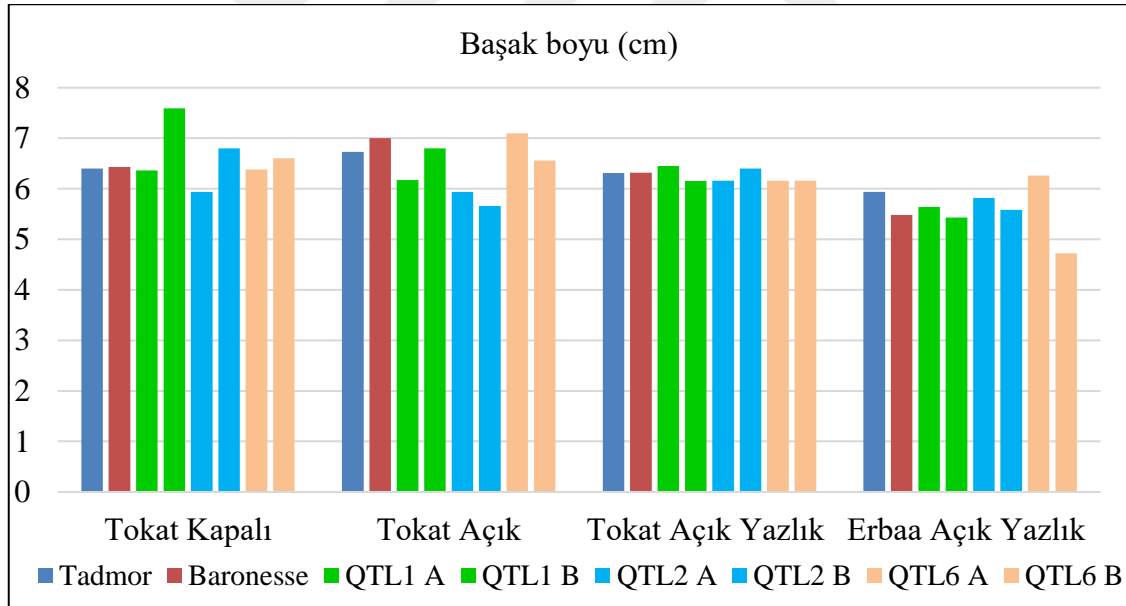
Tadmor ve Baronesse çeşitlerinin başak boyu tüm denemelerde birbirine benzer bulunmuştur (Çizelge 4.17). Tokat Kapalı denemesinde QTL1B hattı Baronesse çeşidinden istatistiksel anlamda 1.16 cm daha uzun başak boyu değerine sahip olurken, QTL1A hattının başak boyu Tokat Açık denemesinde istatistiki olarak 0.83 cm daha kısa bulunmuştur (Şekil 4.29). QTL2 hatları Tokat Açık denemesinde Baronesse çeşidinden 1.20 cm daha kısa başak boyu değerlerine sahip olurken, diğer denemelerde farklı

olmamıştır. QTL6 bölgesini taşıyan hatlar bütün denemelerde Baronesse çeşidine benzer bulunmuştur.

Çizelge 4.17. Ebeveyn ve hatların başak boyu değerleri (cm)

Denemeler					
Ebeveyn/Hat	Tokat Kapalı	Tokat Açık	Tokat Açık Yazlık	Erbaa Açık Yazlık	Ortalama
Tadmor	6.40 BC*	6.73 AB**	6.31 <sup>ÖD</sup>	5.94 <sup>ÖD</sup>	6.35
Baronesse	6.43 BC	7.00 AB	6.32	5.48	6.31
QTL1 A	6.36 BC	6.17 CD	6.45	5.64	6.15
QTL1 B	7.59 A	6.80 AB	6.15	5.43	6.49
QTL2 A	5.94 C	5.94 DE	6.16	5.82	5.96
QTL2 B	6.80 B	5.66 E	6.40	5.58	6.11
QTL6 A	6.38 BC	7.10 A	6.16	6.26	6.48
QTL6 B	6.60 BC	6.56 BC	6.16	4.72	6.01
Ortalama	6.56	6.49	6.26	5.61	

<sup>ÖD</sup> Önemli değil. \*\*, \* sırasıyla %1 ve %5 düzeyinde önemli. Aynı harfle gösterilen ortalamalar arasındaki farklılıklar %5 düzeyinde önemsizdir.



Şekil 4.29. Ebeveyn ve hatların başak boyu değerleri (cm)

Başak boyu doğrudan verim bileşeni değildir, fakat tane kalitesi üzerinde dolaylı etkiye sahiptir (Wang ve ark., 2010b). Tadmor ile Er/Apm melezlemesinden geliştirilen haritama popülasyonunda başak boyunu etkileyen sadece iki QTL belirlenmiştir (von Korff ve ark., 2008). Bu QTL bölgelerinin biri bu çalışmada incelenen QTL2 bölgesinde, diğeri kromozom 7'dedir. Tadmor çeşidinin QTL2 bölgesi başak boyunun

daha kısa olmasını sağlamış (von Korff ve ark., 2008), fakat etkisi sadece bazı çevrelerde belirlenmiştir. Aynı QTL bölgesini farklı haritalama popülasyonunda inceleyen Talame ve ark. (2004), QTL2 bölgesinin sadece bir çevrede etkili olduğunu belirlemişlerdir. Bu verilere göre QTL'in çevreden etkilendiği hükmüne varılabilir. Nitekim araştırmamızda incelenen QTL bölgelerinden sadece QTL2 bölgesi Tokat Açık denemesinde daha kısa başak boyuna sahip olmuştur.

#### 4.3.14. Başakta tane sayısı

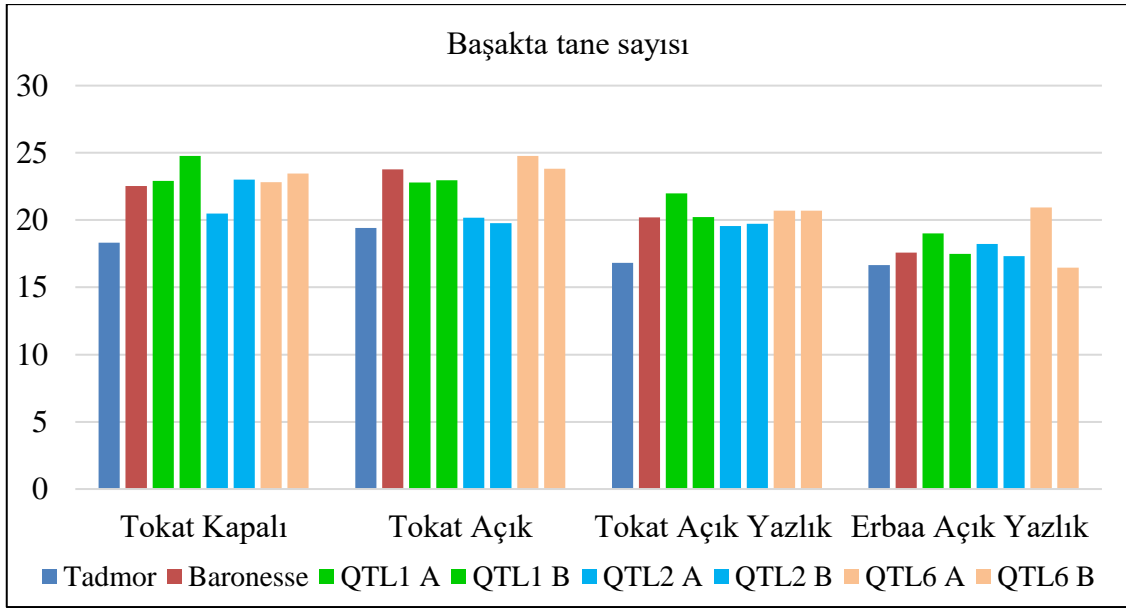
Başakta tane sayısı bakımından Erbaa Açık Yazlık denemesi dışında, ebeveyn çeşitler ve hatlar arasında istatistiki anlamda ( $P < 0.01$ ) önemli farklılıklar bulunmuştur (Çizelge 4.18). Baronesse çeşidi tüm denemelerde Tadmor çeşidinden 0.9 ile 4.3 arasında daha fazla başakta tane sayısına sahip olmuştur (Şekil 4.30). QTL1 bölgesi Tokat kapalı denemesinde QTL1B hattı hariç, Baronesse çeşidinin başakta tane sayısında bir değişikliğe yol açmamıştır. QTL2 hatları Tokat Açık denemesinde Baronesse çeşidinden ortalama 3.8 daha az, Tokat Kapalı denemesinde QTL2A hattı 2.0 daha az, QTL2B hattı ise Baronesse çeşidiyle benzer başakta tane sayısına sahip olmuştur. Diğer denemelerde QTL2 bölgesi için geliştirilen hatlar istatistiki olarak farklı olmamıştır. QTL6 bölgesini taşıyan hatlar bütün denemelerde Baronesse çeşidinden farklı olmamıştır.

Çizelge 4.18. Ebeveyn ve hatların başakta tane sayıları

Ebeveyn/Hat	Denemeler				Ortalama
	Tokat Kapalı	Tokat Açık	Tokat Açık Yazlık	Erbaa Açık Yazlık	
Tadmor	18.3 D <sup>**</sup>	19.4 C <sup>**</sup>	16.8 C <sup>**</sup>	16.7 <sup>OD</sup>	17.8
Baronesse	22.5 B	23.8 AB	20.2 AB	17.6	21.0
QTL1 A	22.9 B	22.8 B	22.0 A	19.0	21.7
QTL1 B	24.8 A	23.0 B	20.2 AB	17.5	21.4
QTL2 A	20.5 C	20.2 C	19.6 B	18.2	19.6
QTL2 B	23.0 AB	19.8 C	19.7 B	17.3	20.0
QTL6 A	22.8 B	24.8 A	20.7 AB	21.0	22.3
QTL6 B	23.5 AB	23.8 AB	20.7 AB	16.5	21.1
Ortalama	22.3	22.2	20.0	18.0	

<sup>OD</sup> Önemli değil. <sup>\*\*</sup> %1 düzeyinde önemli. Aynı harfle gösterilen ortalamalar arasındaki farklılıklar %5 düzeyinde önemsizdir.





Şekil 4.30. Ebeveyn ve hatların başakta tane sayıları

Başakta tane sayısı, tane verimini oluşturan üç verim ögesinden biridir. Araştırmanın yürütüldüğü bütün denemelerde en düşük başakta tane sayısı Tadmor çeşidinden elde edilmiştir. QTL1 bölgesi başakta tane sayısını etkilememiştir. QTL2 bölgesi için geliştirilen hatlardan QTL2A hattı Kapalı ve Tokat Açık denemesinde önemli bir azalmaya neden olurken, diğer denemelerde farklı olmamıştır. QTL2B bölgesi ise, sadece Tokat Açık denemesinde başakta tane sayısının kısmen azalmasına neden olmuştur. QTL2 bölgesinin başakta tane sayısını etkilediğine dair literatürde bir bulgu yoktur. Çalışmamızda QTL6 bölgesi başakta tane sayısını etkilememiştir. Teulat ve ark. (2001b) Tadmor x Er/Apm melezinden geliştirilen haritalama popülasyonunda Kromozom 2'de Tadmor çeşidinin allellerinin başakta tane sayısına etki ettiği bir QTL bölgesi belirlemişlerdir. Belirlenen QTL bölgesi bu çalışmada kullanılan QTL bölgesinin dışındadır. Başka haritalama popülasyonlarında başakta tane sayısı ile ilgili olduğu belirlenen bölgeler de mevcuttur (Pillen ve ark., 2003; Lakew ve ark., 2013). Fakat bu bölgelerin hiçbiri bu çalışmada kullanılan QTL bölgeleri ile ilişkili değildir.

#### 4.3.15. Metrekarede başak sayısı

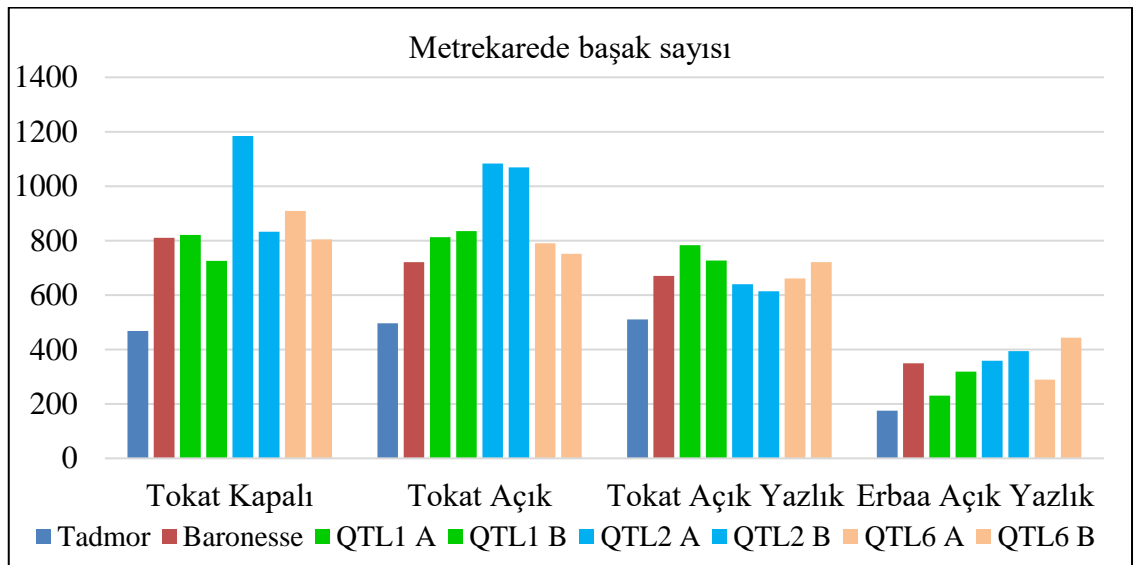
Metrekarede başak sayısı bakımından ebeveyn çeşitler ve hatlar arasında istatistiksel anlamda ( $P < 0.01$ ) önemli farklılıklar bulunmuştur (Çizelge 4.19). Baronesse çeşidi bütün denemelerde Tadmor çeşidinden daha fazla metrekarede başak sayısına sahip olmuştur

(Şekil 4.31). QTL1 bölgesi için geliştirilen hatlar Baronesse çeşidi ile benzer metrekarede başak sayısına sahip olmuştur. QTL2 bölgesi için geliştirilen hatlardan QTL2A hattı, Tokat Kapalı ve Tokat Açık denemelerinde Baronesse çeşidinden sırasıyla 374.0 ve 362.5 daha fazla metrekarede başak sayısına sahip olmuş ve bu fark istatistiki olarak önemli bulunmuştur. Diğer denemelerde ise, Baronesse çeşidinden farklı olmamıştır. QTL2B hattı ise sadece Tokat Açık denemesinde Baronesse çeşidinden metrekarede 348 daha fazla başak sayısına sahip olurken diğer denemelerde benzer olmuştur QTL6 bölgesi için geliştirilen hatlarda metrekarede başak sayısı Baronesse çeşidinden farklı olmamıştır.

Çizelge 4.19. Ebeveyn ve hatların metrekarede başak sayıları

Ebeveyn/Hat	Denemeler				Ortalama
	Tokat Kapalı	Tokat Açık	Tokat Açık Yazlık	Erbaa Açık Yazlık	
Tadmor	467.7 C**	496.5 C**	509.9 C**	175.2 <sup>ÖD</sup>	412.3
Baronesse	810.7 B	721.1 B	670.8 AB	349.6	638.1
QTL1 A	821.3 B	812.5 B	782.9 A	230.7	661.9
QTL1 B	726.2 B	835.3 B	726.7 AB	318.6	651.7
QTL2 A	1 184.7 A	1 083.6 A	639.8 B	358.4	816.6
QTL2 B	832.3 B	1 069.4 A	613.6 BC	394.0	727.3
QTL6 A	908.7 B	790.0 B	660.4 AB	288.9	662.0
QTL6 B	803.9 B	751.9 B	720.4 AB	442.8	679.8
Ortalama	819.4	820.0	665.5	319.8	

<sup>ÖD</sup> Önemli değil. \*\* %1 düzeyinde önemli. Aynı harfle gösterilen ortalamalar arasındaki farklılıklar %5 düzeyinde önemsizdir.



Şekil 4.31. Ebeveyn ve hatların metrekarede başak sayıları

Metrekarede başak sayısı tane verimi ile ilişkili önemli verim öğelerinden biridir. Baronesse çeşidi metrekarede başak sayısı bakımından daha yüksek değerlere sahip olmuştur. Metrekarede başak sayısı bakımından QTL1 bölgesi için geliştirilen hatlar, Baronesse çeşidinden farklı bulunmamıştır. QTL2 bölgesi için geliştirilen hatların metrekarede başak sayıları Tokat Açık ve Tokat Kapalı denemelerinde daha yüksek bulunmuştur. Bu QTL bölgesini inceleyen von Korff ve ark. (2006), ilgili bölgenin bazı lokasyonlarda metrekarede başak sayısı ile ilişkili olduğunu belirlemişlerdir. Benzer bulgular başka bir haritalama popülasyonunu inceleyen Wang ve ark. (2010a) tarafından da belirlenmiştir. QTL6 Baronesse çeşidinin metrekarede başak sayısını etkilememiştir. Metrekarede başak sayısı ile ilgili çalışmalarda kromozom 2 (Baum ve ark., 2003; Wang ve ark., 2010a), kromozom 4 ve 5'te (Pillen ve ark., 2004) QTL'ler belirlenmiştir. Bu araştırmada kullanılan QTL bölgelerinden QTL2 dışında metrekarede başak sayısı ile ilişki olan QTL bölgesi bulunmamaktadır.

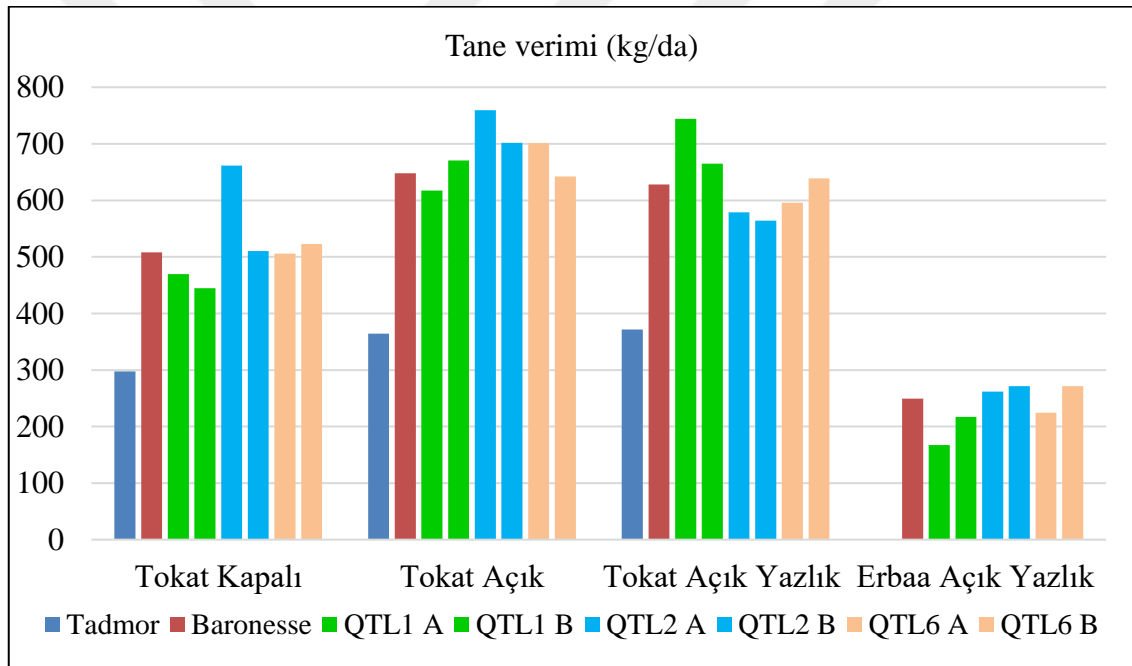
#### **4.3.16. Tane verimi**

Erbaa Açık Yazlık denemesi hariç tane verimi bakımından ebeveyn çeşitler ve hatlar arasında istatistiki anlamda ( $P < 0.01$ ) önemli farklılıklar bulunmuştur (Çizelge 4.20). Baronesse çeşidi tüm denemelerde Tadmor çeşidinden 141-284 kg/da arasında daha yüksek tane verimi vermiştir (Şekil 4.32). QTL1 bölgesini taşıyan iki hat ile Baronesse çeşidi arasında tane verimi bakımından istatistiksel anlamda farklılık bulunmamıştır. QTL2 bölgesi taşıyan QTL2A hattı Tokat Kapalı denemesinde 153 kg/da ve Tokat Açık denemesinde 112 kg/da daha fazla tane verimine sahip olurken, QTL2B hattı ve Baronesse çeşidi arasındaki farklar bütün denemelerde önemsiz olmuştur. QTL6 taşıyan hatlar ile Baronesse çeşidi arasındaki tane verimi farkları da istatistiksel anlamda önemli olmamıştır.

Çizelge 4.20. Ebeveyn ve hatların tane verimleri (kg/da)

Ebeveyn/Hat	Denemeler				Ortalama
	Tokat Kapalı	Tokat Açık	Tokat Açık Yazlık	Erbaa Açık Yazlık	
Tadmor	297.4 C**	364.3 C**	371.9 C**	108.7 <sup>OD</sup>	285.6
Baronesse	508.3 B	647.8 AB	627.9 AB	249.2	508.3
QTL1 A	469.5 B	617.2 B	744.2 A	167.3	499.5
QTL1 B	444.5 B	670.6 AB	665.0 AB	216.9	499.2
QTL2 A	661.5 A	759.2 A	578.6 B	261.6	565.3
QTL2 B	510.4 B	701.8 AB	564.3 B	271.7	512.0
QTL6 A	505.6 B	701.1 AB	596.0 B	224.2	506.7
QTL6 B	523.0 B	642.2 AB	639.1 AB	271.2	518.9
Ortalama	490.0	638.0	598.4	221.4	

<sup>OD</sup> Önemli değil. \*\*%1 düzeyinde önemli. Aynı harfle gösterilen ortalamalar arasındaki farklılıklar %5 düzeyinde önemsizdir.



Şekil 4.32. Ebeveyn ve hatların tane verimleri (kg/da)

Baronesse çeşidi tüm denemelerde Tadmor çeşidinden daha yüksek tane verimine sahip olmuştur. Baronesse çeşidi ıslah edilmiş modern bir çeşittir ve tane veriminin artırılmasında gen kaynağı olarak kullanılmaktadır (Schmierer ve ark., 2004). Tadmor çeşidi bir Suriye yerel popülasyondan seçilmiş ve kısıtlı derecede ıslah edilmiş bir çeşittir (Teulat ve ark., 1997). Asıl olarak kurak şartlarda tutarlı tane verimi elde etmek için geliştirildiğinden, yüksek verim potansiyeline sahip şartlarda modern çeşitlerden daha düşük tane verimine sahip olması beklenen bir durumdur. QTL1 bölgesi aktarılan hatların

tane verimi, Baronesse çeşidinden istatistiki olarak önemli olmamıştır. QTL1 bölgesinin Tadmor allellerinin tane verimi ile ilişkisi olmadığı başka çalışmalarda da belirlenmiştir (Teulat ve ark., 2001b; von Korff ve ark., 2008). QTL2 bölgesi Tokat Kapalı ve Tokat Açık denemelerinde belirgin bir tane verimi artışı sağlarken, Tokat Açık Yazlık ve Erbaa Açık Yazlık denemelerindeki fark önemli olmamıştır. Tadmor x Er/Apm melezinden geliştirilen haritalama popülasyonunun farklı bölgelerde incelendiği araştırmalarda, QTL2 bölgesinin Tadmor allellerinin tane verimi ile ilgili olmadığı belirlenmiştir (Teulat ve 2001b; von Korff ve ark., 2008). QTL2 bölgesinin başka popülasyonlarda incelendiği araştırmalarda, bölgenin bazı çevrelerde tane verimini etkilediğini bazı çevrelerde ise etkilemediğini belirlemişlerdir (Pilen ve ark., 2004; Korff ve ark., 2006). Talame ve ark. (2004) başka popülasyonlarda incelediği QTL2 bölgesinin bütün çevrelerde tane verimini etkilediğini belirlemişlerdir. Söz konusu araştırmaların sonuçlarına göre bu QTL bölgesinin farklı bir genetik arka planda etkili olabileceği, bazı çevrelerde etkili olduğu bazılarındaki ise olmadığı hükmüne varılabilir. QTL6 bölgesi için geliştirilen hatların ikisinin tane verimi de Baronesse çeşidinden farklı olmamıştır. Bu QTL bölgesinin Tadmor allellerinin tane verimi ile ilişkili olmadığı Teulat ve ark. (2001b) tarafından da belirlenmiştir.

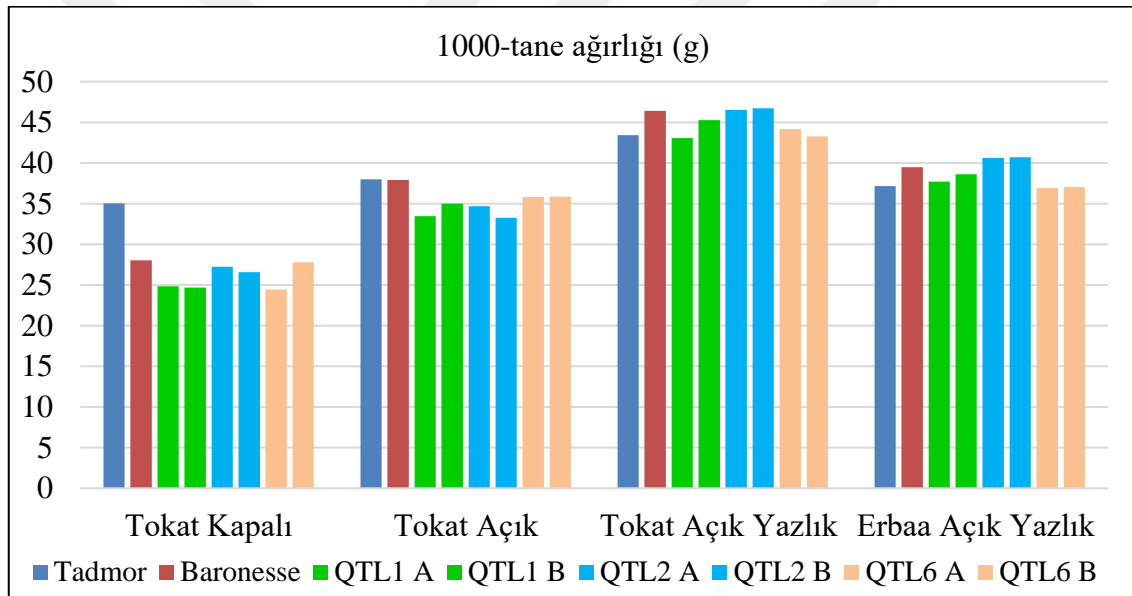
#### **4.3.17. 1000-tane ağırlığı**

Ebeveyn çeşitler ve hatlar arasında bin tane ağırlıkları bakımından önemli farklılıklar belirlenmiştir ( $P < 0.01$ ). Tadmor çeşidi Tokat Kapalı denemesinde Baronesse çeşidinden 7.00 g daha fazla 1000-tane ağırlığına sahip olurken, Tokat Açık denemesinde farklı olmamış, diğer denemelerde ise 2.31-2.66 g arasında daha düşük 1000-tane ağırlığına sahip olmuştur (Çizelge 4.21). QTL1 hatları Erbaa Açık Yazlık denemesinde Baronesse çeşidinden farklı olmazken, diğer denemelerde istatistiksel olarak 2.24 ile 3.95 g arasında daha düşük 1000-tane ağırlığına sahip olmuştur. QTL2 bölgesini taşıyan hatlar Tokat Açık denemesi dışında genel olarak Baronesse çeşidinden farklı olmamıştır. QTL6 bölgesi aktarılan hatlar Tokat Kapalı denemesinde QTL6B hattı dışında 2.07-3.58 g arasında Baronesse çeşidinden daha düşük 1000-tane ağırlığına sebep olmuştur (Şekil 4.33).

Çizelge 4.21. Ebeveyn ve hatların 1000-tane ağırlıkları (g)

Denemeler					
Ebeveyn/Hat	Tokat Kapalı	Tokat Açık	Tokat Açık Yazlık	Erbaa Açık Yazlık	Ortalama
Tadmor	35.03 A**	37.96 A**	43.40 C**	37.15 C**	38.38
Baronesse	28.03 B	37.90 A	46.40 A	39.46 AB	37.95
QTL1 A	24.83 C	33.44 C	43.06 C	37.71 BC	34.76
QTL1 B	24.66 C	34.99 B	45.26 B	38.62 BC	35.88
QTL2 A	27.24 B	34.66 B	46.51 A	40.62 A	37.26
QTL2 B	26.56 BC	33.25 C	46.70 A	40.69 A	36.80
QTL6 A	24.45 C	35.82 B	44.17 C	36.91 C	35.34
QTL6 B	27.80 B	35.85 B	43.24 C	37.04 C	35.98
Ortalama	27.32	35.48	44.84	38.53	

\*\* ,\* sırasıyla %1 ve %5 düzeyinde önemli. Aynı harfle gösterilen ortalamalar arasındaki farklılıklar %5 düzeyinde önemsizdir.



Şekil 4.33. Ebeveyn ve hatların 1000-tane ağırlıkları (g)

Gerçek kuraklık şartlarının oluşturulduğu Tokat Kapalı denemesinde Tadmor çeşidinde Baronesse çeşidine göre daha yüksek 1000-tane ağırlığı elde edilmiştir. Tokat Kapalı ve Tokat Açık denemeleri arasındaki farklar Baronesse çeşidinde Tadmor çeşidine kıyasla çok daha düşüktür. Tadmor çeşidi kurak şartlarda performansını devam ettirebilmesiyle bilinmektedir (Teulat ve ark., 1997). Kuraklık stresinin olmadığı Tokat Açık denemesinde Tadmor çeşidi Baronesse çeşidine benzer, Tokat Açık Yazlık denemesi ve Erbaa Açık Yazlık denemelerinde ise daha düşük olmuştur. Tadmor çeşidi bu denemelerde çok daha erken olgunlaşmış, tane dolum süreci daha erken tamamlanmıştır.

Dolayısıyla tane ağırlıkları daha düşük olmuştur. QTL1 bölgesi için geliştirilen hatların tamamı Baronesse çeşidinden daha düşük 1000-tane ağırlığına sahip olmuştur. Bu bölgenin Tadmor allellerinin 1000-tane ağırlığıyla ilgili bir ilişki belirlenmemiştir (Teulat ve ark., 2001b). Bir QTL bölgesi, bir genetik arka planda olumsuz etki gösterebileceği gibi, farklı bir genetik arka planda olumlu etki de gösterebilir ya da hiç etki göstermeyebilir. Bu bölgenin karakterle ilişkili olmasına bağlıdır. QTL1 bölgesinin 1000-tane ağırlığıyla ilgili bir bölge olduğu, diğer araştırmalarda da rapor edilmiştir (Pillen ve ark., 2003; Lakew ve ark., 2013). Bu çalışmada QTL1 bölgesinin incelendiği bütün lokasyonlarda Baronesse arka planında olumsuz etki göstermiştir. QTL2 bölgesi için geliştirilen hatların 1000-tane ağırlıkları Tokat Açık denemesi dışında Baronesse çeşidinden farklı olmamıştır. Tokat Açık denemesinde QTL2 bölgesi bir miktar azalmaya neden olmuştur. Bölgenin 1000-tane ağırlığı ile ilişkili olduğu ancak bazı çevrelerde etkisini gösterdiği rapor edilmiştir (von Korff ve ark., 2008). QTL6 bölgesi, Baronesse çeşidinin bütün denemelerde 1000-tane ağırlığının bir miktar azalmasına neden olmuştur. Orijinal haritalama popülasyonunu farklı bölgelerde inceleyen Teulat ve ark. (2001b), QTL6 bölgesinin 1000-tane ağırlığıyla ilgili olduğunu belirlemişlerdir. QTL6 bölgesinin Tadmor allelleri Baronesse çeşidinin 1000-tane ağırlığını olumsuz etkilemiştir.

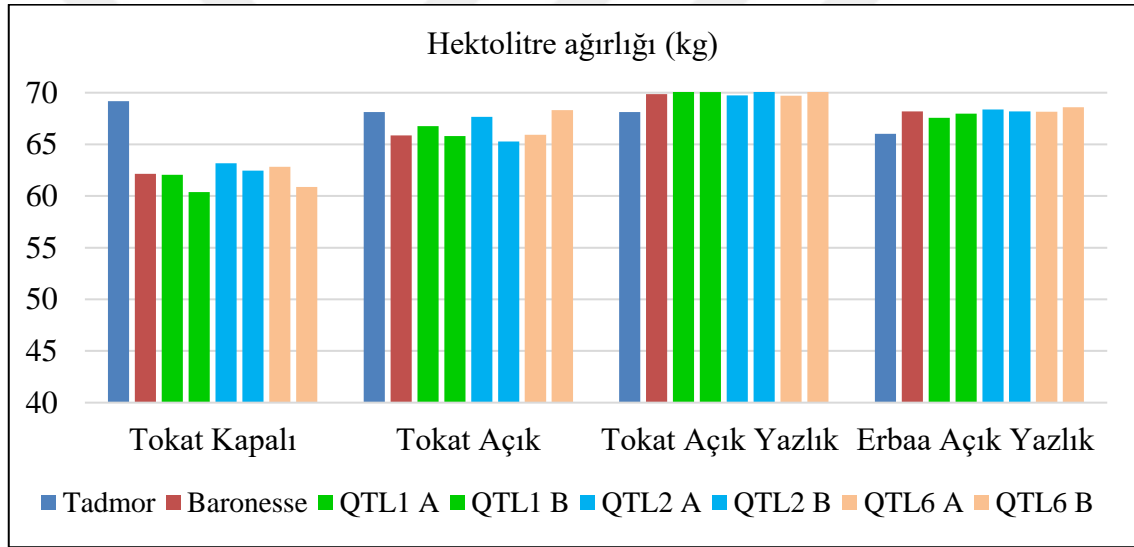
#### **4.3.18. Hektolitre ağırlığı**

Hektolitre ağırlığı bakımından ebeveynler ve geliştirilen hatlar arasında farklar, Erbaa Açık Yazlık denemesi dışında istatistiki anlamda önemli olmuştur ( $P < 0.05$  ve  $0.01$ ). QTL1 bölgesini taşıyan hatlar, bütün denemelerde Baronesse çeşidinden farklı olmamıştır (Çizelge 4.22). QTL2 bölgesini taşıyan hatlar da, Tokat Açık Yazlık denemesinde QTL2B hattı hariç bütün denemelerde Baronesse çeşidinden farklı olmamıştır (Şekil 4.34). QTL6 bölgesini taşıyan hatlar ise, Tokat Açık denemesinde QTL6B hattı hariç bütün denemelerde Baronesse çeşidine benzer bulunmuştur.

Çizelge 4.22. Ebeveyn ve hatların hektolitre ağırlıkları (kg)

Denemeler					
Ebeveyn/Hat	Tokat Kapalı	Tokat Açık	Tokat Açık Yazlık	Erbaa Açık Yazlık	Ortalama
Tadmor	69.19 A**	68.14 A*	68.14 D**	66.01 <sup>OD</sup>	67.87
Baronesse	62.15 BCD	65.87 BC	69.85 BC	68.20	66.52
QTL1 A	62.06 BCD	66.76 ABC	70.17 BC	67.56	66.64
QTL1 B	60.39 D	65.79 BC	70.06 BC	67.98	66.06
QTL2 A	63.16 B	67.66 AB	69.75 C	68.37	67.24
QTL2 B	62.45 BC	65.27 C	71.34 A	68.19	66.81
QTL6 A	62.82 BC	65.93 BC	69.71 C	68.15	66.65
QTL6 B	60.89 CD	68.31 A	70.69 AB	68.59	67.12
Ortalama	62.89	66.71	69.96	67.88	

<sup>OD</sup> Önemli değil. \*\*, \* sırasıyla %1 ve %5 düzeyinde önemli. Aynı harfle gösterilen ortalamalar arasındaki farklılıklar %5 düzeyinde önemsizdir.



Şekil 4.34. Ebeveyn ve hatların hektolitre ağırlıkları (kg)

Tadmor çeşidi Tokat Kapalı ve Tokat Açık denemelerinde daha yüksek hektolitre ağırlığına sahip iken, Tokat Açık Yazlık ve Erbaa Açık Yazlık denemelerinde Baronesse çeşidinden daha düşük hektolitre ağırlığına sahip olmuştur. Tokat Açık Yazlık denemesinde QTL2B ve Tokat Açık denemesinde QTL6B hattındaki küçük farklar hariç, geliştirilen hatların hektolitre ağırlıkları bütün denemelerde Baronesse çeşidine benzer bulunmuştur. Tadmor çeşidinden geliştirilen haritalama popülasyonlarında belirlenen QTL'ler hektolitre ağırlığı ile ilişkilendirilmemiştir. Tane büyüklüğü ve tane şeklinin araştırıldığı QTL belirleme çalışmalarında, hektolitre ağırlığıyla ilişkili olan QTL bölgeleri bu çalışmada incelenen QTL bölgeleri yakınlarında değildir (Ayoub ve ark.,



2002; Marquez-Cedillo ve ark., 2001). Bu arařtırmada incelenen QTL bölgelerinin hektolitre ağırlığıyla ilişkili olmadığı söylenebilir.

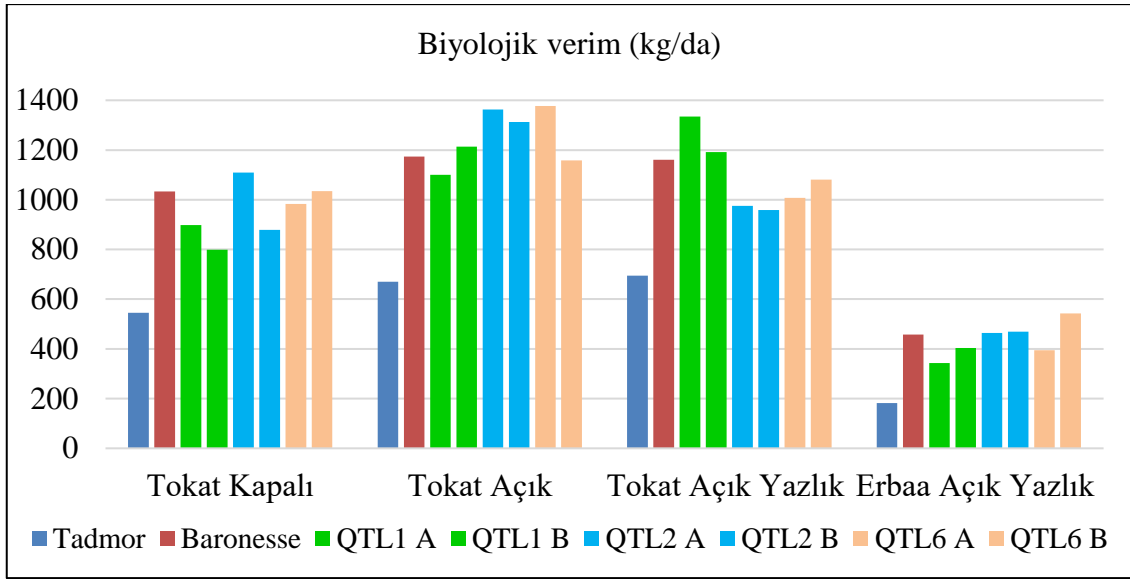
#### 4.3.19. Biyolojik verim

Biyolojik verim bakımından ebeveyn çeşitler ve hatlar arasında istatistiki anlamda ( $P<0.01$ ) önemli farklılıklar bulunmuştur (Çizelge 4.23). Tadmor çeşidi, tüm denemelerde tekrarlanan ebeveyn Baronesse çeşidinden daha az biyolojik verim vermiştir (Şekil 4.35). QTL1 bölgesini taşıyan hatlar ile Baronesse çeşidi arasındaki biyolojik verim genel anlamda farklı olmamıştır. QTL2 bölgesini taşıyan hatlar Tokat Açık Yazlık denemesi hariç istatistiki olarak Baronesse çeşidinden farklı olmamıştır. QTL6 bölgesini taşıyan hatlar, Erbaa Açık Yazlık denemesinde QTL6A hattı hariç Baronesse çeşidinden istatistiki anlamda farklı olmamıştır. QTL6 bölgesini taşıyan hatlar, Tokat Açık Yazlık denemesi dışında istatistiki anlamda benzer biyolojik verim değerlerine sahip olmuşlardır.

Çizelge 4.23. Ebeveyn ve hatların biyolojik verimleri (kg/da)

Ebeveyn/Hat	Denemeler				Ortalama
	Tokat Kapalı	Tokat Açık	Tokat Açık Yazlık	Erbaa Açık Yazlık	
Tadmor	544.7 D**	670.8 C**	695.1 E**	182.2 <sup>ÖD</sup>	523.2
Baronesse	1 033.0 AB	1 173.2 AB	1 161.1 B	458.2	956.4
QTL1 A	897.5 BC	1 100.6 B	1 335.0 A	343.4	919.1
QTL1 B	799.5 C	1 213.5 AB	1 191.7 B	403.1	902.0
QTL2 A	1 109.8 A	1 363.2 A	975.3 D	464.0	978.1
QTL2 B	878.3 BC	1 312.8 AB	958.6 D	469.5	904.8
QTL6 A	983.0 ABC	1 376.9 A	1 007.8 D	394.4	940.5
QTL6 B	1 035.0 AB	1 157.7 AB	1 080.5 C	542.1	953.8
Ortalama	910.1	1 171.1	1 050.6	407.1	

<sup>ÖD</sup> Önemli değil. \*\* %1 düzeyinde önemli. Aynı harfle gösterilen ortalamalar arasındaki farklılıklar %5 düzeyinde önemsizdir.



Şekil 4.35. Ebeveyn ve hatların biyolojik verimleri (kg/da)

Biyolojik verim hasat edilen toprak üstü aksamı ifade eden bir karakterdir. Baronesse çeşidi Tadmor çeşidinden daha yüksek biyolojik verime sahip olmuştur. QTL1B hattı Tokat Kapalı denemesinde ve Tokat Açık Yazlık denemesinde QTL1A hattı dışında Baronesse çeşidine benzer verimler vermiştir. Tokat Açık Yazlık denemesinde QTL2 hatları Baronesse çeşidinden daha az toprak üstü aksama sahip olmuştur. QTL2 bölgesini taşıyan hatlar diğer denemelerde Baronesse çeşidine benzer biyolojik verimler vermiştir. QTL6 bölgesini taşıyan hatlarda da Tokat Açık Yazlık denemesinde Baronesse çeşidine göre daha düşük biyolojik verim değerleri elde edilirken, diğer denemelerde Baronesse çeşidine benzer verimler vermiştir. Bu çalışmada incelenen üç QTL bölgesinin Tadmor allellerinin de biyolojik verim ile ilgili olmadığı rapor edilmiştir (Teulat ve ark., 2001b). İncelenen QTL bölgelerinin biyolojik verim değerlerinde ciddi değişikliklere neden olmadığı söylenebilir.

#### 4.3.20. Hasat indeksi

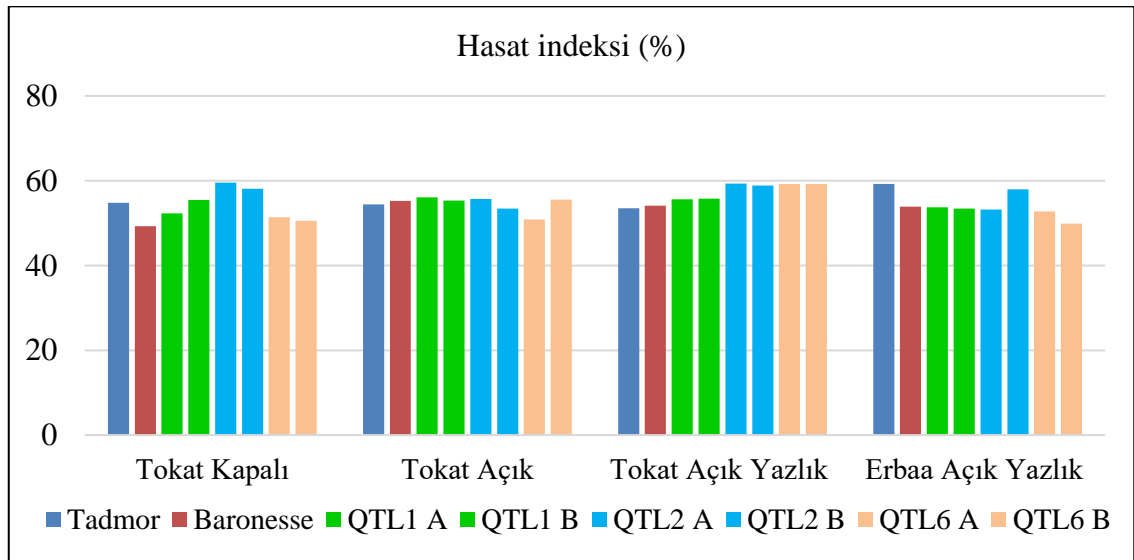
Hasat indeksi bakımından ebeveyn çeşitler ve hatlar arasında Erbaa Açık Yazlık denemesi dışında istatistiksel anlamda ( $P < 0.01$ ) önemli farklılıklar bulunmuştur (Çizelge 4.24). Tadmor çeşidi Tokat Kapalı ve Erbaa Açık Yazlık denemelerinde Baronesse çeşidinden daha yüksek, Tokat Açık ve Tokat Açık Yazlık denemelerinde ise benzer hasat indeksine sahip olmuştur (Şekil 4.36). QTL1 bölgesini taşıyan hatlar Tokat Kapalı denemesinde Baronesse çeşidinden daha yüksek hasat indeksine sahip olurken diğer

denemelerde Baronesse çeşidine benzer olmuştur. QTL2 bölgesini taşıyan hatlar Tokat Kapalı ve Tokat Açık Yazlık denemelerinde daha yüksek hasat indeksine sahip olmuştur. QTL2A hattı Tokat Açık ve Erbaa Açık Yazlık denemesinde Baronesse çeşidinden farklı olmazken, QTL2B Tokat Açık denemesinde Baronesse çeşidinden daha düşük, Erbaa Açık Yazlık denemesinde daha yüksek olmuştur. QTL6 bölgesini taşıyan hatlar Tokat Açık Yazlık denemesi dışında Baronesse çeşidine istatistiki anlamda benzer biyolojik verim değerlerine sahip olmuştur.

Çizelge 4.24. Ebeveyn ve hatların hasat indeksleri (%)

Denemeler					
Ebeveyn/Hat	Tokat Kapalı	Tokat Açık	Tokat Açık Yazlık	Erbaa Açık Yazlık	Ortalama
Tadmor	54.8 B**	54.4 AB**	53.5 C**	59.3 <sup>OD</sup>	55.5
Baronesse	49.2 D	55.2 A	54.1 BC	53.9	53.1
QTL1 A	52.3 C	56.1 A	55.6 B	53.7	53.4
QTL1 B	55.5 B	55.3 A	55.8 B	53.5	55.0
QTL2 A	59.5 A	55.7 A	59.4 A	53.2	58.2
QTL2 B	58.1 A	53.4 B	58.9 A	58.0	57.1
QTL6 A	51.4 CD	50.9 C	59.2 A	52.8	54.3
QTL6 B	50.5 CD	55.5 A	59.2 A	49.9	53.8
Ortalama	53.92	54.58	56.96	54.26	

\*\* , sırasıyla %1 ve %5 düzeyinde önemli. Aynı harfle gösterilen ortalamalar arasındaki farklılıklar %5 düzeyinde önemsizdir.



Şekil 4.36. Ebeveyn ve hatların hasat indeksleri (%)

Hasat indeksi hasat edilen toprak üstü aksamın ne kadarının tane ürünü olduğu hakkında fikir veren bir karakterdir. Hasat indeksinin kurak şartlarda daha yüksek olması kuraklık toleransının bir göstergesi olarak görülmektedir (Chloupek ve ark., 2010). Tadmor çeşidi gerçek kuraklık etkisinin oluşturulduğu Tokat Kapalı denemesinde ve Erbaa Açık Yazlık denemesinde daha yüksek hasat indeksine sahip olmuştur. QTL1 bölgeleri aktarılan hatlar Tokat Kapalı denemesinde Baronesse çeşidinden daha yüksek hasat indeksi değerlerine sahip olmuştur. Teulat ve ark. (2002) QTL1 bölgesinin Tadmor allellerinin kurak şartlarda hasat indeksinin artmasına yol açtığını belirlemişlerdir. QTL2 bölgesi genel olarak daha yüksek hasat indeksi değerlerine sahip olmuştur. QTL2 bölgesinin Tadmor allelleri Baronesse çeşidinde daha kısa bitki boyu ile sonuçlanmıştı. Kısa bitki boyu daha yüksek hasat indeksi meydana getirdiği için (Jia ve ark., 2009) QTL2 bölgesini taşıyan hatların hasat indeksinin daha yüksek olmasına yol açmıştır. Yeterli şartlarda yüksek tane verimi ile ilişkili olan biyolojik verimi, kuraklık stresinin görüldüğü koşullarda artırmak zordur. Tane verimi açısından hasat indeksi yüksek genotiplerin kullanılması çok önemlidir. Biyolojik verim ve hasat indeksi değerleri bakımından QTL2 hatları son derece olumlu değerlere sahip olmuşlardır. QTL6 bölgesini içeren hatların Baronesse çeşidine kıyasla Tokat Açık Yazlık denemesi dışında hasat indeksi bakımından farklılığa sahip olmadığı söylenebilir.

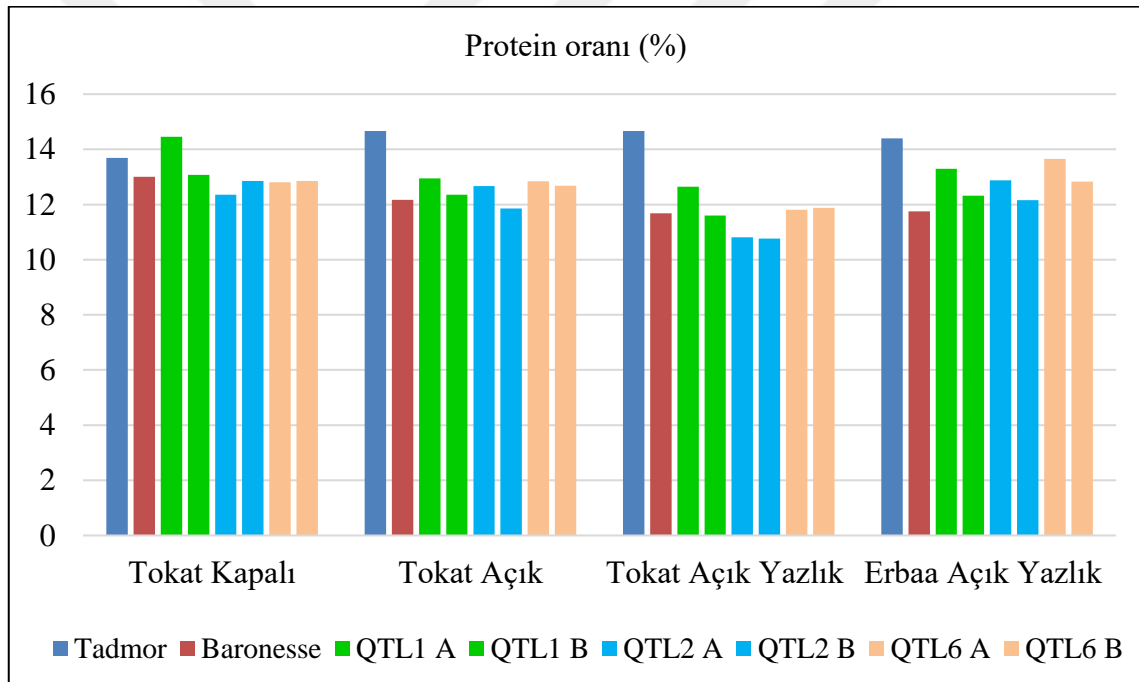
#### **4.3.21. Tane protein oranı**

Tane protein oranları bakımından ( $P<0.01$ ) genotipler arasında önemli farklılıklar bulunmuştur (Çizelge 4.25). Tadmor çeşidi tüm denemelerde tekrarlanan ebeveyn Baronesse çeşidinden daha yüksek tane protein oranına sahip olmuştur (Şekil 4.37). QTL1 bölgesini taşıyan hatlardan QTL1A hattı bütün denemelerde daha yüksek tane protein oranına sahip olmuş, benzer etki QTL1B hattında görülmemiştir. QTL2 hatları Tokat Açık Yazlık denemesinde Baronesse çeşidinden istatistiksel anlamda daha düşük değere sahip olmuşlardır. QTL6 hatları Erbaa Açık Yazlık denemesinde Baronesse çeşidinden daha yüksek protein içeriğine sahip olmuş, diğer denemelerde farklılık göstermemiştir.

Çizelge 4.25. Ebeveyn ve hatların tane protein oranları (%)

Denemeler					
Ebeveyn/Hat	Tokat Kapalı	Tokat Açık	Tokat Açık Yazlık	Erbaa Açık Yazlık	Ortalama
Tadmor	13.69 B**	14.66 A**	14.67 A**	14.40 A**	14.36
Baronesse	13.01 C	12.17 CD	11.68 C	11.75 E	12.15
QTL1 A	14.46 A	12.95 B	12.64 B	13.29 BC	13.34
QTL1 B	13.07 C	12.35 BCD	11.60 C	12.32 DE	12.33
QTL2 A	12.35 D	12.67 BC	10.81 D	12.88 CD	12.18
QTL2 B	12.85 C	11.85 D	10.76 D	12.16 E	11.90
QTL6 A	12.81 C	12.84 BC	11.81 C	13.65 B	12.78
QTL6 B	12.85 C	12.68 BC	11.88 C	12.83 CD	12.56
Ortalama	13.14	12.77	11.98	12.91	

\*\* %1 düzeyinde önemli. Aynı harfle gösterilen ortalamalar arasındaki farklılıklar %5 düzeyinde önemsizdir.



Şekil 4.37. Ebeveyn ve hatların tane protein oranları (%)

Tane protein oranı yem amaçlı kullanılan arpanın önemli bir tane bileşenidir. Kuraklık stresi altında Tadmor çeşidinin tane protein oranının yüksek olduğu bulgusu Prokesova ve ark. (2016) tarafından da belirlenmiştir. Protein oranları QTL1A hattında tüm denemelerde istikrarlı şekilde yüksek olmuştur. Bu hat 1000-tane ağırlığı ve başaklanma sürelerinde de benzer küçük farklılıklar göstermiştir. 1000-tane ağırlığının daha düşük olması protein oranının daha yüksek olmasını sağlayabilir. QTL2 bölgesi protein oranında önemli bir değişiklik yapmamıştır. QTL6 hatları Erbaa Açık Yazlık denemesi

dışında Baronesse çeşidine benzer tane protein oranına sahip olmuştur. Bu bölgelerin daha önce yürütülen QTL haritalama çalışmalarında doğrudan tane protein oranı ile ilgili olmadığı tespit edilmiştir (Baum ve ark., 2003; Pillel ve ark., 2003, 2004).



## 5. SONUÇ

Bu arařtırmada DNA markörleri, sera, bitki geliřtirme kabini ve embriyo kùltürü kullanılarak, geri melezleme ıslahı GM<sub>4</sub>F<sub>2</sub> jenerasyonunda hızlı bir řekilde tamamlanmıřtır. Sadece ilgilenilen gen bölgesini deęil, aynı zamanda genomun geri kalan kısmı da DNA markörleriyle izlenerek bitki ıslah süreci hızlandırılmıřtır. Geliřtirilen hatların GM<sub>4</sub>F<sub>2</sub> jenerasyonunda, Tadmor çeřidinden ilgili QTL bölgesi dıřında bölgeler içermemesi bu iřlemin başarısını göstermektedir.

Geliřtirilen hatlar ve ebeveyn çeřitlerle farklı zamanlarda, iki farklı su rejimi ile oluřturulan iki sera denemesi yürütölmüřtür. Tokat Kazova'da biri yaęmur korunaklı olmak üzere ikisi kışlık ve biri Tokat Kazova'da, dięeri ise Erbaa'da olmak üzere iki yazlık toplam dört tarla denemesi yürütölmüřtür. Tokat Açık denemelerinde özellikle başaklanma sonrası gerçekteřen yaęıřlar, kuraklık řartlarının oluřmasına engel olmuřtur. Erbaa Açık Yazlık denemesinde ise çıkıř sonrası uzun bir kuraklık dönemi yařanmıř, başaklanma döneminde yaęıř gerçekteřmiřtir. Bu yüzden yaęıř korunaklı Tokat Kapalı denemesi gerçekte anlamda terminal kuraklıęı saęlamıřtır.

Aktarılan QTL bölgelerinden QTL1 bölgesi serada kontrollü řartlarda yürütölen denemelerde Baronesse çeřidinden daha yüksek yaprak nispi su içerięine sahip olmuřtur. Bu durum bölgenin kuraklıęa tolerans ile ilgili bir bölge olduęunu göstermektedir. QTL1 bölgesi için geliřtirilen iki hat, tarla řartlarında gerçekte kuraklık etkisinin oluřturulduęu Tokat Kapalı denemesinde Baronesse çeřidinden bazı özellikler bakımından farklılık göstermiřtir. QTL1B hattı Baronesse çeřidinden başaklanma süresi, başak boyu, olgunlařma süresi ve başakta tane sayısı gibi karakterler bakımından küçük de olsa deęiřiklikler göstermiřtir. QTL1 bölgesi yakınlarında *eps7s* olarak tanımlanan bir başaklanma geni rapor edilmiřtir. Başaklanma genlerinin bitkide bu tarz etkiler göstermesi beklenen bir durumdur. Bu sonuç, QTL1 bölgesi yakınlarında kuraklık tolerans geni yanında küçük etkili bir başaklanma zamanı geninin varlıęına iřaret edebilir. QTL1 transferi ile geliřtirilen her iki hattın 1000-tane aęırlıęında küçük deęiřiklikler meydana gelmiřtir. QTL1 bölgesi aktarılan hatlarda başakta tane sayısı ve metrekarede başak sayısında küçük artıřlar belirlenmiřtir. Bu farklılıklar verim ögeleri arasında var olduęu bilinen dengelemenin sonucu olabilir. QTL1 bölgesi aktarılan hatlarda hasat

indeksinin daha yüksek olduğu da belirlenmiştir. Hasat indeksinin kurak şartlarda daha yüksek olması kuraklık toleransının bir göstergesidir. Bu bölgenin kuraklık toleransının etkisini daha iyi gözlemlemek için kurak şartlarda ya da kuraklık şartlarının oluşturulduğu birkaç lokasyonda daha tarla denemesi yürütülmesi faydalı olacaktır.

QTL2 bölgesinin aktarılması Baronesse çeşidinde önemli değişikliklere yol açmıştır. QTL2 bölgesi sera denemelerinde, kuraklığa toleransın önemli ölçütlerinden biri olan yaprak nispi su içeriğinin Baronesse çeşidinden daha yüksek olmasını sağlamıştır. QTL2 bölgesini taşıyan hatlar tarla denemelerinde de Baronesse çeşidinden daha yüksek nispi su içeriğinde sahip olmuştur. QTL2 bölgesi SPAD indeksini de olumlu etkilemiştir. QTL2 bölgesinin nispi su içeriği ve SPAD indeksi ile ilgili olduğu daha önceki çalışmalarda da belirlenmiştir. Geliştirilen hatlar bütün denemelerde daha kısa başaklanma süresi, bitki boyu ve olgunlaşma süresine sahip olmuşlardır. Bu hatlar aynı zamanda birim alanda daha fazla başak, biyolojik verim ve hasat indeksine değerlerine sahip olmuştur. QTL2 bölgesine çok yakın *eps2* olarak tanımlanan bir başaklanma geni rapor edilmiştir. Bu karakterlerdeki farklılıklar *eps2* geninin sonucu olabilir. Erken başaklanma süresi, daha kısa bitki boyu ile sonuçlanmaktadır. Ayrıca hasat indeksi bitki boyundan doğrudan etkilenmektedir. Yaprak nispi su içeriği ve SPAD indeksinin başaklanma süresi ile farklılık gösterebileceği de dikkate alındığında, QTL2 bölgesinin yol açtığı etkiler başaklanmanın daha erken olmasından kaynaklanmış olabilir.

Haritalama çalışmalarında Tadmor çeşidinin kuraklığa toleransına en büyük katkıyı sağladığı belirlenen QTL6 bölgesi sera denemelerinde bu bulguyu destekleyerek en yüksek nispi su artışı sağlayan bölge olmuştur. QTL6 bölgesi tarla denemeleri içinde kuraklık şartlarının oluşturulduğu Tokat Kapalı denemesinde Baronesse çeşidinden önemli farklılıklara yol açarken, diğer denemelerde ise Baronesse çeşidine benzer sonuçlar vermiştir. Bu QTL Baronesse çeşidinin nispi su içeriğinin geliştirilmesini sağlamıştır. QTL6 hatlarında başaklanma süresi ve SPAD indeksinde de farklılıklar gözlenmiştir. QTL6 bölgesi bazı çevrelerde başaklanma süresinin daha uzun ve SPAD indeksinin daha yüksek olmasına yol açmıştır. QTL6 bölgesini taşıyan hatların 1000-tane ağırlığının genelde daha düşük olduğu belirlenmiştir. Oysaki orijinal haritalama popülasyonunda tutarlı şekilde olumlu etkilerin olduğu belirlenmişti. Bu sonuçlara göre QTL6 bölgesinin farklı bir genetik arka planda farklı etkiler gösterdiği söylenebilir. QTL6



bölgesinin tutarlı şekilde daha az 1000-tane ağırlığına sebep olmasına rağmen, diğer karakterler bakımından bazı çevrelerde fark görülmemiştir.

Yürütülen sera denemelerinde QTL bölgelerinin etkileri belirgin olurken, tarla denemelerinde aynı derecede net etki gözlenmemiştir. QTL bölgelerinin tarla denemelerinde kuraklığa etkilerinin sera denemesindeki gibi belirgin gözlenmemesinin nedeni dört denemenin üçünde terminal kuraklık stresinin olmamasıdır. Sadece yağmur korunaklı Tokat Kapalı denemesinde oluşturulan kuraklık stresi QTL bölgelerinin Baronesse çeşidindeki etkilerinin kısmen gözlenmesini sağlamıştır. Bu yüzden kuraklık stresinin oluşturulduğu ya da doğal geliştiği ilave tarla denemelerinin yürütülmesi bu bölgelerin gerçek etkilerinin belirlenmesi için uygun olacaktır. Kuraklığa tolerans karakterini etkileyen QTL1 ve QTL6 bölgeleri arasında etkileşimler bulunduğundan bu iki QTL bölgesinin, hatta QTL2 bölgesinin aynı hatta bir araya getirilmesi kuraklığa toleransın daha da geliştirilmesini sağlayabilir. Ayrıca geliştirilen hatlar ilgili QTL'lerin haritaya dayalı klonlanması için değerli kaynaklar oluşturmaktadır. QTL2 hattı kurağa toleransı geliştirilmiş çeşit adayı durumundadır.

## KAYNAKLAR

- Ahmed, I.M., Nadira, U.A., Cao, F., He, X., Zhang, G. ve Wu, F., 2016. Physiological and molecular analysis on root growth associated with the tolerance to aluminum and drought individual and combined in Tibetan wild and cultivated barley. *Planta* 243, 973-985.
- Aisawi, K.A.B., Reynolds, M.P., Singh, R.P. ve Foulkes, M.J., 2015. The physiological basis of the genetic progress in yield potential of CIMMYT spring wheat cultivars from 1966 to 2009. *Crop Sci.*, 55, 1749-1764.
- Alkan, R.A. ve Kandemir, N., 2015. Tokak yerel arpa çeşidi içinden seçilen safhatların bazı gıda, yem ve tarımsal özellikler bakımından varyasyonları. *Tarla Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsü Dergisi*, 24 (2), 124-139.
- Araus, J.L., Amaro, T., Voltas, J., Nakkoul, H. ve Nachit, M.M., 1998. Chlorophyll fluorescence as a selection criterion for grain yield in durum wheat under Mediterranean conditions. *Field Crop. Res.*, 55 (3), 209-223.
- Arifuzzaman, M., Sayed, M.A., Muzammil, S., Pillen, K., Schumann, H., Naz, A.A. ve Leon, J., 2014. Detection and validation of novel QTL for shoot and root traits in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Mol. Breeding* 34, 1373–1387.
- Ayoub, A., Symons, S.J., Edney, M.J. ve Mather, D.E., 2002. QTLs affecting kernel size and shape in a two-rowed by six-rowed barley cross. *Theor. Appl. Genet.*, 105, 237-247.
- Baum, M., Grando, S. ve Backes, G., 2003. QTLs for agronomic traits in the Mediterranean environment identified in recombinant inbred lines of the cross 'Arta' x *H. spontaneum* 41–1. *Theor. Appl. Genet.*, 107, 1215-1225.
- Behbahanizadeh, S.A., Akbari, G.A., Shahbazi, M. ve Alahdadi, I., 2014. Measuring leaf temperature and stomatal conductance to evaluate leaf water content in barley cultivars under terminal drought stress. *International Journal of Biosciences*, 4 (1), 298-305.
- Beier, S., Himmelbach, A., Colmsee, C., Zhang, X., Barrero, R., Zhang, Q., ve ark., 2017. Construction of a map-based reference genome sequence for barley, *Hordeum vulgare* L. *Sci. Data*, 4, 170044.
- Bezant, J., Laurie, D., Pratchett, N., Chojecki, J. ve Kearsey, M., 1996. Marker regression mapping of QTL controlling flowering time and plant height in a spring barley (*Hordeum vulgare* L.) cross. *Heredity*, 77, 64-73.
- Blum, A., 2011. Drought Resistance and Its Improvement. *Plant breeding for water-limited environments*, Blum, A. Springer, New York, 53-151.
- Bogale, A., Tesfaye K. ve Geleto, T., 2011. Morphological and physiological attributes associated to drought tolerance of Ethiopian durum wheat genotypes under water deficit condition. *J. Biodiversity and Environ. Sci.*, 1 (2), 22-36
- Breidenbach, R.W., Saxton, M.J., Hansen, L.D. ve Criddle, R.S., 1997. Heat generation and dissipation in plants: can the alternative oxidase pathway serve a thermoregulatory role in plant tissues other than specialised organs? *Plant Physiol.*, 114, 1137–1140.
- Bridgen, M.P., 1994. A review of plant embryo culture. *HortScience*, 29, 1243-1246.
- Castro, A.J., Chen, X., Hayes, P.M. ve Johnston, M., 2003. Pyramiding quantitative trait locus (QTL) alleles determining resistance to barley stripe rust: effects on resistance at the seedling stage. *Crop Sci.*, 43, 651-659.
- Cattivelli, L., Rizza, F., Badeck, F.W., Mazzucotelli, E., Mastrangelo, A.M., Francia, E., Mare, C., Tondelli, A. ve Stanca, A.M., 2008. Drought tolerance improvement in

- crop plants: an integrated view from breeding to genomics. *Field Crops Res.*, 105, 1-14.
- Chen, G., Krugman, T., Fahima, T., Chen, K., Hu Y., Roder M., Nevo, E. ve Korol, A. 2010. Chromosomal regions controlling seedling drought resistance in Israeli wild barley, *Hordeum spontaneum* C. Koch. *Genet. Resour. Crop. Evol.*, 57, 85-99.
- Chen, G.D., Li, H.B., Zheng, Z., Wei, Y.M., Zheng, Y.L., McIntyre, C. L., Zhou, M.X. ve Liu, C.J., 2012. Characterization of a QTL affecting spike morphology on the long arm of chromosome 3H in barley (*Hordeum vulgare* L.) based on near isogenic lines and a NIL-derived population. *Theor. Appl. Genet.*, 125, 1385-1392.
- Chen, G., Wang, Y., Wang, X., Yang, Q., Quan, X., Zeng, J., Dai, F., Zeng, F., Wu, F., Zhang, G. ve Chen, Z.H., 2019. Leaf epidermis transcriptome reveals drought-induced hormonal signaling for stomatal regulation in wild barley. *Plant Growth Regul.*, 87, 39-54,
- Chloupek, O., Dostál, V., Středa, T., Psota, V. ve Dvořáčková, O., 2010. Drought tolerance of barley varieties in relation to their root system size. *Plant Breeding*, 129, 630-636.
- Chloupek, O., Forster, B.P. ve Thomas, W.T., 2006. The effect of semi-dwarf genes on root system size in field-grown barley. *Theor. Appl. Genet.*, 112, 779-786.
- Cömert, M.M. ve Öztekin, T., 2016. İşlenmiş ve işlenmemiş arazi koşullarında ikinci ürün karnabaharın (*Brassica oleraceae* var. *botrytis*) bitki su tüketimi. *Gaziosmanpaşa Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*. 33 (1), 173-181.
- Cui, Y., Zhang, W., Lin, X., Xu, S., Xu, J. ve Li, Z., 2018. Simultaneous improvement and genetic dissection of drought tolerance using selected breeding populations of rice. *Front. Plant Sci.* 9, 320.
- Debaeke, P. ve Aboudrare, A., 2004. Adaptation of crop management to water-limited environments. *Eur. J. Agron.*, 21, 433-446.
- Dhanda, S.S. ve Sethi, G.S., 1998. Inheritance of excised-leaf water loss and relative water content in bread wheat (*Triticum aestivum*). *Euphytica*, 104, 39-47.
- Diab, A.A., Teulat-Merah, B., This, D., Ozturk, N.Z., Bensch, D. ve Sorrels, M.E., 2004. Identification of drought-induced genes and differentially expressed sequence tags in barley. *Theor. Appl. Genet.*, 109, 1417-1425.
- Fang, Y., ve Xiong, L. 2015. General mechanisms of drought response and their application in drought resistance improvement in plants. *Cell. Mol. Life Sci.*, 72, 673-689.
- Fischer, R.A., Rees, D., Sayre, K.D., Lu, Z.M., Condon, A.G. ve Larque Saavedra, A., 1998. Wheat yield progress associated with higher stomatal conductance and photosynthetic rate and cooler canopies. *Crop Sci.*, 38, 1467-1475.
- Fleury, D., Jefferies, S., Kuchel, H. ve Langridge, P., 2010. Genetic and genomic tools to improve drought tolerance in wheat. *J. Exp. Bot.*, 61, 3211-3222.
- Forster, B.P., Ellis, R.P., Moir, J., Talame, V., Sanguineti, M.C., Tuberosa, R., This, D., Teulat-Merah, B., Ahmed, I., Mariy, S.A.E., Bahri, H., El Ouahabi, M., Zoumarou-Wallis, N., El-Fellah, M. ve Ben Salem, M., 2004. Genotype and phenotype associations with drought tolerance in barley tested in North Africa. *Ann. Appl. Biol.*, 144, 157-168.
- Forster, B.P., Til, B.J., Ghanim, A.M.A., Huynh, H.O.A., Burstmayr, H. ve Caligari, P.D.S., 2014. Accelerated plant breeding. *CAB Reviews*, 9, 1-16.
- Francia, E., Tacconi, G., Crosatti, C., Barabaschi, D., Bulgarelli, D., Dall'Aglio, E. ve Valè, G., 2005. Marker assisted selection in crop plants. *Plant Cell Tiss. Org. Cult.*, 82, 317-342.

- Francia, E., Rizza, F., Cattivelli, L., Stanca, A.M., Galiba, G., Toth, B., Hayes, P.M., Skinner, J.S. ve Pecchioni, N., 2004. Two loci on chromosome 5H determine low-temperature tolerance in a 'Nure' (winter) × 'Tremois' (spring) barley map. *Theor. Appl. Genet.*, 108, 670-680.
- Francia, E., Tondelli, A., Rizza, F., Badeck, F.W., Li, Destri Nicosia, O., Akar, T., Grando, S., Al-Yassin, A., Benbelkacem, A., Thomas, W.T.B., van Eeuwijk, F., Romagosa, I., Stanca, A.M. ve Pecchioni, N., 2011. Determinants of barley grain yield in a wide range of Mediterranean environments. *Field Crop. Res.*, 120, 169-178.
- Freed, R. ve Eisensmith, S.P., 1986. MSTAT -Statistical software for agronomists. *Agron. Abst.*
- Gonzalez-Dugo, M.P., Moran, M.S., Mateos, L. ve Bryant. R., 2006. Canopy temperature variability as an indicator of crop water stress severity. *Irrigation Sci.*, 24 (4), 233-240.
- Guo, P., Baum, M., Varshney, R., Graner, A., Grando, S. ve Ceccarelli, S., 2008. QTLs for chlorophyll and chlorophyll fluorescence parameters in barley under post-flowering drought. *Euphytica*, 163, 203-214.
- Hearnden, P.R., Eckermann, P.J., McMichael, G.L., Hayden, M.J., Eglinton, J.K. ve Chalmers, K.J., 2007. A genetic map of 1,000 SSR and DArT markers in a wide barley cross. *Theor. Appl. Genet.*, 115, 383-391.
- Honsdorf, N., March, T.J., Berger, B., Tester, M. ve Pillen, K., 2014a. High-throughput phenotyping to detect drought tolerance QTL in wild barley introgression lines. *plos One*, 9, e97047.
- Honsdorf, N., March, T.J., Hecht, A., Eglinton, J. ve Pillen, K., 2014b. Evaluation of juvenile drought stress tolerance and genotyping by sequencing with wild barley introgression lines. *Mol. Breeding*, 34 (3),1475-95.
- Honsdorf, N., March, T.J. ve Pillen, K., 2017. QTL controlling grain filling under terminal drought stress in a set of wild barley introgression lines. *Plos One*, 12 (10), 1-18.
- Hossain, F., Muthusamy, V., Pandey, N., Vishwakarma, A.K., Baveja, A. ve Zunjare, R.U., 2018. Marker assisted introgression of *opaque2* allele for rapid conversion of elitehybrids into quality protein maize. *J. Genet.*, 97 (1), 287-298.
- Howell, P., Leigh, F., Bates, R., Gosman, N., Trafford, K., Powell, W. Smith A.M. ve Greenland, A., 2014. Rapid marker-assisted development of advanced recombinant lines from barley starch mutants. *Mol. Breeding*, 33 (1), 243-248.
- Jia, Q., Zhang, J., Westcott, S., Zhang X.Q., Bellgard, M., Lance, R. ve Li C., 2009. GA-20 oxidase as a candidate for the semidwarf gene *sdw1/denso* in barley. *Funct. Integr. Genomics*, 9, 255-262.
- Jones, H.G., 2004. Application of thermal imaging and infrared sensing in plant physiology and ecophysiology. *Adv. Bot. Res.*, 41, 107-163.
- Jones, H.G., Serraj, R., Loveys, B.R., Xiong, L., Wheaton, A. ve Price, A.H., 2009. Thermal infrared imaging of crop canopies for the remote diagnosis and quantification of plant responses to water stress in the field. *Funct. Plant Biol.*, 36, 978-89.
- Kalaji, H. M., Rastogi, A., Živcák, M., Brestic, M., Daszkowska-Golec, A., Sitko, K., Alsharafa, K.Y., Lotfi, R., Stypiński, P., Samborska, I.A. ve Cetner, M.D., 2018. Prompt chlorophyll fluorescence as a tool for crop phenotyping: an example of barley landraces exposed to various abiotic stress factors. *Photosynthetica*, 56, 953-961.

- Kandemir, N., 2004a. Search for high yielding, lodging resistant barley cultivars with satisfactory straw yields for a fertile production area of Turkey. *Pak. J. Biol. Sci.*, 7, 971-976.
- Kandemir, N., 2004b. Tokat-Kazova şartlarına uygun maltlık arpa çeşitlerinin belirlenmesi. *Gaziosmanpaşa Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 21 (2), 94-100.
- Kandemir, N., Jones, B.L., Wesenberg, D.M., Ullrich, S.E. ve Kleinhofs, A., 2000. Marker assisted analysis of three grain yield QTL in barley (*Hordeum vulgare* L.) using near isogenic lines. *Mol. Breeding*, 6, 157-167.
- Kandemir, N., Yıldırım, A. ve Gündüz, R., 2010. Determining the levels of genetic variation using SSR markers in three Turkish barley materials known as Tokak. *Turk. J. Agric. For.*, 34, 17-23.
- Karsai, I., Szücs, P., Köszegi, B., Hayes, P.M., Casas, A., Bedö, Z. ve Veisz, O. 2008. Effects of photo and thermo cycles on flowering time in barley: a genetical phenomics approach. *J. Exp. Bot.*, 59, 2707-2715.
- Keskin, A., Koprulu, T.K., Bursalı, A., Ozsemir, A.C., Yavuz, K.E. ve Tekin, S. 2014. First record of *Ixodes arboricola* (Ixodida: Ixodidae) from Turkey with presence of *Candidatus Rickettsia vini* (Rickettsiales: Rickettsiaceae). *J. Med. Entomol.*, 51, 864-7.
- Kızılgeci, F., Yıldırım, M, Akıncı, C., Albayrak, O., Sesiz, U. ve Tazebay, N., 2018. Evaluation of relationships between yield and yield components with physiological parameters in barley (*Hordeum vulgare* L.) genotypes. *Dicle Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi*, 7 (2), 61-66.
- Kim, K.H., Kim, M.Y., Van, K., Moon, J.K., Kim, D.H. ve Lee, S.H. 2008. Marker-assisted foreground and background selection of near isogenic lines for bacterial leaf pustule resistant gene in soybean. *J. Crop Sci. Biotech.*, 11, 263-268.
- Lakew, B., Eglinton, J., Henry, R.J., Baum, M., Grando, S. ve Ceccarelli, S., 2011. The potential contribution of wild barley (*Hordeum vulgare* spp *spontaneum*) germplasm to drought resistance of cultivated barley (*Hordeum vulgare* spp *vulgare*). *Field Crop. Res.*, 120, 161-168.
- Lakew, B., Henry, R.J., Ceccarelli, S., Grando, S., Eglinton, J. ve Baum, M., 2013. Genetic analysis and phenotypic associations for drought tolerance in *Hordeum spontaneum* introgression lines using SSR and SNP markers. *Euphytica*, 189, 9-29.
- Laurie, D. A., Pratchett, N., Bezant, J. H. ve Snape, J. W. 1995. RFLP mapping of five major genes and eight quantitative trait loci controlling flowering time in a winter x spring barley (*Hordeum vulgare* L.) cross. *Genome*, 38, 575-585.
- Lawlor, D.W., 2013. Genetic engineering to improve plant performance under drought: physiological evaluation of achievements, limitations, and possibilities. *J. Exp. Bot.* 64, 83-108.
- Li. R., Guo, P., Baum, M., Grando, S. ve Ceccarelli, S., 2006. Evaluation of chlorophyll content and fluorescence parameters as indicators of drought tolerance in barley. *Agr. Sci. China.*, 5, 751-757.
- Li, J.Z., 2004. Mapping of new microsatellite markers and molecular identification of quantitative trait locus (QTL) for agronomically important traits in barley. (M.Sc. Thesis), Martin Luther University Halle-Wittenberg, China.
- Liang, X., Liu, Y., Chen, J., ve Adams, C., 2018. Late-season photosynthetic rate and senescence were associated with grain yield in winter wheat of diverse origins. *J. Agron. Crop. Sci.*, 204 (1), 1-12

- Liu, Y., Subhash, C., Yan, J., Song, C., Zhao, J. ve Li, J., 2011. Maize leaf temperature responses to drought: thermal imaging and quantitative trait loci (QTL) mapping. *Environ. Exp. Bot.*, 71 (2), 158-165.
- Lu, Z., Percy, R.G., Qualset, C.O. ve Zeiger, E., 1998. Stomatal conductance predicts yields in irrigated Pima cotton and bread wheat grown at high temperatures. *J. Exp. Bot.*, 49, 453-460.
- Mamnouie, E., Fotouhi Ghazvini, R., Esfahany, M. ve Nakhoda, B., 2006. The effects of water deficit on crop yield and the physiological characteristics of barley (*Hordeum vulgare* L.) varieties. *J. Agric. Sci. Technol.* 8, 211-219.
- Marquez-Cedillo, L., Hayes, P., Kleinhofs, A., Legge, W., Rossnagel, B., Sato, K., Ullrich, S. ve Wesenberg, D., 2001. QTL analysis of agronomic traits in barley based on the doubled haploid progeny of two elite North American varieties representing different germplasm groups. *Theor. Appl. Genet.*, 103, 625-637.
- Matin, M.A., Brown, J.H. ve Ferguson, H., 1989. Leaf water potential, relative water content, and diffusive resistance as screening techniques for drought resistance in barley. *Agron. J.* 81, 100-105.
- Maxwell, K. ve Johnson, N.G., 2000. Chlorophyll fluorescence – a practical guide. *J. Exp. Bot.*, 51, 659-668.
- Mir, R.R., Zaman-Allah, M., Sreenivasulu, N., Trethowan, R. ve Varshney, R.K., 2012. Integrated genomics, physiology and breeding approaches for improving drought tolerance in crops. *Theor. Appl. Genet.*, 125, 625-645.
- Montilla-Bascon G., Rubiales, D., Hebelstrup, K.H., Mandon, J., Harren, F.J.M., Cristescu, S.M., Mur, L.A.J. ve Prats, E., 2017. Reduced nitric oxide levels during droughtstress promote drought tolerance in barley and is associated with elevated poly-amine biosynthesis. *Sci. Rep.* 7, 13311.
- Murchie, E.H. ve Lawson, T., 2013. Chlorophyll fluorescence analysis: a guide to good practice and understanding some new applications. *J. Exp. Bot.*, 64, 3983–3998.
- Naz, A.A., Arifuzzaman, M., Muzammil, S., Pillen, K. ve Leon, J. 2014. Wild barley introgression lines revealed novel QTL alleles for root and related shoot traits in the cultivated barley (*Hordeum vulgare* L.). *BMC Genet.* 15, 107.
- Naz, A.A., Ehl, A., Pillen, K. ve Leon, J., 2012. Validation for root-related quantitative trait locus effects of wild origin in the cultivated background of barley (*Hordeum vulgare* L.). *Plant Breeding*, 131, 392-398.
- Öztürk, İ., Avcı, R. ve Kahraman, T., 2007. Trakya bölgesinde yetiştirilen bazı arpa (*Hordeum vulgare* L.) çeşitlerinin verim ve verim unsurları ile bazı kalite özelliklerinin belirlenmesi. *Uludağ Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 21 (1), 59-68.
- Pennisi, E., 2008. The blue revolution, drop by drop, gene by gene. *Science*, 320, 171-173.
- Pillen, K., Zacharias, A. ve Leon, J., 2003. Advanced backcross QTL analysis in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Theor. Appl. Genet.*, 107, 340-352.
- Pillen, K., Zacharias, A. ve Léon, J., 2004. Comparative AB-QTL analysis in barley using a single exotic donor of *Hordeum vulgare ssp. spontaneum*. *Theor. Appl. Genet.*, 108, 1591-1601
- Prokesova, L., Slaba, V. ve Smutna, P., 2016. The effect of drought on tgw, protein and starch content in barley experimental lines. *Mendelnet*, 9-10 Kasım, 2016, Brno Czech Republic.
- Rahman, H., Dakshinamurthi, V., Ramasamy, S., Manickam, S., Kaliyaperumal, A.K., Raha, S., Panneerselvam, N., Ramanathan, V., Nallathambi, J., Sabariappan, R. Ve Raveendran, M., 2018. Introgression of submergence tolerance into CO 43, a

- popular rice variety of India, through marker-assisted backcross breeding. *Czech J. Genet. Plant.* 54 (3), 101-108.
- Rai, N., Amasiddha, B., Kumar, P.K.C., Thimmappa, R.K., Rani, S., Sinha, N., Krishna, H., Jain, N., Singh, G.P., Singh, P.K., Chand, S. ve Prabhu, K.V., 2018. Marker-assisted backcross breeding for improvement of drought tolerance in bread wheat (*Triticum aestivum* L. em Thell). *Plant Breeding* 137, 514-526.
- Ramsay, L., Macaulay, M., Ivanissevich, S.D., Maclean, K., Cardle, L., Fuller, J., Edwards, K.J., Tuvesson, S., Morgante, M., Massari, A., Maestri, E., Marmiroli, N., Sjakste, T., Ganal, M., Powel, W. ve Waugh, R. 2000. A simple sequence repeat-based linkage map of barley. *Genetics*, 156, 1997-2005.
- Rashid, A., Stark, J.C., Tanver, A. ve Mustafa, T., 1999. Use of canopy temperature measurements as a screening tool for drought tolerance in spring wheat. *J. Agron. Crop. Sci.*, 182, 231-237.
- Richardson, K.L., Vales, M.I., Kling, J.G., Mundt, C.C. ve Hayes, P.M., 2006. Pyramiding and dissecting disease resistance QTL to barley stripe rust. *Theor. Appl. Genet.*, 113, 485-495.
- Rong-hua, L., Pei-guo, P., Baum, M., Grando, S. ve Ceccarelli, S. 2006. Evaluation of chlorophyll content and fluorescence parameters as indicators of drought tolerance in barley. *Agric. Sci. China*, 5 (10), 751-757.
- Rosales-Serna, R., Kohashi-Shibata, J., Acosta-Gallegos, J.A., Trejo-Lo'pez, C., Ortiz Cereceres, J. ve Kelly, J.D, 2004. Biomass distribution, maturity acceleration and yield in drought-stressed common bean cultivars. *Field Crop. Res.*, 85, 203-211.
- Samarah, N.H., 2005. Effects of drought stress on growth and yield of barley. *Agron. Sustain. Dev.*, 25, 145-149.
- Sameri, M. ve Komatsuda, K., 2004. Identification of quantitative trait loci (QTLs) controlling heading time in the population generated from a cross oriental and occidental barley cultivars (*Hordeum vulgare* L). *Breeding Sci.*, 54, 327-334.
- Sandhu, N., Dixit, S., Swamy, B.M., Vikram, P., Venkateshwarlu, C., Catolos, M. ve Kumar A., 2018. Positive interactions of major-effect QTLs with genetic background that enhances rice yield under drought. *Sci. Rep.* 8 (1), 1626.
- Santamaria, J.M., Ludlow, M.M. ve Fukai, S., 1990. Contribution of osmotic adjustment to grain yield in *Sorghum bicolor* (L.) Moench under water-limited conditions. I. Water stress before anthesis. *Aust. J. Agr. Res.*, 41, 54-65.
- Schmalenbach, I., Léon, J. ve Pillen, K., 2009. Identification and verification of QTLs for agronomic traits using wild barley introgression lines. *Theor. Appl. Genet.*, 118, 483-497.
- Schmierer, D.A., Kandemir, N., Kudrna, D.A., Jones, B.L., Ullrich, S.E. ve Kleinhofs, A., 2004. Molecular marker-assisted selection for enhanced yield in malting barley. *Mol. Breeding*. 14, 463-473.
- Silva, M.A., Jifon, J.L., Silva, J.A.G. ve Sharma, V. 2007. Use of physiological parameters as fast tools to screen for drought tolerance in sugarcane. *Brazilian Journal of Plant Physiology*, 19, 193-201.
- Stracke, S. ve Borner, A., 1998. Molecular mapping of the photoperiod response gene *ea7* in barley. *Theor. Appl. Genet.*, 97, 797-800
- Suprunova, T., Krugman, T., Distelfeld, A., Fahima, T., Nevo, E. ve Korol. A. 2007. Identification of a novel gene (*Hsdr4*) involved in water-stress tolerance in wild barley. *Plant Mol. Biol.*, 64, 17-34.
- Talame, V., Sanguineti, M., Chiapparino, E., Bahri, H., Salem, M., Forster, B., Ellis, R., Rhouma, S., Zoumarou, W., Waugh, R. ve Tuberosa, R., 2004. Identification of



- Hordeum spontaneum* QTL alleles improving field performance of barley grown under rainfed condition. *Ann. Appl. Biol.*, 144, 309-320.
- Teulat, B., Monneveux, P., Wery, J., Borries, C., Souyris, I., Charrier, A. ve This, D. 1997. Relationships between relative water content and growth parameters under water stress in barley: a QTL study. *New Phytol.*, 137, 99-107.
- Teulat, B., This, D., Khairallah, M., Borries, C., Ragot, C., Sourdille, P., Leroy, P., Monneveux, P. ve Charrier, A., 1998. Several QTLs involved in osmotic-adjustment trait variation in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Theor. Appl. Genet.*, 96, 688-698.
- Teulat, B., Borries, C. ve This, D. 2001a. New QTLs identified for plant water status, water-soluble carbohydrate and osmotic adjustment in a barley population grown in a growth-chamber under two water regimes. *Theor. Appl. Genet.*, 103 (1), 161-170.
- Teulat, B., Merah, O., Souyris, I. ve This D., 2001b. QTLs for agronomic traits from a mediterranean barley progeny grown in several environments. *Theor. Appl. Genet.*, 103, 774-787.
- Teulat, B., Merah, O., Sirault, X., Borries, C., Waugh, R. ve This D., 2002. QTLs for grain carbon isotope discrimination in field-grown barley. *Theor. Appl. Genet.*, 106, 118-126.
- Teulat, B., Zoumarou-Wallis, N., Rotter, B., Ben Salem, M., Bahri, H. ve This, D. 2003. QTL for relative water content in field-grown barley and their stability across Mediterranean environments. *Theor. Appl. Genet.*, 108, 181-188.
- This, D., Borries, C., Souyris, I. ve Teulat, B., 2000. QTL study of chlorophyll content as a genetic parameter of drought tolerance in barley. *Barley Genetics Newslett*, 30, 20-23.
- Tondelli, A., Francia, E., Visioni, A., Comadran, J., Mastrangelo, A.M. Akar, T., Al-Yassin, A., Ceccarelli, S., Grando, S., Benbelkacem, A., van Eeuwijk, F.A., Thomas, W.T.B., Stanca, A.M., Romagosa, I. ve Pecchioni, N., 2014. QTLs for barley yield adaptation to Mediterranean environments in the 'Nure' × 'Tremois' biparental population. *Euphytica*, 197, 73-86.
- Tondelli, A., Francia, E., Barabaschi, D., Aprile, A., Skinner, J.S., Stockinger, E.J., Stanca, A.M. ve Pecchioni, N., 2006. Mapping regulatory genes as candidates for cold and drought stress tolerance in barley. *Theor. Appl. Genet.*, 112, 445-454.
- Turan, E.S., 2018. Türkiye'nin iklim değişikliğine bağlı kuraklık durumu. *Doğal Afetler ve Çevre Dergisi*, 4, 63-69.
- Ullrich, S.E., 2011. *Barley: production, improvement, and uses*. Wiley-Blackwell, 637 p, UK.
- Untergasser, A., Cutcutache, I., Koressaar, T., Ye, J., Faircloth, B.C., Remm, M. ve Rozen, S.G., 2012. Primer3 - new capabilities and interfaces. *Nucleic Acids Res.*, 40 (15), 115.
- Varshney, R.K., Marcel, T.C., Ramsay, L., Russell, J., Roder, M.S., Stein, N., Waugh, R., Langridge, P., Niks, R.E. ve Graner, A. 2007. A high density barley microsatellite consensus map with 775 SSR loci. *Theor. Appl. Genet.*, 114, 1091-1103.
- Vishwakarma, M.K., Arun, B., Mishra, V., Yadav, P., Kumar, H. ve Joshi, A.K. 2016. Marker-assisted improvement of grain protein content and grain weight in Indian bread wheat. *Euphytica* 208 (2), 313-321.
- Volaire, F., 2003. Seedling survival under drought differs between an annual (*Hordeum vulgare*) and a perennial grass (*Dactylis glomerata*). *New Phytol.*, 160, 501-510.



- von Korff, M., Grando, S., Del Greco, A., This, D., Baum, M. ve Ceccarelli, S., 2008. Quantitative trait loci associated with adaptation to Mediterranean dryland conditions in barley. *Theor. Appl. Genet.*, 117, 653-669.
- von Korff, M.H., Wang, H., Leon, J., ve Pillen, K., 2006. AB-QTL analysis in spring barley: II. Detection of favourable exotic alleles for agronomic traits introgressed from wild barley (*H. vulgare ssp spontaneum*). *Theor. Appl. Genet.*, 112, 1221-1231
- Zeng, Z., 1994. Precision mapping of quantitative trait loci. *Genetics*, 136, 1457-1468.
- Zheng, Z, Wang, H.B., Chen, G.D. ve Yan, G.J., 2013. A procedure allowing up to eight generations of wheat and nine of barley per annum. *Euphytica*, 191, 311-316.
- Zhou, G., Zhang, Q., Tan, C., Zhang, X. ve Li, C. 2015. Development of genome-wide InDel markers and their integration with SSR, DArT and SNP markers in single barley map. *BMC Genomics*, 16, 1-8.
- Zlatev, Z., 2009. Drought induced changes in chlorophyll fluorescence of young wheat plants. *Biotechnol. Biotec. Eq.*, 23 (2), 438-441.
- Yue, B., Xue, W., Xiong, L., Yu, X., Luo, L., Cui, K., Jin, D., Xing, Y. ve Zhang, Q., 2006. Genetic basis of drought resistance at reproductive stage in rice: separation of drought tolerance from drought avoidance. *Genetics*, 172, 1213-1228.
- Wang, G., Schmalenbach, I., von Korff, M., Leon, J., Kilian. B., Rode, J. ve Pillen, K., 2010a. Association of barley photoperiod and vernalization genes with QTLs for flowering time and agronomic traits in a BC<sub>2</sub>DH population and a set of wild barley introgression lines. *Theor. Appl. Genet.*, 120 (8), 1559-1574.
- Wang, J., Yang, J., Mcneil, D.L. ve Zhou, M., 2010b. Identification and molecular mapping of a dwarfing gene in barley (*Hordeum vulgare* L.) and its correlation with other agronomic traits. *Euphytica*, 175, 331-342.
- Wojcik-Jagla, M., Fiust, A., Koscielniak, J. ve Rapacz, M., 2018. Association mapping of drought tolerance-related traits in barley to complement a traditional biparental QTL mapping study. *Theor. Appl. Genet.*, 131, 167-181.
- Xia, Y. Li, R. Bai, G., Siddique, K.H.M., Varshney, R.K., Baum, M., Yan, G. ve Guo, P. 2017. Genetic variations of *HvP5CS1* and their association with drought tolerance related traits in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Sci. Rep.*, 7, 7870.
- Xu, J.L., Lafitte, H.R., Gao, Y.M., Fu, B.Y., Torres, R. ve Li, Z.K., 2005. QTLs for drought escape and tolerance identified in a set of random introgression lines of rice. *Theor. Appl. Genet.*, 111, 1642-1650.
- Xu, Y., Zhang, X.Q., Harasymow, S., Westcott, S., Zhang, W. ve Li, C., 2018. Molecular marker-assisted backcrossing breeding: an example to transfer a thermostable  $\beta$ -amylase gene from wild barley. *Mol. Breeding*, 38, 63.
- Xu, Y. ve Crouch, J.H. 2008. Marker-assisted selection in plant breeding: from publications to practice. *Crop Sci.*, 48, 391-407.
- Xue, D., Chen, M., Zhou, M., Chen, S., Mao, Y. ve Zhang, G., 2008. QTL analysis of flag leaf in barley (*Hordeum vulgare* L.) for morphological traits and chlorophyll content. *J. Zhejiang Univ. Sci. B*, 9 (12), 938-943

## EKLER

Çizelge Ek 1. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin sera denemelerindeki yaprak nispi su içeriğine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	SD	%100 TK Su Uygulaması		%20 TK Su Stresi		%100 TK Su Uygulaması		%20 TK Su Stresi	
		KO	F	KO	F	KO	F	KO	F
		Hat	4	1.1	0.3 <sup>ÖD</sup>	311.2	6.7 <sup>**</sup>	1.1	1.1 <sup>ÖD</sup>
Hata	20	3.6		46.2		1.0		27.4	

<sup>ÖD</sup> önemli değil. \*\* %1 düzeyinde önemlidir.

Çizelge Ek 2. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin sera denemelerindeki yaprak nispi su içeriğine ait varyans analiz sonuçları (Tadmor çeşidi olmadan )

Varyasyon Kaynağı	SD	%100 TK Su Uygulaması		%20 TK Su Stresi		%100 TK Su Uygulaması		%20 TK Su Stresi	
		KO	F	KO	F	KO	F	KO	F
		Hat	3	1.0	0.2 <sup>ÖD</sup>	242.0	4.3 <sup>*</sup>	0.9	1.0 <sup>ÖD</sup>
Hata	16	4.2		56.0		0.9		3.9	

<sup>ÖD</sup> önemli değil. \*\*, sırasıyla %1 ve %5 düzeyinde önemlidir.

Çizelge Ek 3. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin yaprak nispi su içeriğine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	SD	Tokat Kapalı		Tokat Açık		Tokat Açık Yazlık		Erbaa Açık Yazlık	
		KO	F	KO	F	KO	F	KO	F
		Tekerrür	2	0.1	0.1 <sup>ÖD</sup>	8.5	2.7 <sup>ÖD</sup>	0.3	0.3 <sup>ÖD</sup>
Hat	7	15.4	6.4 <sup>**</sup>	8.9	2.8 <sup>*</sup>	5.3	5.2 <sup>**</sup>	12.8	11.6 <sup>**</sup>
Hata	14	2.4		3.1		1.0		1.1	

<sup>ÖD</sup> önemli değil. \*, \*\* sırasıyla %5 ve %1 düzeyinde önemlidir.

Çizelge Ek 4. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin yaprak sıcaklığına ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	SD	Tokat Kapalı		Tokat Açık		Tokat Açık Yazlık		Erbaa Açık Yazlık	
		KO	F	KO	F	KO	F	KO	F
		Tekerrür	2	19.6	26.1 <sup>**</sup>	20.86	31.9 <sup>**</sup>	24.4	50.3 <sup>**</sup>
Hat	7	0.6	0.8 <sup>ÖD</sup>	0.48	0.7 <sup>ÖD</sup>	0.3	0.5 <sup>ÖD</sup>	0.4	0.6 <sup>ÖD</sup>
Hata	14	0.8		0.65		0.5		0.5	

<sup>ÖD</sup> önemli değil. \*\* %1 düzeyinde önemlidir.

Çizelge Ek 5. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin kanopi sıcaklığına ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	SD	Tokat Kapalı		Tokat Açık		Tokat Açık Yazlık		Erbaa Açık Yazlık	
		KO	F	KO	F	KO	F	KO	F
Tekerrür	2	13.7	48.5**	12.0	17.5**	20.6	31.7**	17.0	27.9**
Hat	7	0.5	1.5 <sup>ÖD</sup>	0.3	0.4 <sup>ÖD</sup>	0.5	0.8 <sup>ÖD</sup>	1.2	2.0 <sup>ÖD</sup>
Hata	14	0.3		0.7		0.7		0.6	

<sup>ÖD</sup> önemli değil. \*\* %1 düzeyinde önemlidir.

Çizelge Ek 6. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin SPAD indeksine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	SD	Tokat Kapalı		Tokat Açık		Tokat Açık Yazlık		Erbaa Açık Yazlık	
		KO	F	KO	F	KO	F	KO	F
Tekerrür	2	1.4	0.4 <sup>ÖD</sup>	3.7	1.6 <sup>ÖD</sup>	92.5	39.7 <sup>ÖD</sup>	0.8	0.2 <sup>ÖD</sup>
Hat	7	16.4	4.1*	2.3	1.0 <sup>ÖD</sup>	24.8	10.6**	11.7	2.8*
Hata	14	4.0		2.3		2.3		4.1	

<sup>ÖD</sup> önemli değil. \*\* %1 düzeyinde önemlidir.

Çizelge Ek 7. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin başlangıç floresan değerlerine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	SD	Tokat Kapalı		Tokat Açık		Tokat Açık Yazlık		Erbaa Açık Yazlık	
		KO	F	KO	F	KO	F	KO	F
Tekerrür	2	42.7	2.1 <sup>ÖD</sup>	78.3	1.2 <sup>ÖD</sup>	65.0	1.4 <sup>ÖD</sup>	656.6	8.2**
Hat	7	22.1	1.1 <sup>ÖD</sup>	121.7	1.8 <sup>ÖD</sup>	76.3	1.7 <sup>ÖD</sup>	63.9	0.8 <sup>ÖD</sup>
Hata	14	20.4		66.1		46.3		80.2	

<sup>ÖD</sup> önemli değil. \*\* %1 düzeyinde önemlidir.

Çizelge Ek 8. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin değişken floresan değerlerine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	SD	Tokat Kapalı		Tokat Açık		Tokat Açık Yazlık		Erbaa Açık Yazlık	
		KO	F	KO	F	KO	F	KO	F
Tekerrür	2	453.4	0.37 <sup>ÖD</sup>	4403.2	1.58 <sup>ÖD</sup>	2959.8	2.5 <sup>ÖD</sup>	25287.5	14.5**
Hat	7	1528.7	1.25 <sup>ÖD</sup>	4728.7	1.70 <sup>ÖD</sup>	3280.3	2.7 <sup>ÖD</sup>	2310.6	1.3 <sup>ÖD</sup>
Hata	14	1222.9		2790.4		1206.9		1748.5	

<sup>ÖD</sup> önemli değil. \*\* %1 düzeyinde önemlidir.

Çizelge Ek 9. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin maksimum floresan değerlerine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	SD	Tokat Kapalı		Tokat Açık		Tokat Açık Yazlık		Erbaa Açık Yazlık	
		KO	F	KO	F	KO	F	KO	F
Tekerrür	2	479.8	0.4 <sup>ÖD</sup>	4780.2	1.4 <sup>ÖD</sup>	3310.4	2.3 <sup>ÖD</sup>	37933.4	19.8 <sup>**</sup>
Hat	7	2032.4	1.7 <sup>ÖD</sup>	5790.7	1.6 <sup>ÖD</sup>	3206.8	2.2 <sup>ÖD</sup>	2720.3	1.4 <sup>ÖD</sup>
Hata	14	1225.3		3511.1		1442.3		1914.0	

<sup>ÖD</sup> önemli değil. \*\* %1 düzeyinde önemlidir.

Çizelge Ek 10. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin maksimum PSII kuantum etkinliği değerleri ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	SD	Tokat Kapalı		Tokat Açık		Tokat Açık Yazlık		Erbaa Açık Yazlık	
		KO	F	KO	F	KO	F	KO	F
Tekerrür	2	0.0003	2.1 <sup>ÖD</sup>	0.0003	2.0 <sup>ÖD</sup>	0.0002	1.5 <sup>ÖD</sup>	0.0009	5.5 <sup>*</sup>
Hat	7	0.0001	0.9 <sup>ÖD</sup>	0.0003	1.8 <sup>ÖD</sup>	0.0005	3.0 <sup>*</sup>	0.0002	1.0 <sup>ÖD</sup>
Hata	14	0.0002		0.0002		0.0002		0.0002	

<sup>ÖD</sup> önemli değil. \* %5 düzeyinde önemlidir.

Çizelge Ek 11. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin başaklanma süresine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	SD	Tokat Kapalı		Tokat Açık		Tokat Açık Yazlık		Erbaa Açık Yazlık	
		KO	F	KO	F	KO	F	KO	F
Tekerrür	2	1.6	3.1 <sup>ÖD</sup>	0.29	0.3 <sup>ÖD</sup>	1.63	6.6 <sup>ÖD</sup>	1.0	0.4 <sup>ÖD</sup>
Hat	7	25.4	47.9 <sup>**</sup>	27.02	31.3 <sup>**</sup>	27.99	114.7 <sup>**</sup>	30.9	13.0 <sup>**</sup>
Hata	14	0.5		0.86		0.24		2.4	

<sup>ÖD</sup> önemli değil. \*\* %1 düzeyinde önemlidir.

Çizelge Ek 12. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin bitki boyuna ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	SD	Tokat Kapalı		Tokat Açık		Tokat Açık Yazlık		Erbaa Açık Yazlık	
		KO	F	KO	F	KO	F	KO	F
Tekerrür	2	5.0	0.8 <sup>ÖD</sup>	60.1	23.1 <sup>**</sup>	4.3	4.0 <sup>*</sup>	0.8	0.8 <sup>ÖD</sup>
Hat	7	109.0	16.8 <sup>**</sup>	57.3	22.0 <sup>**</sup>	119.3	112.1 <sup>**</sup>	12.2	11.5 <sup>**</sup>
Hata	14	6.5		2.6		1.1		1.1	

<sup>ÖD</sup> önemli değil. \*, \*\* sırasıyla %5 ve %1 düzeyinde önemlidir.

Çizelge Ek 13. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin olgunlaşma süresine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	SD	Tokat Kapalı		Tokat Açık		Tokat Açık Yazlık		Erbaa Açık Yazlık	
		KO	F	KO	F	KO	F	KO	F
Tekerrür	2	0.1	0.3 <sup>ÖD</sup>	0.7	0.9 <sup>ÖD</sup>	6.5	7.5 <sup>**</sup>	0.2	0.0 <sup>ÖD</sup>
Hat	7	163.5	450.2 <sup>**</sup>	240.5	315.7 <sup>**</sup>	138.1	157.8 <sup>**</sup>	291.1	58.5 <sup>**</sup>
Hata	14	0.4		0.8		0.9		5.0	

<sup>ÖD</sup> önemli değil. <sup>\*\*</sup> %1 düzeyinde önemlidir.

Çizelge Ek 14. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin yatma oranına ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	SD	Tokat Kapalı		Tokat Açık		Tokat Açık Yazlık		Erbaa Açık Yazlık	
		KO	F	KO	F	KO	F	KO	F
Tekerrür	2	450.3	2.7 <sup>ÖD</sup>	271.1	2.4 <sup>ÖD</sup>	6.8	1.0 <sup>ÖD</sup>	17.7	1.0 <sup>ÖD</sup>
Hat	7	1248.1	7.6 <sup>**</sup>	2227.2	19.9 <sup>**</sup>	1532.6	224.1 <sup>**</sup>	371.0	21.0 <sup>**</sup>
Hata	14	164.7		112.0		6.8		17.7	

<sup>ÖD</sup> önemli değil. <sup>\*\*</sup> %1 düzeyinde önemlidir.

Çizelge Ek 15. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin başak boyu ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	SD	Tokat Kapalı		Tokat Açık		Tokat Açık Yazlık		Erbaa Açık Yazlık	
		KO	F	KO	F	KO	F	KO	F
Tekerrür	2	1.2	7.3 <sup>**</sup>	0.1	1.2 <sup>ÖD</sup>	1.0	8.0 <sup>**</sup>	0.2	0.6 <sup>ÖD</sup>
Hat	7	0.7	4.2 <sup>*</sup>	0.8	10.8 <sup>**</sup>	0.0	0.4 <sup>ÖD</sup>	0.6	1.6 <sup>ÖD</sup>
Hata	14	0.2		0.1		0.1		0.4	

<sup>ÖD</sup> önemli değil. <sup>\*</sup>, <sup>\*\*</sup> sırasıyla %5 ve %1 düzeyinde önemlidir.

Çizelge Ek 16. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin başakta tane sayısı ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	SD	Tokat Kapalı		Tokat Açık		Tokat Açık Yazlık		Erbaa Açık Yazlık	
		KO	F	KO	F	KO	F	KO	F
Tekerrür	2	6.9	7.2 <sup>**</sup>	1.0	1.8 <sup>ÖD</sup>	6.7	6.3 <sup>**</sup>	1.9	0.5 <sup>ÖD</sup>
Hat	7	11.9	12.6 <sup>**</sup>	13.0	22.8 <sup>**</sup>	6.6	6.1 <sup>**</sup>	6.4	1.8 <sup>ÖD</sup>
Hata	14	1.0		0.6		1.1		3.6	

<sup>ÖD</sup> önemli değil. <sup>\*\*</sup> %1 düzeyinde önemlidir.

Çizelge Ek 17. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin metrekarede başak sayısı ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	SD	Tokat Kapalı		Tokat Açık		Tokat Açık Yazlık		Erbaa Açık Yazlık	
		KO	F	KO	F	KO	F	KO	F
Tekerrür	2	7184.9	0.6 <sup>ÖD</sup>	26769.5	4.0*	29601.4	6.2*	9676.6	0.9 <sup>ÖD</sup>
Hat	7	117551.0	9.6**	107960.1	16.1**	20650.4	4.3**	22628.2	2.1 <sup>ÖD</sup>
Hata	14	12267.6		6686.3		4768.7		10826.9	

<sup>ÖD</sup> önemli değil. \*, \*\* sırasıyla %5 ve %1 düzeyinde önemlidir.

Çizelge Ek 18. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin tane verimine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	SD	Tokat Kapalı		Tokat Açık		Tokat Açık Yazlık		Erbaa Açık Yazlık	
		KO	F	KO	F	KO	F	KO	F
Tekerrür	2	14586.2	4.4*	10185.9	2.2 <sup>ÖD</sup>	9445.8	2.3 <sup>ÖD</sup>	8798.2	1.4 <sup>ÖD</sup>
Hat	7	30470.6	9.2**	42539.5	9.2**	34746.7	8.5**	9879.0	1.5 <sup>ÖD</sup>
Hata	14	3295.3		4624.8		4076.8		6412.8	

<sup>ÖD</sup> önemli değil. \*, \*\* sırasıyla %5 ve %1 düzeyinde önemlidir.

Çizelge Ek 19. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin 1000-tane ağırlığı ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	SD	Tokat Kapalı		Tokat Açık		Tokat Açık Yazlık		Erbaa Açık Yazlık	
		KO	F	KO	F	KO	F	KO	F
Tekerrür	2	1.1	0.8 <sup>ÖD</sup>	1.0	2.36 <sup>ÖD</sup>	0.1	0.3 <sup>ÖD</sup>	0.5	0.5 <sup>ÖD</sup>
Hat	7	35.2	27.0**	9.6	23.74**	7.3	20.5**	7.4	7.4**
Hata	14	1.3		0.4		0.4		1.0	

<sup>ÖD</sup> önemli değil. \*\* %1 düzeyinde önemlidir.

Çizelge Ek 20. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin hektolitre ağırlığına ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	SD	Tokat Kapalı		Tokat Açık		Tokat Açık Yazlık		Erbaa Açık Yazlık	
		KO	F	KO	F	KO	F	KO	F
Tekerrür	2	0.9	0.9 <sup>ÖD</sup>	1.5	1.4 <sup>ÖD</sup>	1.1	4.6*	0.4	0.3 <sup>ÖD</sup>
Hat	7	22.1	20.9**	4.2	3.9*	2.5	10.8**	2.0	1.9 <sup>ÖD</sup>
Hata	14	1.1		1.1		0.2		1.1	

<sup>ÖD</sup> önemli değil. \*, \*\* sırasıyla %5 ve %1 düzeyinde önemlidir.

Çizelge Ek 21. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin biyolojik verime ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	SD	Tokat Kapalı		Tokat Açık		Tokat Açık Yazlık		Erbaa Açık Yazlık	
		KO	F	KO	F	KO	F	KO	F
Tekerrür	2	38556.6	3.6 <sup>ÖD</sup>	40352.8	2.5 <sup>ÖD</sup>	39193.4	3.8*	24917.7	1.3 <sup>ÖD</sup>
Hat	7	95490.7	8.8**	152815.2	9.5**	109828.6	10.8**	35480.4	1.8 <sup>ÖD</sup>
Hata	14	10793.9		16114.4		10209.5		19179.5	

<sup>ÖD</sup> önemli değil. \*, \*\* sırasıyla %5 ve %1 düzeyinde önemlidir.

Çizelge Ek 22. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin hasat indeksine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	SD	Tokat Kapalı		Tokat Açık		Tokat Açık Yazlık		Erbaa Açık Yazlık	
		KO	F	KO	F	KO	F	KO	F
Tekerrür	2	2.3	1.4 <sup>ÖD</sup>	3.6	4.2*	3.2	2.6 <sup>ÖD</sup>	3.0	0.1 <sup>ÖD</sup>
Hat	7	40.6	23.7**	8.8	10.1**	18.2	14.6**	40.7	1.3 <sup>ÖD</sup>
Hata	14	1.7		0.9		1.2		30.6	

<sup>ÖD</sup> önemli değil. \*, \*\* sırasıyla %5 ve %1 düzeyinde önemlidir.

Çizelge Ek 23. Geliştirilen hatlar ile ebeveynlerin tane protein oranına ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	SD	Tokat Kapalı		Tokat Açık		Tokat Açık Yazlık		Erbaa Açık Yazlık	
		KO	F	KO	F	KO	F	KO	F
Tekerrür	2	0.0	0.2 <sup>ÖD</sup>	0.1	0.4 <sup>ÖD</sup>	0.1	1.3 <sup>ÖD</sup>	0.0	0.0 <sup>ÖD</sup>
Hat	7	1.3	22.0**	2.2	13.4**	4.6	82.7**	2.2	18.1**
Hata	14	0.1		0.2		0.1		0.1	

<sup>ÖD</sup> önemli değil. \*\* %1 düzeyinde önemlidir.

## ÖZGEÇMİŞ

Adı: İbrahim

Soyadı: Saygılı

Doğum yeri: Nevşehir

Medeni Hali: Evli ve bir çocuk babası

Yabancı Dili: İngilizce

Telefon: 0 536 342 68 64

e-mail: ibrahimsaygili50@gmail.com

<b>Derece</b>	<b>Eğitim Birimi</b>	<b>Mezuniyet Tarihi</b>
Yüksek lisans	Gaziosmanpaşa Üniversitesi Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkileri Ana bilim Dalı	2012
Lisans	Gaziosmanpaşa Üniversitesi Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkileri Bölümü	2009
Lise	Nevşehir Lisesi	2005