

T.C.
KAFKAS ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
BİYOLOJİ ANABİLİM DALI

KARS YÖRESİNE AİT KAVILCA (*Triticum dicoccum* Schrank) BİTKİSİNİN
SSR YÖNTEMİ İLE GENOTİPLENDİRİLMESİ

Hatice DEMİR
DOKTORA TEZİ

DANIŞMAN
Doktor Öğretim Üyesi Doğan İLHAN

HAZİRAN-2020
KARS



T.C.
KAFKAS ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
BİYOLOJİ ANABİLİM DALI



**KARS YÖRESİNE AİT KAVILCA (*Triticum dicoccum* Schrank) BİTKİSİNİN
SSR YÖNTEMİ İLE GENOTİPLENDİRİLMESİ**

Hatice DEMİR
DOKTORA TEZİ

DANIŞMAN

Doktor Öğretim Üyesi Doğan İLHAN

Bu tez çalışması 2018-FM-16 nolu proje ile BAP tarafından desteklenmiştir.

HAZİRAN-2020

KARS

ETİK BEYAN

Kafkas Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tez Yazım Kurallarına uygun olarak hazırladığım bu tez çalışmada;

- Tez içinde sunduğum verileri, bilgileri ve dokümanları akademik ve etik kurallar çerçevesinde elde ettiğimi,
- Tüm bilgi, belge, değerlendirme ve sonuçları bilimsel etik ve ahlak kurallarına uygun olarak sunduğumu,
- Tez çalışmada yararlandığım eserlerin tümüne uygun atıfta bulunarak kaynak gösterdiğimi,
- Kullanılan verilerde herhangi bir değişiklik yapmadığımı,
- Bu tezde sunduğum çalışmanın özgün olduğunu,

bildirir, aksi bir durumda aleyhime doğabilecek tüm hak kayıplarını kabullendiğimi beyan ederim.

Hatice DEMİR

29/06/2020

ÖZET

(Doktora Tezi)

KARS YÖRESİNE AİT KAVILCA (*Triticum dicoccum* Schrank) BİTKİSİNİN SSR YÖNTEMİ İLE GENOTİPLENDİRİLMESİ

Hatice DEMİR

Kafkas Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Biyoloji Anabilim Dalı

Danışman: Dr. Öğr. Üyesi Doğan İLHAN

Buğdaygiller, tüm dünya ülkelerinde olduğu gibi ülkemizde de en önemli tahıl grubunu oluşturmaktadır. Zengin iklimsel özellik ve jeostratejik öneminden dolayı pek çok yerel buğday çeşitlerinin yetiştirilmesi ve geliştirilmesi için de ülkemiz önemli genetik kaynaklara sahiptir. Bu sebeple ülkemizde farklı ekolojik şartlara uyum sağlayabilen, verim ve kalite özellikleri bakımından da yüksek performansa sahip olan yerel buğday genotiplerini belirlemek ve kullanışlı kılmak oldukça büyük önem arz etmektedir. Kuzeydoğu Anadolu Bölgesinde Kars Şehri ve civarında yetiştirilen Kavılca buğdayı (*Triticum dicoccum* Schrank) bu anlamda oldukça değerli görülmektedir. Bu temel bilgiler ışığında bu çalışmada, Kars ilinde yetiştirilen ve önemli bir genetik kaynak olan yerel Kavılca buğdayına ait 10 farklı popülasyon 11 adet SSR markörü ile genotiplendirildi. Özellikle popülasyon düzeyinde farklılık olup olmadığını belirlemek amacı ile iki adet kültür buğday çeşidi olan ve Kars'ın farklı bölgelerinden temin edilen *Triticum aestivum* L. genotipleri de analizlere dahil edildi.

Çalışma kapsamında, popülasyon dinamiği analizleri, Temel Koordinatlar Analizi (PCoA), filogenetik analizler, genetik çeşitlilik analizleri ve genetik-coğrafik mesafe

analizleri gerekleřtirildi. Poplasyon dzeyinde altı ana grup řeklinde farklılařmanın olduđu STRUCTURE; PCoA ve filogenetik analizler ile desteklenmektedir. Poplasyonlar arasındaki genetik varyasyon dzeyi de yksek olarak bulunmuřtur. Tm genotipler iin cođrafı ve genetik uzaklık matrisleri arasındaki karřılařtırma, istatikselsel olarak negatif bir korelasyon olduđunu ortaya koymaktadır ($R^2=0.04$). Gerekleřtirilen bu tez alıřmasının lkemizde Kavılca buđday tarımının yaygınlařtırılmasına ve ıřlah alıřmalarında kullanılmasına referans sađlayacađı dřnlmektedir. Ayrıca elde edilen sonulara gre SSR markrlerinin buđday genotiplendirme alıřmalarında daha fazla miktarı ile daha kapsamlı sonular verebileceđi de belirlendi.

Anahtar Kelimeler: Kavılca Buđdayı, Genotiplendirme, *Triticum dicoccum*, SSR, Kars

2020, 99 Sayfa

ABSTRACT

(Ph.D. Thesis)

GENOTYPING OF KAVILCA (*Triticum dicoccum* Schrank) PLANT OF KARS REGION USING SSR METHOD

Hatice DEMİR

Kafkas University
Graduate School of Applied and Natural Sciences
Department of Biology

Supervisor: Asst. Prof. Dr. Dođan İLHAN

Wheat constitute the most important grain group in our country as in all countries of the world. Due to its rich climatic characteristics and geostrategic importance, our country also has important genetic resources for the cultivation and development of many local wheat varieties. For this reason, it is very important to determine local wheat genotypes that can adapt to different ecological conditions in our country and define ones having high performance in terms of efficiency and quality characteristics to make them useful. Kavılca wheat (*Triticum dicoccum* Schrank) which is grown in and around Kars City in northeastern Anatolia region is seen as very valuable in this sense. In the light of this basic information, in this study, 10 different populations of local Kavılca wheat grown in Kars province, which are important genetic sources, were genotyped with 11 SSR markers. *Triticum aestivum* L. genotypes, which are two culture wheat varieties and have been obtained from different regions of Kars, were also included in the analysis to determine whether there is a difference in population level.

Within the scope of the study, population dynamics analysis, Principal Coordinates Analysis (PCoA), phylogenetic analysis, genetic diversity analysis and genetic-

geographic distance analysis were performed. STRUCTURE, which has six main groups of differentiation at the population level, was supported by PCoA and phylogenetic analyses. The level of genetic variation between populations has also been found to be high. The comparison between geographic and genetic distance matrices for all genotypes revealed a statistically negative correlation ($R^2=0.04$). It is thought that this thesis study will provide a reference to the widespread use of Kavılca wheat agriculture in our country and its use in breeding studies. In addition, according to the results obtained, it has been determined that SSR markers can give more comprehensive results with higher numbers in wheat genotyping studies.

Key Words: Kavılca Wheat, Genotyping, *Triticum dicoccum*, SSR, Kars

2020, 99 pages

ÖNSÖZ

Tez çalışmamın tüm aşamalarında bilgi ve tecrübeleriyle beni yönlendiren tezin gelişim aşamalarını titizlikle inceleyen ve desteğini benden esirgemeyen değerli danışman hocam Doktor Öğretim Üyesi Doğan İLHAN'a sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Tez İzleme Komitesi üyesi olan, çalışmalarımı takip ederek önemli katkılar sağlayan ayrıca laboratuvar olanaklarından faydalanmamı sağlayan değerli hocalarım Doç. Dr. Özkan ÖZDEN'e ve Doktor Öğretim Üyesi Mustafa Kemal ALTUNOĞLU'na teşekkürlerimi sunarım.

Doktora eğitimim boyunca her zaman desteğini hissettiğim değerli eşim Turgay DEMİR'e ve aileme, sabır ve anlayışları için çok teşekkür ederim.

Bu çalışmayı 2018-FM-16 nolu projesi ile destekleyen Kafkas Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinatörlüğüne de teşekkürlerimi sunarım.

Hatice DEMİR

İÇİNDEKİLER

	Sayfa
ÖZET	i
ABSTRACT	iii
ÖNSÖZ	v
İÇİNDEKİLER	vi
ŞEKİLLER DİZİNİ	viii
ÇİZELGELER DİZİNİ	x
RESİMLER DİZİNİ	xii
SEMBOLLER VE KISALTMALAR DİZİNİ	xiv
1. GENEL BİLGİLER	1
1.1 Giriş	1
1.2 Buğdaygiller ve Tarımı	4
1.3 Kavılca Buğdayı'nın Evrimsel Gelişimi	7
1.4 Kavılca Buğdayının Bilimsel Sınıflandırılması	10
1.5 Kavılca Buğdayının Besin Değeri ve Faydaları	11
1.6 Ülkemizdeki Yerel Çeşitler ve Kavılca Tarımı	14
1.7 Kavılca Buğdayının Genetiği	15
1.8 Buğdaygillerde Moleküler Markör Teknolojileri	19
1.9 Literatür Çalışmaları.....	21
2. MATERYAL VE YÖNTEM	42
2.1 Bitkisel Materyaller	42
2.2 Bitkilerin Yetiştirilmesi	45
2.3 Moleküler Markörler ve Genotiplendirme	45
2.3.1 Bitkilerden DNA Ekstraksiyonu	45
2.3.2 DNA Konsantrasyon ve Saflığının Belirlenmesi.....	50
2.3.3 SSR Markörlerin Seçilimi.....	52
2.3.4 PCR Reaksiyonları.....	52
2.3.5 PCR Ürünlerinin Agaroz Jel Elektroforezi	54
2.4 Veri Analizleri	57
3. BULGULAR	58
3.1 Moleküler Analizler	58

3.2 Popülasyon Yapısı ve Dinamiği Analizi	64
3.3 Temel Koordinatlar Analizi (PCoA)	67
3.4 Moleküler Filogenetik Analizler	68
3.5 Genetik Çeşitlilik Analizi	69
3.6 Coğrafik ve Genetik Uzaklıkların Korelasyonu	73
4. SONUÇLAR VE TARTIŞMA	76
5. KAYNAKLAR	83
ÖZGEÇMİŞ.....	99



ŞEKİLLER DİZİNİ

		Sayfa
Şekil 1.1	Türkiye ve dünya buğday üretiminin yıllara göre değişimi	6
Şekil 1.2	Kültür buğdaylarının doğal yolla oluşum şeması (Siyez=Einkorn, Gernik=Emmer)	9
Şekil 2.1	Çalışmada kullanılan buğday örneklerinin temin edildiği köylere ait lokasyonlar	43
Şekil 2.2	12 buğday popülasyonunun Neighbour joining ağacı ile coğrafi kökenlerini gösteren harita	44
Şekil 2.3	Konsantrasyon ve saflık ölçümü yapılan DNA'ların %2'lik agaroz jel görüntüsü 1-2: <i>T.aestivum</i> , 3-12: <i>T. dicoccum</i> , M: 100 bç DNA Ladder (DNA moleküler ağırlık markerı) (5 ve 11 no 'lu örnekler için izolasyon tekrar yapıldı)	51
Şekil 3.1	Xgwm46 primeri kullanılarak elde edilen PCR ürünlerinin agaroz jeldeki görüntüsü. 1-2: <i>T.aestivum</i> , 3-12: <i>T. dicoccum</i> , M: 100 bç'lık DNA Marker'ı	58
Şekil 3.2	Xgwm95 primeri kullanılarak elde edilen PCR ürünlerinin agaroz jeldeki görüntüsü. 1-2: <i>T.aestivum</i> , 3-12: <i>T. dicoccum</i> , M: 100 bç'lık DNA Marker'ı	59
Şekil 3.3	Xgwm120 primeri kullanılarak elde edilen PCR ürünlerinin agaroz jeldeki görüntüsü. 1-2: <i>T.aestivum</i> , 3-12: <i>T. dicoccum</i> , M: 100 bç'lık DNA Marker'ı	59
Şekil 3.4	Xgwm154 primeri kullanılarak elde edilen PCR ürünlerinin agaroz jeldeki görüntüsü. 1-2: <i>T.aestivum</i> , 3-12: <i>T. dicoccum</i> , M: 100 bç'lık DNA Marker'ı	60
Şekil 3.5	Xgwm155 primeri kullanılarak elde edilen PCR ürünlerinin agaroz jeldeki görüntüsü. 1-2: <i>T.aestivum</i> , 3-12: <i>T. dicoccum</i> , M: 100 bç'lık DNA Marker'ı	60
Şekil 3.6	Xgwm340 primeri kullanılarak elde edilen PCR ürünlerinin agaroz jeldeki görüntüsü. 1-2: <i>T.aestivum</i> , 3-12: <i>T. dicoccum</i> , M: 100 bç'lık DNA Marker'ı	61

Şekil 3.7	Xgwm361 primeri kullanılarak elde edilen PCR ürünlerinin agaroz jeldeki görüntüsü. 1-2: <i>T.aestivum</i> , 3-12: <i>T. dicoccum</i> , M: 100 bç'lık DNA Marker'ı	61
Şekil 3.8	Xgwm389 primeri kullanılarak elde edilen PCR ürünlerinin agaroz jeldeki görüntüsü. 1-2: <i>T.aestivum</i> , 3-12: <i>T. dicoccum</i> , M: 100 bç'lık DNA Marker'ı	62
Şekil 3.9	Xgwm540 primeri kullanılarak elde edilen PCR ürünlerinin agaroz jeldeki görüntüsü. 1-2: <i>T.aestivum</i> , 3-12: <i>T. dicoccum</i> , M: 100 bç'lık DNA Marker'ı	62
Şekil 3.10	Xgwm558 primeri kullanılarak elde edilen PCR ürünlerinin agaroz jeldeki görüntüsü. 1-2: <i>T.aestivum</i> , 3-12: <i>T. dicoccum</i> , M: 100 bç'lık DNA Marker'ı	63
Şekil 3.11	Xgwm601 primeri kullanılarak elde edilen PCR ürünlerinin agaroz jeldeki görüntüsü. 1-2: <i>T.aestivum</i> , 3-12: <i>T. dicoccum</i> , M: 100 bç'lık DNA Marker'ı	63
Şekil 3.12	Optimal K değerinin belirlenmesi için Pritchard ve arkadaşlarının (2000) tanımladığı ad hoc prosedürüne göre elde edilen sonuç	64
Şekil 3.13	Optimal K değerinin belirlenmesi için Evanno ve arkadaşlarının (2005) tanımladığı Delta K prosedürüne göre elde edilen sonuç	65
Şekil 3.14	K=2, K=3 ve K=6 için Bayes çıkarımına dayanan STRUCTURE görüntüleri	66
Şekil 3.15	11 SSR markörünün kullanıldığı analizden elde edilen iki ana komponent temelinde farklı lokasyonlara ait kavılca buğdayı popülasyonlarının (<i>T. dicoccum</i>) birbirinden ayrılması ve <i>T. aestivum</i> popülasyonu ile ayrımı	68
Şekil 3.16	12 Popülasyona Ait Filogenetik İlişkinin NJ Ağacı	69
Şekil 3.17	12 popülasyonun coğrafik ve genetik uzaklık matrisleri arasında Mantel testi regreasyonu	75

ÇİZELGELER DİZİNİ

	Sayfa
Çizelge 1.1	Türkiye ve Dünya Buğday Üretimi (Ton) 6
Çizelge 1.2	<i>Triticum</i> türlerinin sistematik ilişkileri 10
Çizelge 1.3	Kavılca Buğdayının Bilimsel Sınıflandırma Basamakları 11
Çizelge 1.4	Kavılca Buğdayının Besin Değeri (/100gr) 13
Çizelge 1.5	Dünya üzerinde yetiştiriciliği yapılan ile yabani buğday tür ve alt türleri, ploidi düzeyleri, kromozom sayıları, genom formülleri ve bilinen isimleri 18
Çizelge 2.1	Kullanılan bitkisel materyallere ait sayısal veriler 42
Çizelge 2.2	İzolasyonda Kullanılan Kimyasal Miktarları 46
Çizelge 2.3	DNA miktar ve kalite değerleri 50
Çizelge 2.4	Çalışmada kullanılan 11 adet SSR markörün primerleri ve referansları 52
Çizelge 2.5	PCR reaksiyonlarında kullanılan kimyasallar ve miktarları 53
Çizelge 2.6	SSR-PCR Döngüsü 53
Çizelge 2.7	Agaroz jel elektroforezinde kullanılan kimyasallar ve miktarları 55
Çizelge 3.1	2 ile 8 arasındaki her küme için ortalama $\ln P(K)$, standart sapma ve Delta K değeri. Evanno ve ark. (2005)'na göre en iyi K değeri yıldızlı olandır 65
Çizelge 3.2	SSR analizi sonucuna göre 2 <i>T. aestivum</i> ve 10 <i>T. dicoccum</i> popülasyonlarının Nei'ye göre tüm lokuslar için hesaplanan genetik mesafe matrisi (GD) 70
Çizelge 3.3	Popülasyonlara göre lokuslardaki allel frekansları 72
Çizelge 3.4	İki türün (<i>T. dicoccum</i> , <i>T. aestivum</i>) 11 SSR markör ile amplifikasyonları sonucu oluşan toplam allel sayıları ve PIC değerleri 72

Çizelge 3.5	İki türün (<i>T. dicoccum</i> , <i>T. aestivum</i>) 12 adet genotipi için 11 SSR lokusu temelinde aralıkları ile birlikte (parantez içinde) çeşitlilik istatistikleri	73
Çizelge 3.6	<i>T. dicoccum</i> ve <i>T. aestivum</i> lokasyonlarının Enlem-Boylam değerleri	74
Çizelge 3.7	<i>T. dicoccum</i> ve <i>T. aestivum</i> popülasyonlarının tüm genotipleri için hesaplanan coğrafik mesafe matrisi (km)	74



RESİMLER DİZİNİ

	Sayfa
Resim 2.1	Kavılca buğdayı tohumlarının viyollere ekilmesi 45
Resim 2.2	Kavılca buğdayına ait tohumların viyollerde yetiştirilmesi (1 haftalık fideler) 45
Resim 2.3	Kavılca buğdayına ait tohumların viyollerde yetiştirilmesi (2 haftalık fideler) 45
Resim 2.4	Kavılca buğdayına ait tohumların viyollerde yetiştirilmesi (3 haftalık fideler) 45
Resim 2.5	İzolasyonda kullanılan kimyasalların hazırlanması 46
Resim 2.6	Ezme işlemi öncesi sıvı azot içinde bekletilen kavılca buğdayları 48
Resim 2.7	CTAB tampon çözeltisi eklenen tüplerin inkübatöre alınması 48
Resim 2.8	Tüplere fenol: kloroform: izoamilalkol eklenmesi 48
Resim 2.9	Santrifüj sonrası çökelme 48
Resim 2.10	Yeni tüpe aktarılan üst faza fenol:kloroform:izoamilalkol eklenmesi 49
Resim 2.11	Yeni tüpe aktarılmış üst faza isopropanol eklenmesi 49
Resim 2.12	Santrifüj sonrasında tüpün dibinde pelletin görülmesi 49
Resim 2.13	Pelletlerin alkolle yıkanması 49
Resim 2.14	Pelletlerin kurumaya bırakılması 49
Resim 2.15	Pelletlerin TE ile çözdürülmesi 49
Resim 2.16	DNA miktar ve saflık tayini için kullanılan Nanodrop cihazı 50
Resim 2.17	PCR reaksiyonlarında kullanılacak kimyasalların hazırlanması 54
Resim 2.18	PCR reaksiyon karışımları eklenen strip'lere DNA'ların eklenmesi 54
Resim 2.19	PCR reaksiyonları için hazır olan strip'lerin cihaza yerleştirilmesi 54
Resim 2.20	PCR reaksiyonları için Termocycler'in çalıştırılması 54

Resim 2.21	Elektroforez işlemi için kimyasalların hazırlanması	56
Resim 2.22	Hazırlanan agaroz jelin donması ve yükleme için hazırlıkların yapılması	56
Resim 2.23	Kuyucuklara PCR ürünlerinin yüklenmesi	56
Resim 2.24	Örneklerin jel üzerinde yürümesi	56
Resim 2.25	Kullanılan jel görüntüleme cihazı	56



SEMBOLLER VE KISALTMALAR DİZİNİ

bp	: Baz çifti
Mb	: Megabaz
⁰ C	: Santigrat derece
M	: Molar
mM	: Milimolar
ml	: Mililitre
sn	: Saniye
µl	: Mikrolitre
g	: Gram
ng	: Nanogram
rpm	: Dakikadaki devir sayısı
%	: Yüzde
V	: Volt
DNA	: Deoksiribonükleik asit
AFLP	: Çoğaltılmış parça uzunluk polimorfizmi
RAPD	: Rastgele çoğaltılmış polimorfik DNA
PCR	: Polimeraz zincir reaksiyonu
SSR	: Basit dizi tekrarları
EST	: İşaretli ifade edilen diziler
STS	: Dizisi etiketlenmiş alanlar
SNP	: Tek nükleotid polimorfizmi
ISSR	: Basit tekrarlı diziler arası polimorfizm
MgCl ₂	: Magnezyum klorür

UPGMA	: Aritmetik Ortalamayı Kullanan Ağırlıksız Çift Grup Metodu
NJ	: Neighbour joining
PCoA	: Temel koordinatlar analizi
PIC	: Polimorfik bilgi içeriği
GD	: Genetik mesafe matrisi
dNTP	: Deoksinükleosid trifosfat
QTL	: Kantitatif karakter lokusu
n	: Haploid kromozom sayısı
x	: Kromozom seti
CTAB	: Cetyl methyl tri-ammonium bromide
NaCl	: Sodyum klorür
Et-Br	: Etidyum Bromür
EtOH	: Etil alkol
EDTA	: Ethylene di-amin tetra acetic acid
Tris	: Tris-hydroxymethyl aminomethane
TAE	: Tris asetik asit EDTA
TE	: Tris-EDTA
UV	: Ultraviyole
H ₂ O	: Su
K	: Küme sayısı
AMOVA	: Moleküler varyans analizi
NBPGR	: Ulusal Bitki Genetik Kaynakları Bürosu
IIWBR	: Hint Buğday ve Arpa Araştırma Enstitüsü
CIMMYT	: Uluslararası Mısır ve Buğday Geliştirme Merkezi
FAO	: Birleşmiş Milletler Gıda ve Tarım Örgütü

1. GENEL BİLGİLER

1.1 Giriş

Tahıllar kültüre alınan ilk bitkilerdendir ve buğdaygiller (Gramineae/Poaceae) familyasında yer almaktadırlar. Buğdayın tolerans sınırlarının geniş olması, depolama taşıma gibi özelliklerinin kolay olması ve en önemlisi ekmek yapımında kullanılabilmesinden dolayı tüm dünyada üretimi çok fazladır [1]. Ekim alanı ve üretim miktarı açısından buğday, tüm dünyada olduğu gibi ülkemizde de çok önemli bir tahıl grubudur. Hızla artış gösteren nüfus miktarı ve ekim alanlarının da günden güne azalmasından dolayı elde edilen ürün miktarı ile yeterli beslenebilmek zorlaşmaktadır. Bu sebeple her geçen gün artan besin ihtiyaçlarının karşılanabilmesi için farklı ekolojik şartlara uyum sağlayabilen ayrıca verim ve kalite özellikleri bakımından yeterli olan genotipleri belirleyebilmek önem arz etmektedir [2]. Yıllık olarak, ihtiyaç duyulan protein miktarının %50'si insan ve hayvanlar tarafından tüketilen tahıllardan sağlanmaktadır. Bu tahıllar içerisinde ise buğday, tüketilen proteinin %40'ını karşılamaktadır. Besinlerden alınan kalorinin yaklaşık %20'sine karşılık gelmektedir [3].

Buğday tarihsel süreçle birlikte bazı önemli aşamalardan geçmiştir. İlk ortaya çıktığı dönemlerde buğday ve arpa, tanelerini döken ve düzensiz çimlenen yabancı form halindeydiler. Yabancı emmer başağında, iki adet tane bulunmaktaydı. Bu tanelerden biri sonbaharda çimlenme yaşarsa diğer tane bir sonraki yıl ilkbaharda çimlenebiliyordu. Bu nedenle buğdayın kültüre alınmasında çimlenme büyük sorun oluşturmaktaydı. Sonraki yıllarda doğal mutasyonlar geçiren buğdaylar tanesini dökmeyen, düzenli çimlenen formlara dönüşmüşlerdir. Örnek vermek gerekirse; yabancı Gernik (*Triticum dicoccoides*) mutasyon veya doğal seçilimle Gernik (*Triticum dicoccum*) denilen ilkel forma evrimleşmiştir [4].

Anadolu topraklarında, insanoğlu tarafından ilk olarak tahıllar ekilmiş ve elde edilen ürünlerle beslenilmeye başlanılmıştır. Yerleşik düzenin ilk ürünlerinden olduğu kabul edilen buğday, ilk zamanlar kaynatılıp, lapa kıvamına getirilerek tüketilmektedir. Toprak kalıntılarında buldukları buğday tanelerini inceleyen Arkeobotanikçiler, siyez ve kavlca buğdaylarıyla karşılaşmışlardır. Aynı familyaya ait olan bu buğdaylar, iklim

şartlarına göre kendilerini biçimlendirmişlerdir, daha ılıman olan yerlerde siyez buğdayı, soğuk iklimde yetişen akrabası ise kavlca buğdayı olarak isimlendirilmektedir [5].

Çok eski zamanlarda kuraklık ve kıtlık yıllarında ilkel türler doğrudan doğadan toplanarak besin olarak tüketilmiştir. *Triticum monococcum* L. (Siyez) ve *Triticum dicoccum* S. (Kavlca) gibi ilkel buğday türleri uzun yıllar bu amaçla kullanılmış daha sonra üreticiler tarafından kültüre alınmıştır [6]. Bugün kullanılan ekmeklik buğdayın genetik çeşitliliği, gen içeriği, genom yapısı gibi bilgilere yabancı emmer buğdayının (*T. turgidum* ssp. *dicocoides*) genom bilgisi sayesinde ayrıntılı olarak ulaşılabilmektedir [7].

Çok hızlı büyüyen dünya nüfusuna yetebilmek için gıda üretimindeki değişme ve gelişme çalışmaları da çok hızlı olacaktır. Yapılan araştırmalara göre buğday dünyanın en önemli tahılı konumundadır ve hemen arkasından mısır gelmektedir. Buğday kültüre alınıp yetiştirildiğinden beri modern buğday kültürlerinde markör çalışmaları ilerlemiş ve kromozom bölgelerini tanımlamak, izlemek mümkün olmuştur. Bu bağlamda genetik çeşitlilik çalışmaları ve yetiştirme yöntemlerinin başarısı kritik öneme sahiptir. Çünkü bu çalışmaların başarısı dünyada açlıkla mücadele için büyük önem taşımaktadır. Buğdayda hastalık ve viral etkenlere karşı direnci arttıran genlerin entegrasyonu 'Yeşil Devrim'in temelini oluşturmuştur ve genetik çalışmaların önemini de ortaya koymuştur [8, 9].

Genellikle tetraploit buğdaylar, ekmeklik buğday için; sarı pas, kuraklığa karşı dayanıklılık ve protein oranını arttırmak amacıyla gen kaynağı olarak kullanılabilir. Hekzaploit buğdaylar ise, makarnalık buğday için; soğuğa karşı dayanıklılığı arttırmak amacıyla gen kaynağı olarak kullanılabilir [10]. Bazı karakterler (bitki boyu, başaklanma süresi, başak uzunluğu vb.) yönünden ekmeklik buğdayların oluşturduğu tüm kombinasyonlar ümitvar melezler olarak tespit edilmiştir. İlerleyen zamanlarda yapılacak ıslah araştırmalarında elde edilen tüm bilgilerin mutlaka katkı sunacağı belirtilmektedir [11].

Tarım ürünlerinin genetik havuzunun genişletilmesi açısından yabancı akrabalar önemlidir. Bu sebeple ülkemiz, buğdayın birincil ve ikincil gen havuzunda bulunan 23

yabani akrabasına (*Triticum*, *Aegilops*, *Amblyopyrum*, *Dasypyrum* vb.) ev sahipliği yapan çok önemli bir gen merkezidir [12].

Emmer buğday varyetelerinin (*Triticum dicoccum* Schrank) organik tarım açısından uygun olup olmadığını belirlemek amacıyla çeşitli araştırmalar yapılmıştır. En eski tahıllardan olan emmer buğdayı geleneksel yöntemler sayesinde uygun yerlerde yetiştirilmiştir. Günümüzde en çok yetiştirilen yerler İtalya, İspanya, Türkiye, Avustralya ve Çekya'dır. Sonuç olarak; emmer buğdayının gelecekte organik tarım açısından yeni bir iş ve geçim kaynağı sunacağı da düşünülmektedir. Organik tarım için ana parametrelerden birinin gıda maddelerinin sahip olduğu kalite olduğuna vurgu yapılarak organik tarımın sağlık açısından öneminin yanısıra, bölgelerin gelişmesi içinde önem arz ettiği düşünülmektedir [13].

DNA markörleriyle buğday genomunun haritalanması çalışmaları 1990'lı yıllarda Uluslararası Buğdaygil Haritalama Organizasyonu (International Triticeae Mapping Initiative-ITMI) girişimiyle başlamıştır [14]. *T. turgidum* ssp. *dicoccoides* buğdayından yüksek protein içeriği geni (Gpc-B1) klonlanarak dane protein içeriğini artırmak amacıyla makarnalık buğdaya aktarılmıştır. Çünkü yüksek protein için iyi bir gen kaynağı olduğu düşünülmüştür. *T. dicoccoides* türünün A ve B genomuna ait kromozomlar için yedeklenmiş hatlar geliştirilmiştir. Devam eden araştırmalar sonucunda yedeklenen hatların çok daha fazla protein ve mikro besin içerdiği tespit edilmiştir. Ayrıca dane de çinko ve demir oranı da artmıştır [15–17].

T. dicoccum türünün genetik çeşitliliği üzerine birçok çalışma yapılmıştır. Bu çalışmalarda markörlerin kaliteli ve sağlam genotipler oluşturduğu belirtilmiştir. *T.dicoccum* türünün küçük bir coğrafi alanda dahi kuvvetli bir genetik farklılaşma gösterdiği tespit edilmiştir. Bu tür için coğrafi izolasyonun sağlanması bulunduğu bölgelerde mevcut genetik çeşitliliğin korunmasında katkı sağlayacaktır. Yapılan genetik çeşitlilik çalışmaları tahıl bitkilerinin kökenlerinin araştırılmasına, elde edilen sonuçlar bu bitkilerin daha bilinçli ve yaygın olarak kullanılmasına imkan sağlamaktadır. Ayrıca yapılan genetik çalışmalar ekimi yapılan tahıl ürününün değişen iklim ve antropolojik şartlara ekolojik adaptasyonunu incelemek içinde yardımcı olmaktadır [18].

Çalışmamıza konu olan Kavılca buğdayı birçok yerel çeşitte olduğu gibi ülkemiz için önemli bir genetik kaynaktır. Bu nedenle genetik çeşitliliği, popülasyon yapısı ve genetik-coğrafi analizlerinin yapılması önem arz etmektedir. Genetik çeşitlilik analizi sonuçları kavılca buğdayının korunmasına ve yaygın kullanılmasına katkı sağlayacaktır. Kars ilinin iklimsel özellikleri nedeniyle kavılca buğdayı morfolojik olarak da bazı farklılaşmalar göstermektedir. Dolayısıyla yaptığımız genetik çalışmalar değişen ekolojik şartlara adaptasyonu incelemeye de katkı sunacaktır.

Bu çalışmada Kars yöresine ait Kavılca (*Triticum dicoccum* Schrank) bitkisinin SSR markörleri kullanılarak genotiplendirilmesi yapılmıştır. Çalışmanın hedefleri ise şu şekilde özetlenebilir. Kars yöresine özgü olan Kavılca buğdayı genotiplerinin popülasyon dinamiği analizlerini, Temel Koordinatlar Analizini (PCoA), filogenetik analizleri, genetik çeşitlilik analizini, genetik-coğrafi mesafe analizini gerçekleştirmek ve SSR markörlerinin verimliliğini test etmektir.

1.2 Buğdaygiller ve Tarımı

Tarihsel süreç boyunca birçok uygarlığa beşiklik eden Anadolu coğrafyası, canlıların beslenmesinde büyük ölçüde kullanılan bitki türlerinin kültüre alınmasında, evcilleştirilmesinde ve tüm dünyaya yayılmasında önemli roller oynamıştır. Bu bitkilerin gen merkezi konumunda olması ve bitkilerin dünya üzerine yayılmasında bir geçiş noktası konumunda bulunması nedeniyle ülkemiz çok önemli bir gen merkezidir. Ayrıca iki farklı gen merkezinin (Akdeniz ve Verimli Hilal Gen merkezleri) örtüştüğü konumda bulunması sebebi ile buğdayla birlikte, diğer önemli tarla bitkilerinin de gen merkezi konumundadır [6, 19].

Yıllardır dünya genelinde tarımı yapılan buğday, günümüzde en fazla ekim alanına (217 milyon ha), mısır ve çeltikten sonra da en fazla üretim miktarına (729 milyon ton) sahip tarla bitkisidir. Dünyada en fazla ticarete konu olan (162 milyon ton) tarımsal ürün durumundaki buğday, dünya nüfusunun temel besin ihtiyacını karşılamada kullanılan en değerli tahıl grubudur [20].

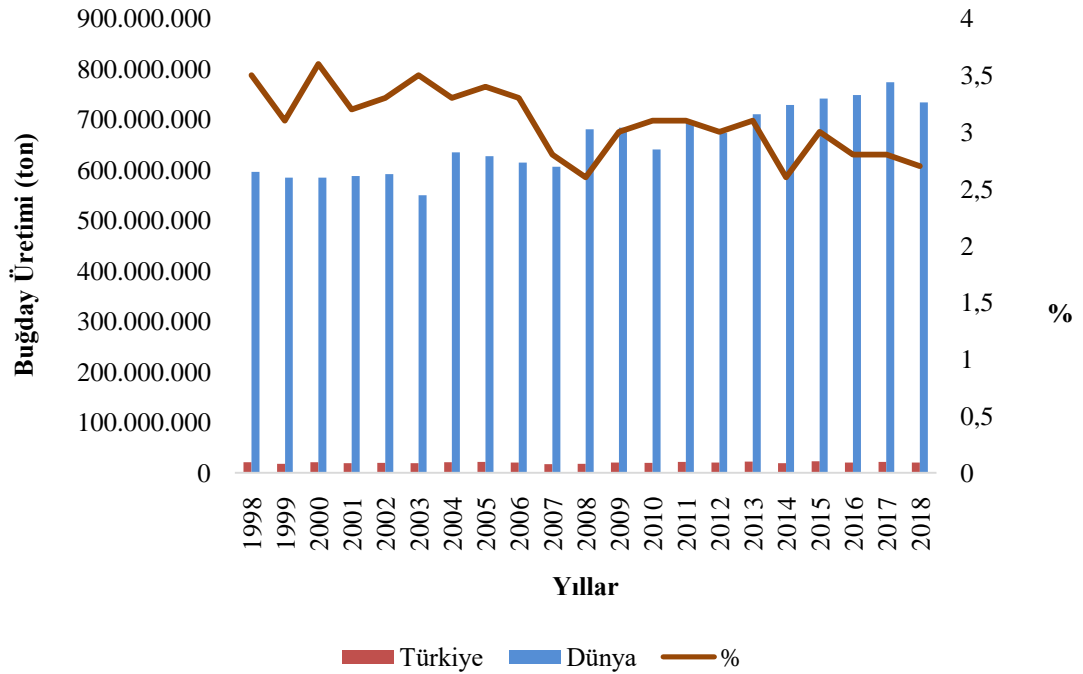
Dünyada buğdayın son derece yaygın oluşunun ve beslenme için temel besin kaynağı olarak tercih edilmesinin en önemli sebepleri arasında; tarihte ilk kültüre alınan tarla bitkisi olması, tanesinin uygun besleme değeri taşıması, beslenme açısından dengeli aminoasitler içermesi, yetiştirme, taşınma, saklanma, işlenmesindeki kolaylıklar ve geniş adaptasyon yeteneği gibi özellikleri sayılabilir. Bununla beraber *prolamin* grubu depo proteinleri (Gluten) içermesi nedeniyle, günümüzde ekmek yapımına en uygun tahıl olması ve tanesinde nötr aromatik bileşikler içermesi nedeniyle de buğday dünya genelinde beslenmede en çok tercih edilen tahıldır [21].

Uluslararası Mısır ve Buğday Geliştirme Merkezi (CIMMYT) verilerine göre, dünya genelinde 80 milyon buğday yetiştiricisi olduğu ve 2050 yılına gelindiğinde dünyada nüfusun yeterli beslenmesi için günümüzde üretilen buğdaydan % 60-70 daha fazlasının üretilmesi gerekeceği belirtilmektedir [22].

Buğday üretiminde dünyada Çin, Hindistan, Rusya ve ABD ilk sıralarda yer almaktadır [23]. Ülkemizde esasen her bölgede yetiştirilebilen buğday yaygın olarak İç Anadolu Bölgesi'nde üretilmektedir. 2018 yılı ekmeklik buğday üretiminde İç Anadolu Bölgesi % 32'lik pay ile ilk sırada yer almaktadır. Bunu %18 ile Marmara Bölgesi ve %15 ile Güneydoğu Anadolu Bölgesi izlemektedir. Üretimin en az olduğu bölgeler Doğu Anadolu ve Ege Bölgeleridir. 2018 buğday raporuna göre Türkiye'nin buğday verimi yıllar itibariyle yükselme kaydetmesine rağmen ortalaması dünya veriminin altındadır. Buğdayda verimliliği etkileyen en önemli faktör yüksek kaliteli tohum kullanımınıdır. Türkiye'nin buğday üretimi 2017 yılında 21.500.000 ton iken 2018 yılında % 6,9 azalışla 20.000.000 ton olmuştur. Birleşmiş Milletler Gıda ve Tarım Örgütü (FAO) verilerine göre 1998-2018 dönemi itibariyle, gerçekleşen Dünya ve Türkiye buğday üretimi Çizelge 1.1'de gösterilmiştir. Türkiye dünyada buğday üretiminde yaklaşık %3'lük bir paya sahiptir. Buğday üretimi bakımından Türkiye kendine yetecek düzeydedir. Ancak bazı yıllar olumsuz iklim koşullarından ve üretim ile kalitede yaşanan problemlerden dolayı talep karşılanamamakta ve ithalat yapılamamaktadır [24].

Çizelge 1.1 Türkiye ve Dünya Buğday Üretimi (Ton) [25]

Yıl	Türkiye	Dünya	%
1998	21.000.000	596.175.815	3,5
1999	18.000.000	584.763.438	3,1
2000	21.000.000	584.999.160	3,6
2001	19.000.000	588.243.664	3,2
2002	19.500.000	592.045.286	3,3
2003	19.000.000	549.974.473	3,5
2004	21.000.000	634.666.010	3,3
2005	21.500.000	627.020.836	3,4
2006	20.010.000	614.381.123	3,3
2007	17.234.000	606.595.140	2,8
2008	17.782.000	680.294.443	2,6
2009	20.600.000	683.639.171	3,0
2010	19.674.000	640.802.665	3,1
2011	21.800.000	696.898.368	3,1
2012	20.100.000	673.728.907	3,0
2013	22.050.000	710.397.103	3,1
2014	19.000.000	728.730.126	2,6
2015	22.600.000	741.643.258	3,0
2016	20.600.000	748.392.150	2,8
2017	21.500.000	773.476.524	2,8
2018	20.000.000	734.045.174	2,7



Şekil 1.1 Türkiye ve dünya buğday üretiminin yıllara göre değişimi

Tüm dünyada buğday tarımı ve verimi elbette büyük öneme sahiptir. Buğdaygiller içerisinde bazı türler ise birçok önemli özelliği bünyesinde barındırmaktadır. Bunların en önemlilerinden biri olan emmer buğdayı (*T. dicoccum*), tarımın sürdürülebilir gelişimi bakımından potansiyel ihtiva eden bir tahıl çeşididir. Buğday yetiştiricileri açısından çok elverişli avantajlara (buğday hastalıklarına direnç, kuraklığa direnç gibi) sahip olduğu belirtilmektedir. Yapılan çalışmalar emmer buğdayı tarlalarının patojen saldırısına, pas hastalığına karşı çok dirençli olduğunu göstermektedir. Bu nedenle buğday yetiştiricileri tarafından daha çok tercih edilmelidir. Ayrıca yüksek protein içeriği nedeniyle birçok yeni ürün üretimi için kullanılması gereken bir potansiyel üründür [26]. Yine emmer buğdayı yabancı otlara ve birçok stres faktörüne (örneğin düşük seviyeli azot gübreleme) karşı rekabet gücü yüksek bir türdür. Emmer buğdayı ve diğer buğdayların kıyaslandığı araştırmalarda; emmer buğdayının toprağa adaptasyon, iklimsel çevre koşullarına dayanıklılık, tahıl kalitesi ve ham protein içeriği bakımından üstün olduğu görülmektedir [27].

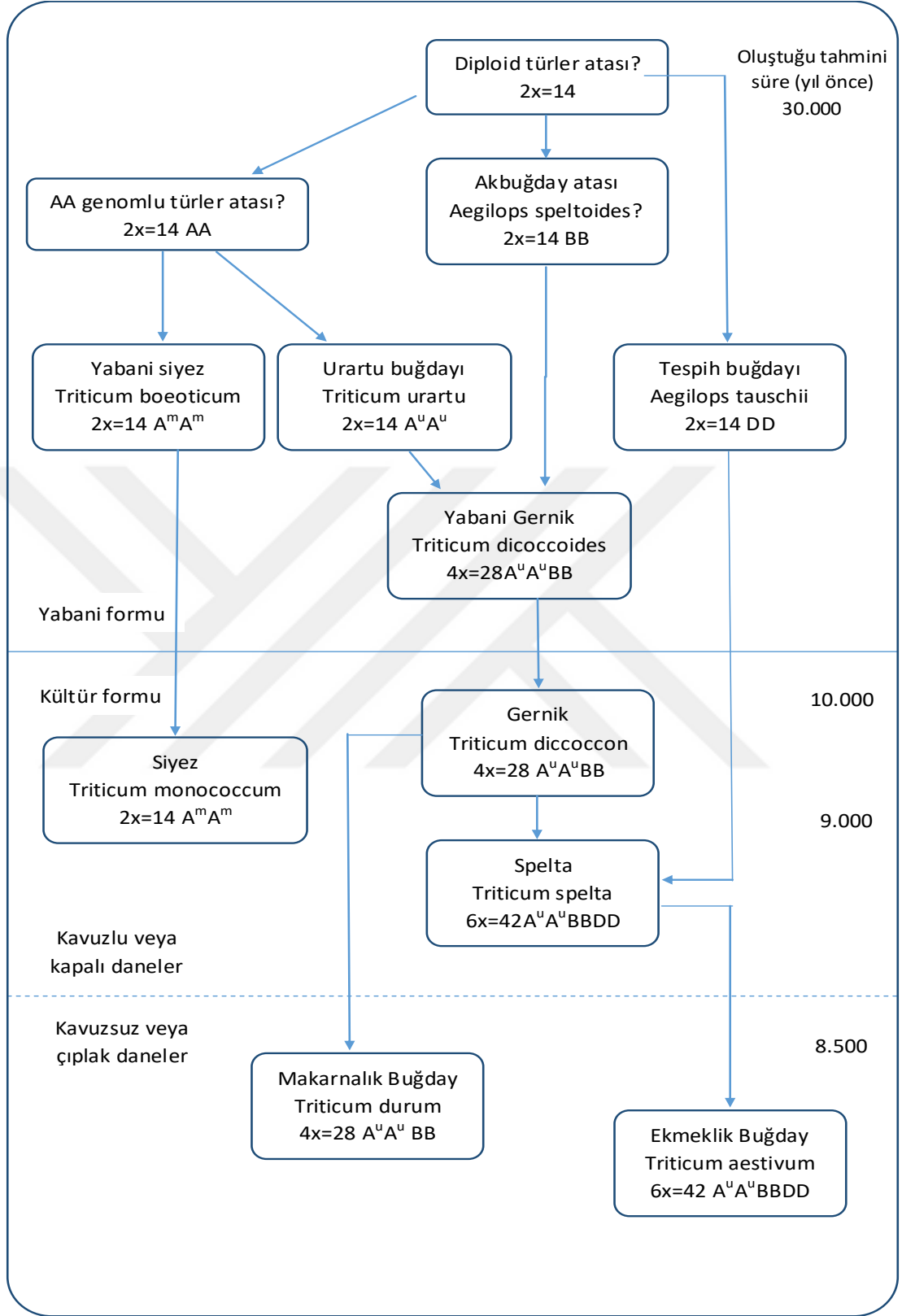
1.3 Kavılca Buğdayı'nın Evrimsel Gelişimi

Buğdayın gıda olarak ilk kez M.Ö 8-10 bin yılları arasında yetiştirildiği kabul edilmektedir. Türkiye'de yaklaşık 8000 yıldır buğday yetiştiriciliği yapılmaktadır, zamanla Türkiye buğdayın merkezlerinden biri konumuna gelmiştir. Ayrıca Türkiye buğday ekilen arazi bakımından dünyanın en büyük ülkelerinden biridir [28]. Emmer grubu buğdaylar M.Ö. 10000-4000 Bronz çağı boyunca varlığını korumuştur. Bu süreçte çıplak buğdaylar, özellikle de tetraploit türler yavaş yavaş emmeri değiştirmiştir. Kabuklu buğdaylar durum buğdayının daha verimli çeşitleriyle değişime uğramıştır. Bununla beraber, Rusya'nın güneyi gibi izole bölgelerde emmer 1900'lerin başına kadar popüler olmaya devam etmiştir. Halen de emmer, Etiyopya'da önemli bir üründür. Emmer buğdayı İtalya'da 'farro' olarak da isimlendirilen kabuklu buğday olarak anılmaktadır. Einkorn buğday kültivasyonu ise bronz çağda azalmıştır ve genellikle bulgur ya da hayvan yemi olarak diğer tahıllarla karıştırılarak kullanılmıştır. Son yıllarda ise einkorn üretimi Fransa, Hindistan, Türkiye, Yugoslavya ve İtalya'daki küçük alanlar ile sınırlıdır [29, 30].

Orta Anadolu'da orta bronz çağı boyunca (MÖ. 1900-1700) ekmeklik buğdayın, gernik ve siyezden daha fazla görüldüğü tespit edilmiştir. Ekmeklik buğdayın tanımlanması saman kalıntılarına dayanmaktadır. Einkorn buğday örnekleri orta bronz çağda oldukça yaygındır ancak emmer buğdayı örneklerine çavdar ile birlikte bronz çağı boyunca Osmanlı bitkilerinde rastlanılmaktadır [31].

Evrimsel gelişim sürecinde bitkiler, çevre şartlarının neden olduğu doğal genomik değişimlere uğramışlardır. Çevre koşulları sonucunda ortaya çıkan mutasyonlar ya da yabancı bitkilerle tozlaşma sonucunda bazı DNA modifikasyonları meydana gelebilmektedir [32, 33]. Buğday ve yem bitkilerinde diploit, tetraploit ve hekzaploitlerin oluşumu doğal olarak meydana gelen genetik değişimlere örnek verilebilir. Karşılaştırmalı genetik çalışmalar, bu değişimlerin nasıl meydana geldiğini açıklayabilmektedir. Ayrıca cins ve tür arasındaki ilişkiler hakkında bilgi vermektedir [34].

Tüm dünyanın ve Türkiye'nin de beslenmesinde önemli bir yeri bulunan buğdayın Fırat ve Dicle nehri arasında kalan "Verimli Hilal" adıyla bilinen bölgeden kaynaklandığı belirtilmektedir. Türkiye'de buğdayın yabani akrabaları, yaygın olmakla beraber en fazla Güneydoğu Anadolu Bölgesinde bulunmaktadır. Diploit buğdayın dünyada ilk kez Güneydoğu Anadolu'daki Karacadağ'da kültüre alındığı ve daha sonraları ise tüm dünyaya buradan yayıldığı kabul görmektedir. *Triticum* L. ve *Aegilops* L. cinsleri, diploit ($2n=14$), tetraploit ($4n=28$) ve hekzaploit ($6n=42$) olmak üzere 3 ploidi düzeyinde birçok türlere sahiptir (Şekil 1.2). Dünyada mevcut bulunan 27 tane yabani buğday türünden 20 tanesi Türkiye'de bulunmaktadır. Yabani buğday türleri zor çevre şartları ve ağır otlatmaya rağmen, nesillerini günümüze kadar devam ettirebilmişlerdir [35].



Şekil 1.2 Kültür buğdaylarının doğal yolla oluşum şeması (Siyez=Einkorn, Gernik=Emmer)[36]

1.4 Kavılca Buğdayının Bilimsel Sınıflandırılması

Kavılca buğdayı, Buğdaygiller (Gramineae=Poaceae) ailesinde bulunur. *Triticum* cinsi ile ilgili ilk sınıflandırma Linnaeus tarafından yapılmıştır [37]. "Species Plantarum" eserinde *Triticum* cinsini *Triticeae* grubuna dahil etmiştir ve *Triticum* cinsinin kültür formlarını kapsadığını belirtmiştir. Bu sınıflandırma bilim adamları tarafından uzun yıllar destek görmüştür.

Diğer sınıflandırmada ise Schulz buğdayları öncelikle einkorn (kaplıca), emmer (gernik) ve ekmeklik buğday (dinkel) olarak gruplandırılmıştır. Daha sonra grupları; çıplak taneli kültür formları, kavuzlu kültür formları ve yabani formlar olarak gruplandırmıştır (Çizelge 1.2) [38].

Çizelge 1.2 *Triticum* türlerinin sistematik ilişkileri [38]

	Yabani ata	Kavuzlu buğday	Kültüre alınmış buğday
Einkorn serisi	<i>T. aegilopoides</i>	<i>T. monococcum</i>	-----
Emmer serisi	<i>T. dicoccoides</i>	<i>T. dicoccon</i>	<i>T. durum</i> <i>T. turgidum</i> <i>T. polonicum</i>
Dinkel serisi	Bilinmiyor	<i>T. spelta</i>	<i>T. compactum</i> <i>T. vulgare</i>

1929'da Eig tarafından *Aegilops* ve *Triticum* cinsleri incelenmiş ve kültürü yapılamayanlar için *Aegilops* adının kullanılması önerilmiştir. Eig daha çok morfolojik karakterler üzerinde durmuştur. Tür ve varyetelerin belirlenmesinde morfolojik karakterlere ait ayrıntılı bilgiler vermiştir. *Aegilops* cinsini 22 tür ve birçok varyeteye ayırmıştır. Bunlara ilave olarak Asya kıtasına ait 21 türün 13 tanesinin Anadolu'da olduğunu tespit etmiştir [39].

1956'da Stebbins'ın yaptığı sınıflandırmada ise *Aegilops* ile *Triticum* cinslerinin *Triticum* cinsi altında sınıflandırılması gerektiği vurgulanmıştır [40].

1962'de Feldman ve Zohary *Triticum* ve *Aegilops* cinslerinin buğday grubunda olduğunu ve bugünkü poliploidlerin çevreye çok iyi uyum sağlayan formları olduklarını

açıklamışlardır. Ayrıca farklı poliploid türlerin ve ara formların Türkiye'de bulunduğunu *Aegilops*'un evrim alanının Türkiye olduğunu belirtmişlerdir [41].

1970'de Zohary, bitkisel gen kaynakları açısından yabancı buğdayların önemini belirtmiştir. *Aegilops* (22 yabancı tür) ve *Triticum* cinslerinin buğday grubunda olduğunu öne sürmüştür. Ayrıca yabancı dört gen kaynağından üçünün diploit birinin de tetraploit olduğunu belirtmiştir [42].

1994'de Van Slageren *Triticum* ve *Aegilops* cinslerinin coğrafi dağılımı ve morfolojik karakterleri üzerine çalışmalarda bulunmuştur. *Triticum* ve *Aegilops* cinslerini farklı iki cins olarak değerlendirmiştir. 22 *Aegilops* ile 4 *Triticum* türünün tanımlanabilmesi için coğrafi dağılımları ve morfolojik özellikleri ile ilgili çalışmalarda bulunmuştur [43].

Çizelge 1.3 Kavılca Buğdayının Bilimsel Sınıflandırma Basamakları

Âlem: Plantae (Bitkiler)

Şube: Angiosperms (Kapalı tohumlular)

Sınıf: Monocots (Tek çenekliler)

Takım: Poales

Familya: Poaceae (Buğdaygiller)

Cins: *Triticum*

Tür: *T. dicoccum*

1.5 Kavılca Buğdayının Besin Değeri ve Faydaları

Kavılca buğdayı diğer tahıllar gibi birçok besleyici unsuru bünyesinde barındırmaktadır. Ancak bazı özellikleri nedeniyle diğer buğday türlerinden ayrılmaktadır. Örneğin diğer birçok türe göre daha fazla tokluk hissi vermektedir. Bu da hem enerji ihtiyacı için önemli hem de kilo vermeye yardımcı bir durumdur. Buna sebep olan ise bu buğdayın içerisinde bulunan liflerin birçok türe göre daha fazla olmasıdır. Bu özelliğin bağırsak kanseri riskini engellediği belirtilmektedir [44].

Kavılca bulguru çözünebilen ve çözünemeyen lifler (fiber) bakımından oldukça zengindir. Fiber düzenli olarak tüketildiğinde bağırsak kanseri riskini engelleyen önemli bir besin elemanıdır. Bulgurda bulunan lifler, içerisinde bulunan selüloz, pektin gibi yapılarla vücutta dengeleyici etki göstermektedir. Suda çözünebilen lifler, kan şekerini kontrol ederek kolesterolü düşürücü etki göstermektedir. Klasik bulgur bol miktarda gluten proteini içermesine rağmen, kavılca bulguru düşük gluten içermektedir [45]. Gluten varlığının bazı bireylerde ortaya çıkardığı önemli rahatsızlıklar bulunmaktadır. Bunlardan en önemlisi, gluten içeren gıdalarla beslenme sonucunda ince bağırsağın yapısının bozulmasıyla ortaya çıkan çölyak hastalığıdır. Çölyak, genetik yatkınlığı olan bireylerde gluten ihtiva eden buğday, arpa, çavdar gibi gıdaların tüketilmesi ile ortaya çıkan kronik bağışıklık sistemi bozukluğudur. Bilinen tek tedavisi glutensiz diyet uygulamak yoluyla, ileride oluşabilecek tıbbi komplikasyonları önlemektir [46]. Bu nedenle düşük gluten içeren kavılca beslenme açısından önemli bir buğday türüdür.

Yapılan araştırmalar, *T. dicoccum* unundan kaliteli bir somun ekmeği üretilebildiği, *T. dicoccum* buğdayının tam tahıl unundan yapılan ekmeklerin *Triticale* veya çavdar ekmeklerine göre yoğun tekstür ve hafif bir tat'a sahip olduğu görülmüştür [47].

Karbonhidrat değeri düşük olan kavılcanın protein değeri oldukça yüksektir. İçerisinde B1 ve B6 vitamini bulundurur. Ayrıca bu buğdayın içerisinde bulunan lifler kan şekerinin yükselmesini engelleyerek kötü kolesterolü düşürücü bir etki göstermektedir. Oluşabilecek kansızlık rahatsızlığına karşı düzenli tüketilmesi faydalı bir olacaktır. İçerisinde bulunan mineral ve vitaminler sayesinde bağırsakların düzenli bir şekilde çalışmasına katkı sağladığı belirtilmektedir. Bağışıklık sistemini güçlendirdiği, kemik erimesi ve kalp hastalıklarına karşı etkili bir koruma sağladığı düşünülmektedir. Diyabet oluşma riskini azaltmakta ve kan şekerinin ani yükselmesine engel olarak vücudun insülin salgılanmasına katkı sağlamaktadır. Demir minerali bakımından oldukça zengin olan kavılcanın vücuda bol miktarda enerji verdiği belirtilmektedir [44].

Araştırmalar, bazı emmer buğdaylarının einkorn ve durum buğdaylarına göre mikroelementler bakımından çok daha zengin olduğunu göstermektedir. Emmer buğday hatlarının ortalama Fe, Zn, Cu, Mn ve Se konsantrasyonları sırasıyla şu şekildedir; 41.72, 17.06, 2.85, 18.11, 0.05 mg/kg. Ayrıca önemli vitaminlerden A, B1, B2, B5 ve B6 vitaminlerinin konsantrasyonları emmer buğdayında ölçülmüş ve sırasıyla şu şekilde

tespit edilmiştir; 65.48 µg/kg, 4.22 mg/kg, 0.36 mg/kg, 3.60 mg/kg, 2.06 mg/kg. Bunlara ilaveten A ve B vitamin kompleksleri ve mikrobeyinler bakımından Emmer buğdayları durum ve einkorn buğdaylarına göre çok daha üstündür [48]. Yabani emmer buğdayı (*T. dicoccoides*) yüksek konsantrasyonda Zn ve Fe içermektedir ve modern kültür buğdaylarındaki mikro besinlerin konsantrasyonlarını arttırmak için potansiyel genetik kaynaklardır [49].

Kavılca buğdayı özellikle son yıllarda organik tarıma ilginin artması nedeniyle popüler duruma gelmeye başlamıştır. Yapılan çalışmalarda dünyanın bazı bölgelerinde çok daha iyi tat, doku ve lezzet sebebiyle *T. dicoccum* buğdayı ile hazırlanan geleneksel yiyecekler çok ilgi görmektedir. Birçok çalışma, yüksek antioksidan bileşik içeriğine sahip olduğunu, biyoaktif bileşikler bakımından zengin olduğunu ve nişastasının yavaş sindirilebilirliği özelliğine sahip olduğunu belirtmektedir. Bu nedenle *dicoccum* buğdayı ile hazırlanan gıdalar hipoglisemik olarak nitelendirilmektedir. Ayrıca diyabet ve çölyak hastalığının iyileştirilmesinde katkısı olabilecek yararları ile ilgili bilgilendirme çalışmaları yapılmaktadır. Ancak beslenme üzerine klinik çalışmalar ve sağlığa yararları hakkındaki araştırmalar henüz sınırlı sayıdadır. Bu nedenle *T. dicoccum*, üzerinde daha fazla araştırma yapılması gereken bir türdür [50].

Çizelge 1.4 Kavılca Buğdayının Besin Değeri (/100gr) [44]

İçerik	Değeri	İçerik	Değeri
Enerji	350-479kcal	B12 Vitamini	0,091 IU
Kül	1,70 g	K2 Vitamini	1,23 IU
Protein	14-25 g	Folik Asit	26 IU
Karbonhidrat	64,92 g	Çinko	5,32 mg
Diyet lif	9,72 g	Demir	4,21 mg
Yağ	1,78g	Fosfor	159,7 mg
E Vitamini	0,09 mg	Kalsiyum	32,26 mg
B1 Vitamini	0,25 mg	Magnezyum	93,51 mg
B2 Vitamini	0,026 mg	Potasyum	403,5 mg
Niasin	4,21 mg	Sodyum	3,41 mg
B5 Vitamini	0,208 mg	Selenyum	11,5 IU
B6 Vitamini	0,41 mg	Ham lif	% 0,90
B7 Vitamini	1,66 IU	Nişasta	% 56,69

1.6 Ülkemizdeki Yerel Çeşitler ve Kavılca Tarımı

Son yıllarda yapılan çalışmalara göre yerel buğday çeşitlerinin ekim alanları giderek daralmaktadır. Ekilen yerel buğdayların ne kadarlık bir alanı kapsadığına dair net istatistiki bilgi yayınlanmamasına rağmen en çok yetiştirilen yerel buğdaylar belirlenmiştir. Ülkemizde yetiştirilen yerel buğdaylardan en fazla ekim alanı bulunanlar şu şekilde sıralanılır; Zerun, Ak Buğday, Kırmızı Buğday, Sarı Buğday, Karakılçık, Kırık, Siyez, Koca Buğday, Toptaş [28]. Bu sıralamada yer bulan siyezin yakın akrabası olan kavılca, Anadolu'da asırlardır yetişen ve nesli tükenmekte olan antik bir buğday türüdür. Kars yöresinde Kavılca, Kabluca, Yaban Buğdayı olarak da adlandırılmaktadır [5]. Buğdayın atalarından biri olan bu çeşit, modern buğday türlerinden farklı birçok özelliğe sahiptir. Bol lifli, yüksek proteinli ama düşük glutenlidir. Yerel buğday çeşitlerinin en önemli özelliklerinden biri gluten miktarının modern çeşitlere göre farklı olmasıdır [51].

Kars ilinin genel yapısı itibariyle tarımsal arazileri yüksek rakımdadır. Ayrıca mevsimsel ve gece-gündüz ısı farklılıkları yüksektir. Bitki yetiştirme periyodunun kısa olması ve ekolojik yapının da uygun olmayışı sebebiyle tarımda ürün çeşitliliği az olduğu gibi, ilde kuru tarım sistemi hakimdir. Bitkisel üretim büyük oranda tahıllar üzerinde yoğunlaşmıştır. Kars genelinde hububat olarak sadece arpa ve buğday üretilmekte olup, diğerleri yok denecek kadar azdır [52, 53].

Kars'a özgü yerel bir genetik kaynak olan kavılca buğdayı emmer grubu buğdaylar içerisinde değerlendirilmektedir. Kavılca buğdayı soğuk iklime uyum sağlamak için hem tohumu çevreleyen kabuk sayısını artırmış, hem de başağındaki çatallarını daha da kalınlaştırmıştır [54]. Emmer (*T. dicoccum*) ve einkorn (*T. monococcum*) çeşidi buğdaylara Anadolu'nun en eski yerleşimlerinden Çayönü'nde de rastlanmıştır. Kastamonu'nun meşhur siyezi ile birlikte Kars'ın kavılcası da işte bu antik buğday grubu içerisinde yer almaktadır [5].

Kars yöresinde yerel tohumlar ve şifali köy ürünleri modern tarım uygulamaları sonucunda yok olmaya yönelmiştir. Anadolu'nun ürünlerini yaşatmak için kurulmuş olan Türk-Amerikan Derneği Anatolia Foundation desteğiyle, 2006 yılından beri proje köylerinde nesli tükenmekte olan yerel tahıl ve tohum çeşitleri geri getirilerek, organik

tarım yöntemleriyle çoğaltılmaktadır. 2007 yılında yerelde kurulan Yer Gök Anadolu Derneği (2007-2010) üzerinden Birleşmiş Milletler'den (GEF Küçük Destek Programı-SGP) bir yıllık ek bir destek alınmıştır. Projeye bu süreç dahilinde 450'ye yakın çiftçi ailesi katılmıştır. Bugün proje, sürdürülebilirlik için kurulan köy dernekleri ve uzman kişiler önderliğinde devam etmekte, ürünlerin ekimi, hasadı, paketlenmesi ve pazara sunulmasıyla ilgili altyapı geliştirilmektedir. Köy halkının önemseydiği fakat az miktarda ekilen Kavılca projede korumaya alınan en önemli ürünlerdendir [55].

Yerel çeşitler, doğal popülasyon olmaları sebebiyle modern buğdaylara göre çevre koşullarına, hastalık ve zararlılara karşı daha dayanıklıdır. Türkiye'de yamaçlarda, kayalık alanlarda; diğer ürünlerin/modern buğday çeşitlerinin yetişemeyeceği arazilerde yetişmektedir [6]. Farklı coğrafik şartlara adapte olarak gelişebilen bitki genetik kaynaklarının, yabancı ve yerel formları genetik mirasın devamlılığı için oldukça değerlidirler. Bu nedenle bu genetik kaynakların doğru yöntemlerle kullanılması gerekmektedir [56].

Dicoccum buğdayının uyum yeteneği araştırıldığında çeşitlerinin tüm kantitatif karakterler için özel ve genel uyum yeteneklerinin son derece yüksek olduğu tespit edilmiştir [57]. Emmer buğdayının abiyotik ve biyotik streslere karşı toleranslı olduğu, hastalıklara karşı oldukça dayanıklı olduğu ve zor coğrafi alanlara uygunluk gösterdiği tespit edilmiştir. Bu nedenle de sadece lezzetinden ve içerik olarak faydalı olmasından dolayı değil birçok olumsuz duruma karşı dayanıklı olmasından dolayı da buğday ıslahında tercih edilmektedir [58].

1.7 Kavılca Buğdayının Genetiği

Triticum cinsi bünyesinde yaklaşık 300 tür bulunmaktadır. Kültürü yapılan buğday ve diğer buğday türleri de *Triticum* cinsi ve Poacea ailesi içinde yer almaktadır [59].

Ekmeklik buğday yaklaşık 16.000 Mb genom büyüklüğü ile tahıllar arasında en büyük genoma sahiptir. Bu değer pirincin 40 katı, mısır genomunun da yaklaşık 8 katı büyüklüğündedir. Kromozom segmentlerindeki duplikasyonlar ve poliploidi

mekanizmaları tahıllarda genom büyüklüğünün oluşumunda kritik rol oynamaktadır. Tahıllar içerisinde yer alan buğday en genç poliploid bitkidir [60].

Tahıl türleri takriben 13 milyon yıl öncesinde bir atasal tür iken tarihi süreç içerisinde doğal mutasyonlar ve çevresel etkileşimlerden dolayı birbirinden ayrılmaya başlamışlardır. *Triticum monococcum* ve *Triticum urartu* (diploit) günümüzden yaklaşık 0.5-1 milyon yıl önce birbirinden ayrılarak iki farklı tür şeklinde yeryüzünde yer bulmuşlardır. Tetraploit olan, AABB ve AAGG genom yapısına sahip *Triticum turgidum* ve *Triticum timopheevii* buğday türlerinin bazı morfolojik ve genetik araştırmalar neticesinde *T. monococcum* ve *T.urartu* türlerinin birbirinden ayrışmasından sonra ortaya çıktığı belirtilmiştir [59, 61].

T. turgidum dicocoides (Emmerin yabani atası) 1873 tarihinde Suriyenin güneyinde Kornicke tarafından keşfedilmiştir. Lübnan, Ürdün, İsrail ve Suriye'de 1910'da Aaronsohn tarafından tekrardan keşfedildiği belirtilmektedir. Tüm bu buluşlar Candolle'nin 1886'da belirttiği, buğday kültürasyonu Fırat Nehri havzasında başlamıştır önerisinin doğruluğunu ispatlamıştır [62].

Triticum urartu (Yabani diploit buğday, $2n=14$, AuAu) ve *Aegilops speltoides* (yabani çim bitkisi, $2n=14$, BB) yaklaşık 30-50 bin yıl önce doğal olarak melezlenmiş ve kromozomları katlanarak *T. dicocoides* (yabani Emmer, $4n=28$, AuAuBB) meydana gelmiştir. Einkorn ve Emmer buğdayların genetik ilişkilerinin araştırılması neticesinde, bu buğday türlerinin gen merkezinin ülkemizin Güney Doğu Anadolu Bölgesi (Diyarbakır-Karacadağ yöresi) olduğu tespit edilmiştir. Bu türler Verimli Hilal bölgesinde doğal olarak yetişmektedir. *T. dicocoides* türünden yapılan doğal-yapay seleksiyonlar sonucu *T. dicocum* (kültür Gernik buğdayı $4n=28$ ve AuAuBB) kültüre alınmıştır [51, 62].

T. dicocum S. (Kavılca Buğdayı), iki taneli soyulmuş buğday olarak bilinmektedir. İki taneli buğdaylar tetraploit ve hekzaploit türleri temsil etmektedirler. Tetraploit buğdaylarda somatik kromozom sayısı $2n=4x=28$ 'dir. Tetraploit gruptaki yabani formlardan bir tanesi *T. dicocoides*'dir ve AABB genomlarını taşır. *T. dicocum* ise grubun kavuzlu kültür formudur. *T. dicocum*, modern makarnalık buğdayın atası olarak kabul görmektedir [63].

Türkiye yabani buğday türlerinin (*Aegilops sp.*) genetik çeşitlilik merkezidir. Ülkemizin çoğu bölgesinde rastlayabileceğimiz yabani buğday türleri, buğdayın ıslahı, evrimi ile ilgili araştırmalarda kullanılmaktadır. Ayrıca günümüzdeki makarnalık ve ekmeklik buğdayların kalitelerinin artırılması için yapılan genetik ıslah çalışmalarında da büyük önem arz etmektedir [51].

Kavılca buğdayı diğer bir adıyla Gernik Avrupa'da emmer diye anılmaktadır. Siyeze yakın akraba olan *Triticum urartu* (yabani kırmızı siyez) ile *Aegilops* (keçiotu) cinsinden bir otun melezlenmesi ile ortaya çıktığı belirtilmektedir [36].

Ülkemizdeki buğdayların yabani ve akraba formları gerek seleksiyon çalışmaları gerekse kendi aralarındaki doğal melezlemeler neticesinde ilk olarak kavuzlu kültür formlarını oluşturmuştur. Sonradan ise çıplak taneli kültür formları meydana gelmiştir. Bu türlerin melezlenmesinde ve kromozom sayılarının değişmesinde yani günümüzde bulunan kültür çeşitlerinin temelinde insan eliyle yapılan bir müdahalenin söz konusu olmadığı belirtilmektedir. Oluşan kromozom farklılıkları ve meydana gelen melezlemeler ile katlanmalar binlerce yıl devam eden doğal etkileşimlerin sonucunda doğal yollarla oluşmuştur. Tabii ki günümüzde ve yakın geçmişte yapılan buğday ıslah çalışmalarında aynı tür içerisinde yer alan çeşitlerin birbiriyle melezlenmesi ile yeni çeşitler geliştirilmiştir. İhtiyaç duyulduğunda akraba türlerle yapılan doğal ve yapay melezleme yöntemleri kullanılarak yeni çeşitler de geliştirilebilmektedir. Ancak, günümüzde transgenik (başka organizmalardan gen aktarılmış) ticari buğday çeşidinin yetiştiriciliği dünya genelinde ve ülkemizde yapılmamaktadır [64].

Günümüzde, dünyada yaygın şekilde kültürü yapılan makarnalık ve ekmeklik buğdayların meydana gelmesinde ve kültüre alınmasında yabani tetraploit buğday türü olan *T. dicoccoides* önemli rol üstlenmiştir. Çünkü bu tür her iki buğday kültür türlerinin evcilleştirilmesinde ve kültüre alınmasında ana rolü oynamıştır. Netice olarak, bugün dünyada yaygın şekilde yetiştirilen ekmeklik ve makarnalık buğdaylar *T. dicoccoides*'ten gen/genom (BB genomu) almıştır. *T. dicoccoides* çeşitlenme sonucu diğer tetraploit buğday alt türlerini ortaya çıkarmış ayrıca *T. dicoccoides* heksaploit türlere genom (AABB) sağlamıştır. Özet olarak, *T. dicoccoides* buğdayın kültüre alınma sürecinde çok önemli bir yere sahiptir [65].

Dünya üzerinde yetiştiriciliği yapılanlar ile yabancı buğday tür ve alt türleri Çizelge 1.5’de verilmiştir. Çizelgede görüldüğü gibi *Triticum* cinsi içerisinde temel olarak 6 tür bulunmaktadır. Bu türlere ait 17 alt-tür yer almaktadır ve bu alt türlerden 3 tanesi yabancı, 14 tanesi de kültür formudur. *Triticum urartu* ($2n=2x=14$, A^uA^u) sadece yabancı form olarak bulunurken, *Triticum aestivum* ($6n=6x=42$, A^uA^uBBDD) ve *Triticum zhukovskyi* L. ($6n=6x=42$, $A^m A^m A^u A^u GG$) türleri ise sadece kültür formları olarak bulunmaktadır [59].

Çizelge 1.5 Dünya üzerinde yetiştiriciliği yapılan ile yabancı buğday tür ve alt türleri, ploidi düzeyleri, kromozom sayıları, genom formülleri ve bilinen isimleri [59]

Ploidi düzeyi ve kromozom sayısı	Tür ve alt türler	Genom formülü	Bilinen isimleri başlıca isimler
Diploit buğdaylar $2n=14$	<i>Triticum monococcum</i> L.	AA	Kaplıca, Siyez
	-subsp. <i>aegilopoides</i> (<i>boeoticum</i>)		Yabancı Einkorn
	-subsp. <i>monococcum</i>		Kültür Einkorn (Siyez buğdayı)
	<i>Triticum urartu</i>	AA	Yabancı Urartu buğdayı
Tetraploit buğdaylar $4n=28$ (MAKARNALIK)	<i>Triticum turgidum</i> L.	AABB	Gernik, Çatal Siyez
	-subsp. <i>dicoccoides</i>		Yabancı Emmer (Gernik) buğdayı
	-subsp. <i>dicoccon</i>		Kültür Emmer (Gernik) buğdayı
	-subsp. <i>durum</i>		Makarnalık buğday
	-subsp. <i>polonicum</i>		Polanya buğdayı (Turna gagası)
	-subsp. <i>turanicum</i>		Horasan buğdayı
	-subsp. <i>turgidum</i>		Kaba tahıl (buğday)
	-subsp. <i>carthlicum</i> (<i>persicum</i>)		Pers (İran) buğdayı
	-subsp. <i>paleocolchicum</i>		Gürcü buğdayı
	<i>Triticum timopheevii</i>	AAGG	Rus buğdayı
	-subsp. <i>armenicum</i> (<i>araraticum</i>)		Yabancı timophevi
	-subsp. <i>timopheevii</i>		Kültür timophevi
Hekzaploit buğdaylar $6n=42$ (EKMEKLİK)	<i>Triticum aestivum</i> L.	AABBDD	Ekmeklik buğday
	-subsp. <i>aestivum</i>		Ekmeklik buğday
	-subsp. <i>compactum</i>		Topbaş buğday
	-subsp. <i>sphaerococcum</i>		Cüce buğday
	-subsp. <i>macha</i>		Maha buğdayı
	-subsp. <i>spelta</i>		Spelt buğdayı
	<i>Triticum zhukovskyi</i> L.	AAAAGG	Zhukovski buğdayı

1.8 Buğdaygillerde Moleküler Markör Teknolojileri

Genetik çeşitliliği değerlendirmek amacıyla son yıllarda birçok genetik markörün kullanıldığı bilinmektedir. Moleküler markörler, genomda bir gen ya da gen bölgesine ilişkin DNA parçası olarak tanımlanmaktadır [66]. Genetik markörler, canlılar arasındaki polimorfik özelliğe sahip olan DNA bazlarını ya da dizilerini ortaya çıkarmak amacıyla kullanılan referans baz ya da nükleotit dizileri olarak kabul edilmektedir. Bu dizilerin en önemli özelliği polimorfik olmalarının yanı sıra kaliteli genotip üretebilme yeteneğine sahip olmaları ve düşük maliyete gereksinim göstermeleridir. Ayrıca genomda fazla miktarda bulunabilmeleridir [67]. Bütün bir genomun analiz edilebileceği DNA'yı elde etmek için, herhangi bir kısımdan alınan az miktarda doku parçası DNA eldesi için yeterli olmaktadır [68].

Moleküler markörler, gözlenebilir karakterlere dayanan morfolojik markörlere ve temeli proteine dayanan biyokimyasal markörlere göre oldukça güvenilirdir. Sayıları fazladır, çevreden etkilenmezler, bitki gelişiminin herhangi bir evresinde kolayca gözlenebilirler ve lokuslar arası interaksiyon oluşmamaktadır. Bu nedenlerle DNA markörleri ıslah çalışmalarında bitki materyallerinin seleksiyonu için en iyi araçtır [69].

DNA temelli moleküler markörler taksonomi, fizyoloji, embriyoloji, genetik mühendisliği vb. alanlarda kullanılan çok yönlü araçlardır [70]. Polimeraz Zincir Reaksiyonun (PZR) bulunmasından sonra DNA markörleri kullanılarak gen etiketleme, genetik haritalama, harita temelli olarak tarımsal açıdan önemli genlerin belirlenmesi, genetik çeşitlilik çalışmaları, filogenetik analizler, markörler yardımıyla seleksiyon (MAS) çalışmaları kolaylaşmıştır [71].

Moleküler markör teknikleri tahıllar başta olmak üzere birçok bitki türünde genotip tanımlamak amacıyla tercih edilmektedir [72]. Buğdayda tür ya da popülasyon düzeyinde, belli lokuslardaki farklılıkların saptanması için moleküler markörler kullanılmaktadır. Bu araçlar yüksek derecede polimorfizm görülmesine olanak sağlayarak farklılıkların saptanmasını mümkün kılmaktadırlar. Bu yöntemlerde esas, nükleotit sıralaması bilinen bir DNA parçasının (PZR) ile çoğaltılmasıdır [73].

Buğdayda kullanılan moleküler markör teknikleri: Hibridizasyon temelli teknikler; RFLP (Restriksiyon Parça Uzunluğu Polimorfizmi) [74], PZR temelli teknikler; RAPD

(Rastgele ođaltılmıř Polimorfik DNA) [75], AFLP (ođaltılmıř Para Uzunluđu Polimorfizmi) [76], SSR (Basit Dizi Tekrarları) [77], STS (Dizisi Etiketlenmiř Alanlar) [78], SNP (Tek Nkleotid Farklılıkları) [79] řeklinde sıralanabilir. Bu markrlerden RFLP tekniđi gnmzde ok fazla tercih edilmemektedir. Nedeni; radyoaktif madde kullanılması, pahalı ve zaman alıcı olması ayrıca ok miktarda DNA gerektirmesidir [80].

Son yıllarda DNA Dizi ve ip teknolojisi kullanılan molekler markr teknikleri dikkat ekmektedir. Bu teknolojiye dayanan, genomda tek nkleotit deđiřimi olarak bilinen SNP yntemi gnmzde sık kullanılan molekler markr tekniđidir. Diđer yntemlerle belirlenemeyen gizli polimorfizmleri tespit edebilmesi ve genomda ok miktarda bulunması ayrıca dřk mutasyon dzeyine sahip olması ile genetik alıřmalarda tercih edilmektedir [81].

Molekler markr tekniklerini birbirleriyle kıyasladığımızda avantajlı ve dezavantajlı ynleri olduđunu grebiliriz. Bu ynler birok kaynakta ayrıntılı olarak tartıřılmıřtır [82, 83]. Fakat son yıllarda yksek polimorfizm dzeyinden dolayı SSR ve SNP tekniklerinin ok yaygın kullanıldığını grmekteyiz. Bununla birlikte gnmzde tahıllarda markr kullanımına bakıldığında SNP markrnn kullanımı diđer tekniklere gre daha azdır. nk tahıllarda ploidi dzeyi yksektir. Olduka polimorfik olan SSR markrleri daha fazla tercih edilmektedir [84].

Buđdayda genetik eřitlilik analizlerinin yapıldığı alıřmalarda; RAPD, RFLP, AFLP ve SSR markrleri karřılařtırılmıřtır, elde edilen sonulara gre AFLP ile SSR markrlerinin, ortaya ıkan polimorfizm deđerlerine gre en etkili markrler olduđu saptanmıřtır. Buna ilave olarak AFLP'lerin pahalı olması nedeniyle SSR markrlerin daha avantajlı ve kullanıřlı olduđu belirtilmektedir [85].

Son yıllarda yaygın olarak kullanılan EST (İřaretili İfade Edilen Diziler)'ler farklı mRNA'ların hepsine ya da belli bir kısmına karřılık gelen tamamlayıcı DNA (cDNA) klonlarının dizi analizi sonucu oluřturulmuř markr tekniđidir. cDNA klonlarının rastgele dizi analizi olarak da bilinmektedir. EST'ler haritalama arařtırmalarında kullanıldıkları gibi SSR'ların belirlenmesi iin de kullanılmaktadırlar [86].

Basit dizi tekrarları (SSR-Simple Sequence Repeats) olarak da bilinen mikrosatellitler, DNA dizilerinde tekrar edilen en kk birimleridir ve tekrar motifleri 1–6 b arasında

değişmektedir. Mikrosatellitleri çevreleyen bölgelerin dizileri (flanking region) biliniyorsa o bölgelere uygun primerler tasarlanarak (genelde 20–25 bç uzunluğunda) PCR ile çoğaltımı yapılabilir. Bunun yanısıra, akraba türler arası SSR primerleri farklı canlılarda kullanılabilir. DNA replikasyonu sırasında meydana gelen dizi atlama, yanlış baz eşleşmeleri ve eşit olmayan crossing-over olayları mikrosatellit sayılarının farklılığına neden olan temel olaylardır ve jel elektroforeziyle belirlenebilir [87, 88].

SSR'lar az DNA gerektirmesi, kararlı olması, tekrarlanabilir ve otomasyona uygun olması, yüksek polimorfizm barındırmasından dolayı gen haritalama çalışmalarında etkin olarak kullanılabilir [89]. Ayrıca bu markör sistemleri filogenetik akrabalıkları ve genetik çeşitliliği değerlendirmek için farklı moleküler markörler arasından seçilebilecek en uygun sistemlerden birisidir [90, 91]. PZR teknolojisinin olmadığı zamanlarda birçok markör sistemi tercih edilirken, PZR teknolojisi ile birlikte SSR'lar en çok tercih edilen ve kullanılan markör olmuştur [92].

SSR markörlerin bitkilerdeki polimorfik durumu ve frekansı ile ilgili ilk incelemeler 1992'de gerçekleştirilmiştir. Yapılan araştırmalar sonucunda SSR'ların bitkilerde polimorfizme ilaveten bol ve geniş dağılıma da sahip olduğu ortaya konmuştur [93]. Yapılan çoğu araştırmada, birçok bitki türünde SSR'ların aydınlatıcılığı yüksek bir markör olduğu ispatlanmıştır [94, 95].

Genomik SSR'lar buğdayda, genetik çeşitlilik analizleri gen etiketlemeleri ve genomik haritalama amacıyla kullanılabilir [96, 97]. Buğday çeşitleri arasındaki genetik ilişkilerin belirlendiği birçok çalışmada, SSR'ların genetik kaynakların varyasyonunu belirlemede gen bankaları tarafından kullanılabilir oldukça faydalı araçlar olduğu ortaya konmuştur [98].

1.9 Literatür Çalışmaları

Günümüze kadar konuyla ilgili pek çok çalışma yapılmıştır. Bu çalışmalar daha çok buğdayın kökenini ve evrimsel sürecini, besin değerini ve kullanılan hatların genetik

çeşitliliğini belirlemeye yönelik markör sistemli genotiplendirme çalışmaları olarak karşımıza çıkmaktadır.

Yapılan araştırmalara göre buğday, ülkemizde en fazla ekim alanına (7.8 milyon ha) ve üretim miktarına (22.6 milyon ton) sahip tarla bitkisi durumundadır. Buğday ekim alanlarının, toplam tarım alanları içerisindeki oranı % 20 olarak belirtilirken, tarla tarımı içerisinde ki oranı ise % 40 olarak belirtilmektedir. Her yıl nadasa bırakılan alanları da hesap edersek bu oran % 60'tır. Türkiyede günlük tüketilen kaloringin % 36'sı buğday ve buğday ürünlerinden karşılanmaktadır [99].

Yabani emmer buğdayı *T. dicoccoides* türünün buğdayın kültüre alınma sürecindeki öneminin araştırıldığı bir çalışmada, dünyada buğday üretiminin % 95'ni heksaploit ekmeklik buğday, %5'ini ise tetraploit durum buğdayının oluşturduğu belirtilmektedir. Yabani emmer buğdayı ekili buğdayların öncüsüdür ve buğdayın kültüre alınmasında temel rol oynamıştır. Buğdayın kültüre alınması, gıda üretimini arttırmıştır ve paralelinde kalkınmaya da olumlu etkisi olmuştur. Yabani *T. dicoccoides* genotiplerinde protein oranı %13.9-28.9 iken yerli olanlarda %8-15 oranında protein bulunduğu belirtilmiştir. Zaten genel olarak buğdayın, tahıl grubu arasında en yüksek protein içeriğine sahip tahıl cinsi olduğu da vurgulanmaktadır. Çalışmada özellikle son yıllarda markör kullanımının artmasıyla tahıl genomunun, genom diziliminin detaylı olarak ortaya konduğu belirtilmektedir. Buğday genomunun %85'i tekrar dizilerinden oluşmaktadır. Diploit yabani buğday *T. urartu* veya *Ae. tauschii* veya heksaploit ekmeklik buğday *T. aestivum* türleri, kültüre alma faktörlerinin ve diğer ilgili genlerin izolasyonunda yardımcı olabilecek türlerdir. *T. dicoccoides* türünün çevresel streslere karşı toleransı da ekmeklik buğdayın iyileştirilmesi için önem taşımaktadır. Ayrıca *T. dicoccoides* ve diğer akraba türler arasındaki rastgele olmayan adaptif süreçler ve kompleksler, tek genler, QTL'ler ve etkileşen biyokimyasal ağların buğdayın ıslah çalışmaları için temel sağlayabileceği belirtilmektedir [65].

Yabani buğdayın evrimleşme süreci ve tetraploit buğdayın evriminin araştırıldığı çalışmalarda, Emmer (Gernik) olarak bilinen *T. dicoccoides* alt türünün avlayıcı ve toplayıcı insanlar tarafından takriben 19.000 yıl öncesinde kullanıldığı ve Kızıl Deniz çevresinde bu durumu ispatlayan tarihi kalıntılara rastlanıldığı belirtilmiştir. Bazı kültüre alma çalışmaları genetik kayıt altında olmayabilir çünkü kültürler kaybolmuş

olabilir. Günümüzdeki popülasyonlar geçmiştekilerin ancak bir kısmını temsil etmektedir. Daha sonraları yapılan moleküler çalışmalar ise yabani emmerin yaklaşık 300.000 ile 500.000 yıl önce oluştuğunu göstermektedir. Yabani habitatlar insan etkisiyle azaltılmıştır. özellikle tarımın başladığı yoksul bölgelerde bu durum daha da güçlüdür. Evcilleştirilmiş emmerin ortaya çıkmasından yaklaşık 9000 yıl sonra çıplak taneli türler ortaya çıkmıştır. Kültüre alınmış olan tetraploit buğdayın tek genotipten ziyade polimorfik popülasyonlar olarak geliştiği belirtilmektedir. Bu özellik ise geniş biyotik ve abiyotik stresleri tolere etme imkanı ve zor şartlarda yetiştirme olanağı sağlamıştır. Sonuç olarak uzun yıllar yabani ve kültür genotip karışımlarının ekilmesi çok sayıda melezleşmeyi ve evcil genlerin yabani genotiplere transferini kolaylaştırmıştır. Hibridizasyon, genetik sürüklenme, bilinçli veya bilinçsiz insan seçimi, kültüre alınan tetraploit buğdayının genetik yapısını şekillendirdiği belirtilmektedir [100, 101].

Einkorn buğdayların araştırıldığı bir çalışmada diploit buğdayların kültür formu *T. monococcum* L. (AmAm)'dur ve ilk kez Verimli Hilal bölgesinde, Karacadağ yöresinde *Triticum boeoticum*'un evcilleşmesi ile ortaya çıktığı tespit edilmiştir. Bu buğday, tüm dünyada Einkorn diye bilinmektedir. Diğer yabani diploit buğday türü *Triticum urartu*'nun yine Verimli Hilal bölgesinden köken aldığı ve hiçbir zaman evcilleşmemesine rağmen, kültürü yapılan tetraploit ve heksaploit buğdaylara AA genomunu sağlayan tür olduğu vurgulanmaktadır. Farklı ülkelerden temin edilen einkorn popülasyonlarının gen bankalarında toplanmasının, buğdayın geliştirilmesi ve tüm yararlı özelliklerinin değerlendirilmesi açısından önemli olduğu belirtilmektedir. Araştırmada einkornu tehdit eden genetik erozyonun ayrıca bazı ülkelerde bu buğday mahsüllerinin tamamen ortadan kalkmasının genetik çeşitlilik ve biyolojik çeşitlilik çalışmalarını tehlikeye atabileceği de vurgulanmaktadır. Sonuç olarak koruma projeleri geliştirmek, dünya çapında genetik çeşitliliği analiz etmek, yararlı tarımsal ürünlerin özelliklerinin tanımlanması için iyi tohum koleksiyonları oluşturmak ve bunları yapabilmek için çok çaba göstermek gerektiği belirtilmektedir [102].

Gelecek vaat eden ürün olarak Emmer buğdayı'nın yetiştirilmesinin öneminin araştırıldığı bir çalışmada, besinsel kalitesi, özel tadı ve aroması nedeniyle Emmer buğdayının son zamanlarda bazı Avrupa ülkelerinde yetiştirilmeye tekrar başlandığı

belirtmiştir. Özellikle Etiyopya, İran, Türkiye, Kafkaslar, Volga vadisinde, Eski Yugoslavya cumhuriyetlerinde, Orta Avrupa'da, İtalya'da İspanya ve Hindistan'da yetiştirildiği belirtilmektedir. Ekmeklik ve makarnalık buğdayda biyotik ve abiyotik strese karşı direnci artıracak genetik kaynağın emmer buğdayında olduğu belirtilmektedir. Çalışmada, Emmer buğdayının zengin içeriği ve kalitesi nedeniyle gıda sektöründe artan kaliteli ürün isteğine talep artışı sebebiyle emmere ilginin de hızla arttığı vurgulanmaktadır. Sr2 geninin emmer buğdayından elde edilmesi, pas hastalığına direnç özellikleri bulundurması ayrıca sıcaklık ve kuraklığa karşı toleranslı olmasının da emmere karşı ilgi uyandıran özellikler arasında olduğu belirtilmektedir [58].

Emmer buğdayının, ekmeklik buğdayın ısı toleransına genetik katkısının araştırıldığı bir çalışmada, artan küresel sıcaklığın buğday veriminde düşmeye neden olduğu ifade edilmiştir. Çalışmada 8 hekzaploit ve 11 tetraploit ebeveyn, 43 geri çaprazlama kombinasyonunda tekrarlayan ebeveynde hekzaploit kullanılarak birleştirilmiştir. Hekzaploit morfoloji için 537 emmer bazlı hekzaploit hat geliştirilmiştir. 17 ticari çeşit ve hekzaploit tekrarlayan ebeveynler 2014-2016 döneminde tarlada iki ekim zamanında değerlendirilmiştir. Ebeveynler ve ticari çeşitlere kıyasla emmer kaynaklı hatlar ısı stresi altında daha iyi bir performans göstermişlerdir. Emmer türevli hatlardan en yüksek verim alınmıştır. Sonuç olarak emmer buğdayından elde edilen hekzaploit buğdaya verim, çekirdek ağırlığı gibi özellikler için yeni genetik varyasyonların eklenebileceği tespit edilmiştir [103].

Yapılan bir araştırmada, buğdayın A ve B genomunun kromozomlarında fotoperiyodu etkileyen alellik durumlarının varlığı ve bunların farklı alellik alternatiflerinin bulunmasıyla bitkilerin gün uzunluğuna karşı reaksiyonlarının değiştiği tespit edilmiştir. Tetraploit buğdayda fotoperiyot duyarsızlığının daha az olduğu belirtilmiştir. Çalışma sonucunda buğdayın tarımsal ortama adapte olmasında fotoperiyot yanıtındaki değişikliğin çok önemli rol oynadığı bildirilmektedir [104].

Kunduru x Cham-I melezinden elde edilen 150 kendilenmiş rekombinant hattı ile anaçlarında RAPD DNA markörü kullanılarak ülkemizdeki makarnalık buğdaylarda ilk defa haritalama çalışmaları yapılmıştır. 284 RAPD primeri anaçlarda polimorfizm bakımından taranmış, polimorfik ve skorlanabilen 83 RAPD primeri 150 kendilenmiş

rekombinant hattında analiz edilmiştir. Analiz sonucunda 33 RAPD markörünün açılım gösterdiği tespit edilmiştir. Genetik harita ise maalesef oluşturulamamıştır [105].

Yapılan bir çalışmada, RAPD-PCR tekniği ile *T. dicoccoides* ve *T. dicoccon* popülasyonları arasında genetik çeşitlilik araştırılmıştır. Bu çalışmada amaç, her biri Türkiye'de bulunan 11 yabancı emmer (*T. dicoccoides*) ve 8 kültür emmer (*T. dicoccon*) popülasyonunun genetik çeşitliliğini analiz etmektir. Çalışmada 14 günlük buğday fidelerinden DNA izolasyonu yapılmıştır. Çalışmada buğday örnekleri 25 RAPD markörü ile analiz edilmiştir. Toplam 178 amplifikasyon ürününden 85 tanesinin polimorfik olduğu bildirilmiştir. *T. dicoccoides* için % 41.5, *T. dicoccon* için ise % 32.9 polimorfizm yüzdeleri hesaplanmıştır. Polimorfizmin ortalama yüzdesi % 47,75 olduğu belirtilmiştir. Çalışmada tüm örnekler için iki ana küme olduğu belirtilmiştir. Araştırmacılar bu çalışmada düşük polimorfizm yüzdesi elde ettiklerini ve bunun nedeninin çalışılan grupları ayrı ayrı değerlendirmek için küçük grup büyüklüğüne sahip popülasyonların kullanılması sonucunda olabileceğini bildirmişlerdir. Ayrıca çalışma sonucunda RAPD markörünün, inter ve spesifik seviyelerdeki genetik çeşitliliği açıkça değerlendirebileceği belirtilmiştir [106].

Bir diğer çalışmada, diploit ve tetraploit buğday türlerinin RAPD markörleri ile genetik tanımlanması yapılmıştır. Bu çalışmada 10 diploit ve tetraploit buğday türünün genetik çeşitliliği RAPD markörler kullanılarak hesaplanmıştır. İki tane diploit türden [*Triticum boeoticum* (yabancı), *Triticum monococcum*] ve beş tane de tetraploit buğdaydan [*Triticum dicoccoides* var. *arabicum* (yabancı), *Triticum dicoccon* var. *farrum*, *Triticum dicoccon* var. *atratum*, *Triticum durum* var. *hordeiforme* (Bereketli 95), *Triticum durum* var. *leucurum* (Sharq), *Triticum turgidum* var. *albayadurum*, *Triticum turgidum* var. *salomonis* ve *Triticum persicum*] analizler için seçilmiştir. Çalışma için 87 RAPD primeri seçilmiştir. Bantların varlığı için 1(var) ve 0(yok) şeklinde skorlama yapılmıştır. Polimorfizm yüzdesi en yüksek %90.9 değeri ile OPB-10 primerinde görülmüştür. Toplam polimorfizm yüzdesi ise %75 olarak hesaplanmıştır. Genetik benzerlikleri belirlemek için Jacard'ın küme analiz algoritması kullanılmıştır. Dendrogramda türler iki gruba ayrılmıştır. Varyete *Triticum boeoticum*, *Triticum dicoccoides* var. *arabicum* (yabancı), *Triticum dicoccon* var. *farrum* ve *Triticum dicoccon* var. *atratum* birinci grupta yer almaktadır. *Triticum monococcum*, *Triticum turgidum* var. *albayadurum*,

Triticum turgidum var. *salomonis* ve *Triticum persicum* türleri ise ikinci grupta yer almaktadır. Dendograma göre *T. boeoticum* ve *T. monococcum* fenotipik özelliklerine göre birbirine çok yakın olmasına rağmen uzak genotipler olarak hesaplanmışlardır. Yine *T. dicoccoides* ve *T. persicum* türlerinin fenotipik özellikleri çok benzerken genotipik olarak kullanılan primerler için farklı oldukları tespit edilmiştir. Çalışılan örneklerin genetik ve fenotipik özellikler bakımından farklılıklar gösterdiği belirtilmiştir. Sonuç olarak ise yapısal analizlerden elde edilen sonuçlara göre genetik olarak benzer genotiplerin fenotipik açıdan farklı olabileceği tespit edilmiştir. Ayrıca aynı türün farklı varyetelerinin ise fenotipik ve genotipik olarak benzerlik gösterdiği belirtilmektedir [107].

Tritikale çeşitleri ile ekmeklik buğdaylar arasındaki genetik benzerliğin incelendiği bir çalışmada, SSR, AFLP ve RAPD markörleri kullanılmıştır. 14 ekmeklik buğday (*Triticum aestivum* L.emend. Fiori&Paol. ve *Triticum durum* Desf.) ve Tritikale kültürleri kullanılmıştır. 31 tane RAPD, 6 tane AFLP ve 25 tane de SSR markörü çalışmada kullanılmıştır. Polimorfik bant sayıları AFLP için 39.7 RAPD için 12.7 ve SSR için de 4.0 olarak bulunmuştur. Fakat PIC (Polimorfizm Bilgi İçeriği) değeri 0.13-0.86 değeriyle en yüksek SSR'larda tespit edilmiştir. Genetik benzerlik açısından yapılan değerlendirmede SSR'dan elde edilen dendrogramların AFLP ve RAPD'den daha güvenilir olduğu vurgulanmıştır. SSR markörleriyle çeşitlerin çoğunun tanımlanabildiği belirtilmiştir [108].

Bir diğer çalışmada, Türkiye'de yetişen yabani ve ekili emmer (*Triticum turgidum* ssp. *dicoccoides*) buğdaylarının filogenetik ve taksonomik ilişkisi İPBS-Retrotransposons markırlarla araştırılmıştır. Türkiye'nin buğdayın ana merkezi olduğu ve birçok kıtaya yayılmasında önemli katkısının olduğu belirtilmektedir. Çalışmada 29 yabani emmer, 4 ekili emmer (*Triticum turgidum* ssp. *dicoccoides*) ve 5 tanede durum buğdayı (*T. turgidum* ssp. *durum*) olmak üzere toplam 38 buğday çeşidinin genetik çeşitliliği incelenmiştir. Skorlama işlemi bantların varlığı için 1(var) ve 0(yok) şeklinde yapılmıştır. Polimorfizm ortalaması % 87.85 olarak bulunmuştur. Polimorfik bilgi içeriği (PIC) de 0.660'dır. Gen çeşitliliğini hesaplamak için GenAlEx v6.5, etkili allel sayısı için de Shannon'un bilgi indeksi kullanılmıştır. Gen çeşitliliği 0.489, ortalama etkili allel sayısı 1.96 olarak tespit edilmiştir ve bu değerler yüksek bir varyasyon

seviyesinin göstergesi olarak belirtilmiştir. UPGMA yöntemi ile çizilen dendogramda tüm genotiplerin coğrafi konumlarına göre ayrıldığı tespit edilmiştir. 3 tür arasındaki kümeleme çalışmasında durum buğdayı, yabancı emmer ve ekili emmerden net bir şekilde ayrılmıştır. Burada açığa çıkan sonuçların ana koordinat analizi ile de desteklendiği belirtilmiştir. Popülasyon yapılarını belirlemek için Evanno'nun STRUCTURE analizi kullanılmış ve uygun küme sayısı (K) belirlenmiştir. Bayes temelli kümelemeye göre genotipler iki popülasyona bölünmüştür ve gözlenen maksimum delta K değeri 2'dir. Buğday çeşitleri arasındaki genetik mesafe R istatistiksel yazılımı ve Jaccard katsayısı kullanılarak hesaplanmıştır. Ortalama genetik uzaklık 0.398 olarak belirtilmiştir. Çalışma sonucunda İPBS-retrotranspozonların çeşitlilik ve filogenetik ilişkilerin araştırılmasında etkili olduğu vurgulanmıştır [109].

Başka bir çalışmada, tetraploit kültür buğdayların evrimsel geçmişini araştırmak için genotipleme yoluyla sekanslama (GBS) yöntemi kullanılmıştır. Çalışmada 189 yabancı ve kültür buğdayından oluşan tetraploit buğday popülasyonunda 1.172.469 tek nükleotid polimorfizmi (SNP) belirlenmiştir. SNP'lerin çoğu A ve B genomlarına eşlenmiştir. Popülasyonların hepsi coğrafi dağılımlarının tamamını kapsayacak şekilde seçilmiştir. Ana bileşen analizleri (PCA), yabancı emmeri (*T. turgidum* subsp. *dicoccoides*) kültür emmeri (*T. turgidum* subsp. *dicoccum*) ve çıplak buğdaylardan ayırmıştır. Sadece birkaç popülasyonun PCA analizinde anormal kümelenme yaptığı bunun nedeninin de yanlış sınıflandırma olabileceğini belirtmişlerdir. GBS yönteminin buğdayda türler ve alttürler arasındaki genetik ilişkiler hakkında iyi bir bilgi sağlayabildiğini belirtmişlerdir. PCA analizi sonucunda tetraploit kültür buğdayların, buğdayla ilgili genetik çalışmaların sonucuyla tutarlı olarak kuzey Bereketli Hilal'den gelen yabancı emmerlere en yakın akrabalığa sahip olduğunu tespit etmişlerdir. Ayrıca PCA sonuçlarına göre çıplak buğdaylar kültür emmerleri ile ayrı kümelenme göstermiştir. Genetik çeşitlilik için yabancı taksonlarda (*T. turgidum* subsp. *dicoccoides* ve *T. timopheevii* subsp. *armeniicum*) kültür alt türlerine göre çeşitliliğin daha yüksek olduğunu belirtmişlerdir. 189 popülasyon toplam 605 milyon okuma vermiştir ve etiket başına üç okuma ile 6.962.191 etiket elde etmişlerdir. 186 popülasyon için heterozigot alanların oranı %7.46, ortalama minör allel frekansı da 0.133'dir. Popülasyon yapısını incelemek için STRUCTURE analizi yapılmış ve 186 popülasyon için K=4 olarak tespit edilmiştir. Yapılan PCA, NJ ve STRUCTURE analizlerine göre yabancı emmer

buğdaylarının homojen bir popülasyon oluşturduğunu belirtmişlerdir. Çalışma sonucunda GBS ile SNP belirlemenin yabani ve ekili tetraploit buğday türleri ve alttürleri arasındaki genetik ilişkileri belirleme de çok doğru bilgi sağladığını belirtmişlerdir. Ayrıca GBS'in genomun tüm kısımlarından çeşitlilik verilerini elde edebilmek için hızlı bir yol olduğunu bildirmişlerdir [110].

Başka bir çalışmada, İsrail ve Türkiye'den yabani emmer buğdaylarının genetik çeşitliliği araştırılmıştır. Çalışmada 25 yabani emmer popülasyonu (200 birey) 1000 SNP markörü ile analiz edilmiştir. SNP markörlerin biallelik gösterdiği için genetik çeşitliliği orta düzeyde ortaya çıkardığını belirtmişlerdir. Polimorfizm oranı %80.6 olarak tespit edilmiştir. PIC değeri 0.153, gen çeşitliliği ise 0.184 olarak hesaplanmıştır. STRUCTURE analizi yapılmış ve optimal K değeri 2 olarak saptanmıştır. Yani yabani emmer buğdaylarının genetik olarak iki gruba ayrıldığını bildirmişlerdir. Ayrıca Türkiye örneklerinin diğerlerinden açıkça ayrıldığını bildirmişlerdir. Çalışmada kümeleme analizi yapılmıştır ve yabani emmer buğdayının coğrafi dağılımına paralel olarak gruplandığını belirtmişlerdir. Markör lokusları ile ekocoğrafik şartlar arasında uyumlu korelasyonlar görüldüğünü açıklamışlardır. Doğal seleksiyonun emmer buğdayında uyum ile alakalı gen bölgelerinin uyarlanabilir olmasında önemli bir rol üstlendiğini bildirmişlerdir. Genetik çeşitliliği saptamak için SNP markörlerinin emmer buğday popülasyonları için seçici olduğunu da belirtmişlerdir. Ayrıca genetik çeşitliliğin ekolojik faktörlerle de ilişkili olabildiğini bildirmişlerdir [111].

İtalya'da yapılan bir çalışmada emmer buğdayının (*Triticum dicoccon*) agronomik, kalite ve moleküler karakterizasyonu yapılmıştır. Çalışmada 20 emmer buğdayının moleküler analizi yapılmıştır. Genetik varyasyonları değerlendirmek için 6 EST-SSR markör, 13 SSR markör ve 6 ISSR markörü kullanılmıştır. Tüm genotiplerde protein içeriğinin yüksek olduğu belirtilmiş ve ortalaması %19.2 olarak bulunmuştur. Çalışmada 118 moleküler lokus tespit edilmiştir. Tüm lokuslarda beklenen heterozigotluk 0.25'dir. Sadece SSR ve EST-SSR markörleri dikkate alınır ise beklenen heterozigotluk %51'e ulaşmaktadır. 71 tane spesifik allel tespit edilmiştir. Çalışmada SSR'ların emmer genotipleri için ileri üreme hatları, modern çeşitler ve yetiştirme alanında etkili bir ayırım gücüne sahip olduğu açıklanmıştır. Çizilen dendogramda tüm moleküler işaretleyicilerin kullanıldığı ve iki belirgin grup şeklinde kümelenme

gözleendiği belirtilmiştir. Yapılan analizde popülasyonlar oldukça fazla genetik değişkenlik göstermiştir. Araştırmacılar bunun nedeninin yüksek varyasyon ve çapraz tozlaşma olabileceğini belirtmişlerdir. Sonuç olarak gözlenen büyük varyasyonun emmer kullanımını artırmada, değerli özelliklerin makarnalık buğdaya aktarılmasında ve ıslah programlarında kullanılmasında önem arz ettiğini belirtmişlerdir. Ayrıca emmer buğdaylarının hem agromorfolojik hem de moleküler özellikler için anlamlı bir genetik değişkenlik gösterdiği vurgulanmıştır. Son yıllarda besleyici özelliği ve organik tarıma ilginin artması nedeniyle emmer buğdayının ekim alanının artacağı da belirtilmektedir [112].

Avrupa'nın birçok ülkesinden temin edilen 38 emmer buğdayının (*Triticum dicoccon*) morfolojik ve moleküler özelliklerinin değerlendirildiği bir çalışmada, 6 SSR, 6 EST-SSR ve 6 ISSR markörleri kullanılmıştır. Çalışmada protein içeriği, gluten kalitesi ve genetik çeşitlilikler değerlendirilmiştir. Emmer buğdayının ekmeklik ve durum buğdayına göre yüksek miktarda protein, mineral ihtiva ettiğini belirtmişlerdir. 107 moleküler lokus değerlendirilmiştir ve polimorfizm ortalaması 0.315 olarak bulunmuştur. En yüksek polimorfizm gösteren emmer İsrailden (0.495) temin edilen popülasyonlarda görülmüştür. Yapılan diğer istatistikler ile birlikte değerlendirildiğinde genetik değişkenliğin büyük oranda olduğunu belirtmişlerdir. Tüm popülasyonlar değerlendirildiğinde aralarında büyük bir genetik mesafe değeri olduğu görülmüştür. Tüm lokuslar için beklenen heterozigotluk 0.130 ve 0.390 arasında değişmektedir. 107 moleküler lokus için varyasyon bileşeni popülasyon içinde 41.35, popülasyonlar arasında ise 4.65'dir. Örneklerin orjin bölgelerinin farklı popülasyonları iyi bir biçimde ayırt etmede yeterli olmadığını bildirmişlerdir. SSR, EST-SSR ve ISSR moleküler belirteçleriyle elde edilen genetik mesafeye dayanan dendogram çizilmiştir ve 2 ana grup gözlenmiştir. Sonuçta, emmer buğdayının yüksek genetik varyasyon seviyesine sahip olduğunu bildirmişlerdir. Ayrıca çalışmada yapılan analizlere dayanarak, emmer buğdayındaki üstün özelliklerin makarnalık buğdaya aktarılabileceğini, ıslah programlarında rahatlıkla kullanılabileceğini belirtmişlerdir [113].

Bir başka araştırmada, yabani emmer (*Triticum dicoccoides*) buğdayının ekolojik ve genetik faktörlerinin EST-SSR markör çeşitliliği ile korelasyonu araştırılmıştır. Çalışmada 15 yabani emmer buğday popülasyonu ve 25 EST-SSR markör analiz

edilmiştir. Toplam 92 EST-SSR alleli tespit edilmiştir ve allel sayısı 1-7 arasında değişmektedir. Ortalama allel sayısı da 3.68'dir. Ayrıca B genomundaki allel sayıları (3.88) ve PIC değeri A genomundakinden (3.38) daha yüksek bulunmuştur. Genetik benzerlik katsayısı 0.189-0.966 arasındadır. Çalışmada kümeleme analizi yapılmıştır ve çizilen dendrogramda tüm genotipler 4 ana grupta kümelendirilmiştir. Popülasyonlar arasındaki genetik mesafe (GD) 0.112-0.672 arasında değişmekte ve ortalama GD değeri 0.406 olarak hesaplanmıştır. Birbirinden uzakta bulunan popülasyonların daha düşük genetik mesafeye sahip olduğunu ve bitişik popülasyonların ise daha yüksek genetik mesafeye sahip olduğunu belirtmişlerdir. Mantel testi sonuçlarına göre ise genetik mesafe sonuçlarının coğrafi bölgeden bağımsız olduğunu bildirmişlerdir. Çalışma sonucunda İsrail'deki *T. dicoccoides* popülasyonlarının EST-SSR lokuslarında önemli genetik varyasyon bulunduğunu ve çok az da olsa ekolojik faktörlerle bağlantılı olduğunu rapor etmişlerdir. Ayrıca EST-SSR çeşitliliğinin doğal seçim ile uyumlu olduğunu, iç ve dış faktörlerden etkilendiğini belirtmişlerdir [114].

Emmer buğdayında genetik çeşitliliğin araştırıldığı başka bir çalışmada SSR markörler kullanılmıştır. Çalışmada 40 buğday popülasyonu kullanılmıştır. Örneklerin 13 tanesi İran'dan 27 tane yabancı ve yerli popülasyon ise CIMMYT'den temin edilmiştir. 24 SSR ve 4 EST-SSR markörü kullanılmıştır. CTAB yöntemi ile genç yapraklardan DNA izolasyonu yapılmıştır. PCR sonrasında bantlar 1(var), 0(yok) şeklinde belirtilerek 0/1 matriksi oluşturulmuştur. Lokus başına ortalama 6 allel gözlenirken toplamda 168 allel tespit edilmiştir. 168 allelin 84 tanesi İran popülasyonlarına aittir. Xgwm 186 (2 allel), Xgwm 312 (2 allel), Xgwm 415 (1 allel) ve Xgwm 282 (1 allel) olmak üzere 4 SSR lokusunda toplam 6 spesifik allel gözlenmiştir. Polimorfik bilgi içeriği (PIC) 0.18-0.86 arasında değişmektedir. Ortalama PIC değeri 0.61'dir. Çalışmada küme analizi için dendrogram çizilmiştir. Dendrogramda jeografik kökene bağlı olarak akrabalık ilişkileri gözlenmiştir. Örneğin tüm İran bölgesi örnekleri kümelendirilmiştir. Ermenistan, Azerbaycan ve Gürcistan' da kapsayan Transkafkasya popülasyonlarında da benzer durum gözlenmiştir. Türkiye, Suriye ve Ürdün'den gelen yabancı popülasyonlar ise daha geniş bir kümelendirme göstermişlerdir. Allellik bilgileri ve küme analizine sonuçlarına göre yabancı emmer buğdaylarının yerli emmerlere göre daha değişkenlik gösterdiği belirtilmiştir. İran bölgesi emmerleri ise oldukça düşük genetik çeşitliliğe sahiptir ayrıca Transkafkasya'nın yerli emmerlerinden oldukça farklı izole bir küme oluşturmuştur.

İran bölgesi örnekleri için genetik çeşitlilik 0.05-0.22 arasındadır. Sonuç olarak İran'daki emmerlerin düşük genetik çeşitlilik gösterdiği ve buna sebep olan olayın ise genetik sürüklenme ve azalan ekim alanı olabileceği belirtilmiştir. Emmer genetik kaynaklarının iyi yönetilmesi ile beraber üretim ve korumanın da artırılması ile birlikte genetik çeşitliliğin artacağını belirtmişlerdir [115].

Başka bir çalışmada, buğday türünün genetik çeşitliliği; morfolojik karakterler ve SSR markörler kullanılarak belirlenmeye çalışılmıştır. *T. aestivum* L. türüne ait yedi buğday kullanılmıştır. Buğdaylardan beş çeşit Tarım Araştırma Merkezi (ARC), Giza ve Mısır'dan temin edilmiştir. İki tane de egzotik çeşit kullanılmıştır. Çalışmada buğdayların genetik çeşitliliğini belirlemek için 48 SSR markörü ve 9 morfolojik karakter kullanılarak değerlendirme yapılmıştır. Çalışmada her SSR bandı için 1(var) ve 0(yok) şeklinde ikili veri matrisi kullanılarak skorlama yapılmıştır. Toplamda 48 allel tespit edilmiş ve allel ortalaması 3,2 bulunmuştur. Allel sayısı 2-7 arasında değişmektedir. En fazla allel Xgwm 437 (91-123 bç) marköründe tespit edilmiştir. Polimorfizm bilgi içeriği (PIC) 0.548-0.816 arasında belirlenmiştir. Gen çeşitliliği 0.08-0.95 arasındadır ve ortalama değeri 0.72 olarak hesaplanmıştır. Buğday çeşitleri arasındaki ilişkiyi değerlendirmek için UPGMA kullanılarak küme analizi yapılmıştır. Dendogramda iki ana küme gözlenmiştir. Kümelerden birinde üç tür bulunurken diğer küme alt iki kümeye ayrılmaktadır. Çalışma da yedi buğday arasında ciddi oranda genetik çeşitlilik tespit edilmiştir. Dendogram ile dar genotip havuzlu genotiplerde bile SSR'ların çok büyük oranda genetik çeşitliliği tespit edebilme yeteneği ortaya konmuştur. Sonuç olarak da SSR'ların genetik çeşitlilik çalışmalarında başarıyla kullanılabilceği belirtilmiştir [116].

Buğday çeşitleri arasındaki genetik çeşitliliğin SSR markörleri ile belirlendiği bir başka çalışmada, Türkiye'nin farklı bölgelerinden toplanan 23 adet ekmeklik buğday çeşidinin moleküler karakterizasyonu ortaya konmuştur. 32 adet SSR primeri kullanılarak spesifik DNA bölgelerinin çoğaltılması yapılmıştır. Yapılan analizlerde 174 polimorfik 5 monomorfik olmak üzere 179 skorlanabilir bant ortaya çıkmıştır. Ortalama polimorfik bant sayısı 5.43 olarak tespit edilmiştir. Polimorfizm yüzdesi %96.07'dir. 23 buğday genotipine ait dendrogram çizilmiştir. Dendrograma göre genotipler 2 ana gruba ayrılmıştır. 1 genotip tek başına bir ana grupta yer alırken diğer tüm genotipler ikinci

grupta yer almışlardır. Çizilen dendrogram incelendiğinde farklı bölgelere ait genotiplerin aynı alt grupta bulunduğu gözlenmiştir. Bu durum genetik farklılığın oluşmasında coğrafi bölge dışında faktörlerinde etkili olduğunu göstermektedir. Yapılan moleküler markör analizi sonucunda ise çeşitler arasındaki genetik benzerlikler ve farklılıklar ortaya konmuştur. Çalışma sonucunda, daralan genetik çeşitliliğe çözüm oluşturabilecek yazlık ekmeklik buğdayların belirlenmesinin kolaylaştırıldığı ayrıca buğday çeşitlerinin tanımlama ve sınıflandırmalarının yapılabilmesi amacıyla SSR markörleri kullanılmasının yararlı ve kullanışlı olduğu vurgulanmıştır [117].

İran'da SSR markörler kullanılarak A genomu taşıyan *Triticum* türleri arasındaki ilişkilerin araştırıldığı bir çalışmada, A genomunu taşıyan 8 türe ait 55 buğdayın aralarındaki ilişki araştırılmıştır. Çalışılan örnekler arasında yüksek düzeyde polimorfizm gözlenmiştir. En yüksek gen çeşitliliği *T. durum* genotipleri arasında ortaya çıkarken, en düşük genetik çeşitlilik *T. dicoccoides* türlerinde bulunmuştur. Moleküler varyans analizi yapıldığında, *Triticum* taksonları içerisinde yüksek genetik çeşitliliği temsil eden türler için genetik varyans (%75,56) tespit edilmiştir. Ancak ploidi düzeyleri arasında böyle bir fark gözlenmemiştir. 31 A genomuna özgü SSR primerlerinin tamamının (316 adet) polimorfik olduğu belirtilmiştir. *Triticum* türlerini içeren 8 A genomunun 55 tanesinin genomik DNA'sından 410 bant (alel) elde edilmiştir. Genetik benzerlik analizine bakılarak İran'da toplanan türler iki ana gruba ayrılmıştır. Bunlar; diploitler ve poliploidlerdir. Diploit ve poliploit türler arasındaki genetik benzerlik sırasıyla 0,85 ve 0,89 olarak belirtilmiştir. Sonuç olarak A genom çeşitliliğinde farklı coğrafi bölgelerden anlamlı bir fark olmadığı tespit edilmiştir. İstatiksel sonuçlar incelendiğinde İran'daki *Triticum* türleri arasında yüksek genetik çeşitlilik olduğu bunun ana nedeninin türler içerisindeki katılımlar arasındaki farklılıkların olduğunu belirtmişlerdir [118].

Yapılan bir başka çalışmada, Sulaimanyah'taki (Irak) bazı buğday varyetelerinin SSR markör ile fenotipik ve moleküler karakterizasyonu araştırılmıştır. Bu çalışmada 11 ekmeklik ve makarnalık buğday çeşidinin genetik çeşitliliği, çimlenme karakteristiği kullanılarak tayin edilmeye çalışılmıştır. Çalışmada 12 SSR markörü kullanılmıştır. Toplamda 18 polimorfik allel ekmeklik buğdayda, 20 polimorfik allelde makarnalık buğdaydan elde edilmiştir. Elde edilen fenotipik veriler sonucunda çimlenme için

çeşitler arasında çok önemli farklar olduğu belirtilmiştir (hız, çimlenme yüzdesi, fide uzunluğu, taze ağırlık ve kuru ağırlık). 12 SSR ile 11 çeşit buğday analiz edilmiştir. Genetik benzerliklerin ekmeklik buğday için 0,286-1, makarnalık buğday için ise 0,333-0,818 arasında değiştiği belirtilmiştir. UPGMA kullanılarak genetik ağaç çizilmiştir. Çalışma sonucunda bunların ortak bir atadan geldikleri ve birlikte kümellendikleri tespit edilmiştir. Çalışmada genetik akrabalıkları belirlemek için morfolojik özellikler, agronomik özellikler, enzimatik ve moleküler markörlerin yaygın olarak kullanılması gerektiği vurgulanmıştır. Ayrıca çalışma sonucunda SSR markörlerin buğday için; genetik çeşitlilik çalışmalarında, çeşit tanımlamada, bitki çeşitliliğini koruma araştırmalarında başarı ile kullanılabilmesi belirtilmiştir [119].

Başka bir çalışmada, orjinini değişik ülkelerden alan 36 yerel ekmeklik buğday çeşidi arasındaki genetik ilişki araştırılmıştır. Meksika ve Türkiye'den buğday örnekleri karşılaştırılmıştır. 44 SSR markör kullanılmıştır. 419 allel elde edilmiştir. 44 polimorfik, 11'i monomorfik bant tespit edilmiştir. Genetik çeşitlilik (H_e) değeri, Türkiye örneklerinde 0,43, Meksika örneklerinde ise 0,35 olarak bulunmuştur. Yapılan moleküler varyans analizinde (AMOVA), Meksikadan temin edilen örneklerde %52,7 oranında bulunurken Türkiye örneklerinde %67,6 olarak hesaplanmıştır. Çalışmada, genetik çeşitliliğin çeşitli faktörlerden etkilendiği belirtilmiştir. Bu faktörler; evrimsel tarih, kendi kendine döllenme, doğal veya insan eliyle seçilimdir. Türkiye ve Meksika buğday örnekleri arasında önemli genetik çeşitlilik farkı gözlenmiştir. Türkiye buğday örneklerindeki yüksek çeşitliliğin uzun tarihsel evrim süreci ile açıklanabileceği belirtilmiştir. Ayrıca çalışma sonucunda SSR'ların genetik kaynakları araştırmada faydalı birer araç olduğu da bildirilmiştir [98].

Bir diğer çalışmada, makarnalık buğdayın somaklonlarında SSR kullanılarak genetik varyasyonların moleküler karakterizasyonu araştırılmıştır. Çalışmada 3 durum buğdayından elde edilen 26 durum buğday somaklonunun genotiplendirilmesi için 5 SSR kullanılmıştır. Genetik varyans oranı %21,74 olarak bulunmuştur. Genetik çeşitlilik %71 gibi yüksek bir oranda bulunmuştur. En yüksek genetik çeşitlilik gmw131 popülasyonunda %75,37 olarak saptanmıştır. Popülasyonlar arasındaki genetik mesafe 0,83-1,67 olarak belirtilmiştir. Allel frekansları hesaplanmış ve her bir popülasyon için 0-0,89 arasında değiştiği belirlenmiştir. Çalışma sonucunda, SSR markörlerin doku

kültürü ve varyant tanımlanmasından elde edilen bitkilerin homojenliğini incelemek amacıyla kullanılabileceği tespit edilmiştir [120].

Triticum dicoccon S. buğdayında genetik çeşitlilik ve farklılaşmanın analiz edildiği bir diğer çalışmada, SSR markörleri kullanılmıştır. Türkiye'nin de olduğu 11 farklı coğrafi bölgeden temin edilen 73 emmer buğday popülasyonu 29 SSR markör kullanılarak araştırılmıştır. SSR primerleri toplam 357 allel oluşturmuştur. Lokus başına ortalama allel sayısını 12.31 olarak tespit etmişlerdir. Fragmentlerin sayısının 6 (Xgwm1066) ile 21 (Xgwm268) arasında değiştiğini belirtmişlerdir. Gen çeşitliliği yüksektir ve ortalama değeri 0.82 olarak bulunmuştur. Gen çeşitliliği 0.60-0.94 arasında değişmektedir. Araştırmacılar gen çeşitliliği ile lokus sayısı arasında anlamlı bir korelasyon olduğunu belirtmişlerdir. Ayrıca bu uyumun, lokus sayısının tek başına çeşitlilik için güçlü bir gösterge olabileceği anlamını taşıdığını vurgulamışlardır. Genetik varyasyon 11 coğrafi bölge içinde %73, bölgeler arasında ise %27 olarak tespit edilmiştir. Bölgeler arasında genetik mesafe değerleri yüksektir ve bu durum farklı coğrafi orjinler arasında geniş bir farklılaşmanın olduğuna işaret etmektedir. Lokus başına ortalama allel sayısı, İran'da 4.86, Fas'ta 4.10 ve Ermenistan'da 4.03 değeri ile en yüksek ortalamalar olmuştur. Yemen'de ise 2.83 değeri ile en düşük ortalama allel sayısı tespit edilmiştir. 11 bölge için ortalama heterozigotluk değeri %19.96'dır. Çalışmada UPGMA yöntemi ile kümeleme analizi yapılmıştır ve 73 popülasyonun 2 ana gruba ayrıldığını belirtmişlerdir. Çalışma sonucunda emmer buğdayının coğrafi orjinlerine ilişkin genetik bilgi sağlandığını ve bu bilgilerin emmer buğdayının ıslah çalışmalarına ve genetik kaynak koruma programlarına katkı sunacağını rapor etmişlerdir. Ayrıca SSR markörlerin genetik kaynak karakterizasyonunda kullanımının başarılı sonuçlar verdiğini belirtmişlerdir [121].

Bir diğer çalışmada, Hindistan'da emmer buğdayında (*Triticum dicoccon* S.) moleküler genetik çeşitlilik analizi yapılmıştır. 28'i yerel 20 tanesinde CIMMYT Meksika'dan temin edilmiş toplam 48 emmer buğdayı kullanılmıştır. 47 SSR markörü kullanılarak genetik değişkenlik değerlendirilmiştir. 96 bp ile 334 bp arasında allel boyutları değişmektedir. Allel sayısı 2-9 arasındadır. Allel ortalaması ise 3,87 olarak tespit edilmiştir. 52 lokus için toplam 201 allel bulunmuştur. Alleleri var yada yok olarak baz alan binary veri matrisine göre benzerlik hesaplamaları yapılmıştır. Benzerlik katsayısı 0,15-0,98

olarak bulunmuştur. Çoğu popülasyon için 0.5'den büyük olması yüksek benzerlik olarak değerlendirilmektedir. Bu nedenle benzerlik düzeyi yüksek olarak değerlendirilmiştir. PIC değeri 0.04-0.76 arasındadır. Çalışmada UPGMA kullanılarak dendogram çizilmiştir. Küme analizinde dokuz farklı popülasyon ve üç küme ortaya çıkmıştır. Bu analizde ticari varyetelerin çok belli olacak şekilde ayrı küme oluşturduğu tespit edilmiştir. Hint emmer popülasyonlarının oldukça homojen olduğu belirtilmiştir. Hindistandaki emmer buğdaylarında çeşitliliğin fazla olmadığı belirtilmiştir. Sonuçta ise diğer buğday türlerinden gen aktarımı yapılarak ya da değişik coğrafik gruplar arasında gen aktarımı yapılarak buğdaydaki çeşitliliğin artırılabilceğini önermişlerdir [122].

Başka bir çalışmada, Kuzey İsrail'de yabani emmer buğdayı doğal yetiştirme alanı olan üç farklı bölgede incelenmiştir. SSR çeşitliliğinin, genetik ve ekolojik faktörlerin etkileşimi ile ilişkisi analiz edilmiştir. 335 tane *Triticum dicoccoides* popülasyonu Ammiad(A), Tabigha(T) ve Yehudiyya(Y) bölgelerinde çalışılmıştır. Çalışmada 28 dinükleotit SSR markörü kullanılmıştır. Polimorfik lokus oranları şu şekildedir: A (0.923), T(0.963) ve Y(0.926). Çalışmada bölgeler arasında ekolojik olarak ciddi farklılıkların olduğu belirtilmiştir. Bu farklılıklara; yükseklik, toprak nemi, taş varlığı, toprak yüzeyi gibi özellikler sayılabilir. Üç popülasyonun toprak tipine göre (terra rosa ve bazalt) iki farklı edafik gruba ayrıldığı belirtilmektedir. Doğal edafik seçimin terra rossa ve bazalt topraklarda bulunan iki grup arasında ayrışmaya neden olduğu vurgulanmaktadır. Bununla birlikte A,T,Y bölgelerindeki *T. dicoccoides* türlerinin SSR lokuslarında da ayrışma olduğu bildirilmektedir. Farklı yüksekliklerde bulunan, farklı yıllık yağış oranları olan A,T,Y bölgelerinde, *T. dicoccoides* popülasyonlarında yüksek genetik çeşitlilik gözlemlendiği belirtilmektedir. Sonuç olarak SSR çeşitliliğinin genetik faktörlerin yanı sıra ekolojik farklılıklardan da etkilendiğini belirtmişlerdir. Genetik faktörlerin (genom, kromozom, lokus gibi) SSR çeşitliliği ile güçlü bir ilişkisinin olduğunu, hem iç hem de dış faktörler ve bunların etkileşimlerinden SSR çeşitliliğinin etkilendiğini tespit etmişlerdir. Ayrıca edafik streslerin, doğal seçilimi etkilediğini replikasyon hatalarına ve kodlama yapmayan dizilerde sapmalara neden olabileceğini belirtmişlerdir [123].

Etiyopya'daki tetraploit yabani buğdaylarla yapılan bir çalışmada genetik çeşitlilik SSR'lar kullanılarak tespit edilmiştir. 141 tetraploit buğday kullanılmıştır. Bunlar; *T. durum* Dasf., *T. dicoccon* Schrank ve *T. turgidum* L.'dur. Çalışmada 29 mikrosatellit

kullanılmıştır. Her tür için çok sayıda allel tespit edilmiştir. Ayrıca polimorfizm düzeyide oldukça yüksektir. Alellerin varlığı 1(var) ve 0(yok) şeklinde ikili veri matrisi olarak skorlanmıştır. DICE benzerlik indeksi kullanılarak benzerlik katsayıları hesaplanmıştır. *T. durum* türünde diğer iki türe göre daha fazla sayıda allel bulunmuştur. *T.durum* (9.71), *T. dicoccon* (5.14) ve *T. turgidum* (7.00) olarak ortalama allel sayıları tespit edilmiştir. 29 SSR lokusundaki gen çeşitliliği *T. durum* (0.684), *T. dicoccon* (0.616), *T. turgidum* (0.688) olarak tespit edilmiştir. Üç tür içinde genetik çeşitlilik ve allel sayısı bakımından korelasyon katsayılarının anlamlı olduğu belirtilmiştir. Türler arasındaki genetik mesafe; *T. durum* ile *T. turgidum* arasında 0.26 değeri ile en düşük, *T. turgidum* ile *T. dicoccon* arasında 0.38 ile en yüksek olarak tespit edilmiştir. *T. durum* ve *T. dicoccon* arasındaki genetik mesafe ise 0.34' tür. Genetik benzerlik katsayıları ise *T. durum* 0.34, *T. dicoccon* 0.46, *T. turgidum* 0.37 olarak tespit edilmiştir. UPGMA kullanılarak çizilen diyagramda 141 popülasyon iki ana küme şeklinde gözlenmiştir. Kümelere biri altı alt kümeye ayrılmıştır. Çalışma sonucunda üç tür için hesaplanan düşük genetik benzerlik katsayıları Etiyopya'daki buğday popülasyonlarında yüksek genetik çeşitlilik varlığını ispatlamıştır. Ayrıca çalışmada SSR'ların popülasyonlar arasındaki akrabalık ve çeşitlilik ilişkilerini belirlemede güvenle kullanılabileceği vurgulanmıştır [124].

Diğer bir çalışmada heksaploit buğday (*Triticum aestivum* L.) türlerinin genetik çeşitliliği SSR markör kullanılarak coğrafi kökenlerine göre değerlendirilmiştir. Çalışmada buğday örnekleri Kuzey Umman dağlarından temin edilmiştir. Toplam genomik DNA her bir popülasyonu temsil eden 6 örnek havuzundan izole edilmiştir. 161 buğday popülasyonu 35 SSR markör kullanılarak çalışılmıştır. Toplamda 305 polimorfik bant elde etmişlerdir. Ortalaması 0.50 olarak bulunan polimorfik bilgi içeriği (PIC) değeri 0.02 ve 0.89 arasında değişkenlik göstermektedir. 9.09 olarak tespit edilen heterozigotluk yüzdesi en yüksek Batinah bölgesindeki popülasyonlarda kaydedilmiştir. Spesifik allel değeri en yüksek Dakhilia bölgesinde tespit edilmiştir ve spesifik alleller ortalaması 1.85 olarak bulunmuştur. Bu sonuçlar gen çeşitliliği ve tüm bölgelerdeki allel sayıları arasında bir korelasyon olduğunu göstermektedir. 35 lokus için iki değişken arasındaki korelasyon katsayısının 0.657 olduğu belirtilmiştir. Bununla birlikte Batinah (0.718), Dhahira (0.706), Dakhilia (0.657) ve Sharqia (0.651) için tespit edilen korelasyon katsayıları bu bölgelerin birbirleriyle yakından ilişkili olduğunu

göstermektedir. Örnekler için küme analizi yapılmıştır ve çoğu buğday türü bu analizle ayırt edilebilmiştir. Ancak bölgedeki bazı spesifik gruplara ulaşmada başarı sağlanamamıştır. Sonuç olarak Umman topraklarındaki heksaploit buğdayların oldukça yüksek genetik çeşitliliğe sahip olduğu belirtilmiştir. Ayrıca mikrosatellitlerin çeşitlilik ve tanımlama çalışmaları için çok etkin bir araç olduğu tespit edilmiştir [125].

Yehudiyya (İsrail) bölgesinden temin edilen yabani emmer (*Triticum dicoccoides*) popülasyonlarının incelendiği bir çalışmada buğday popülasyonları 28 SSR markör ile analiz edilmiştir. Çalışmada kümeleme analizi yapılmış ve allellerin dağılımının iki küme gösterdiği bildirilmiştir. *T. dicoccoides* popülasyonlarında hem kısa hem de uzun diziler üzerinde ekolojik faktörlerin etkili olduğunu tespit etmişlerdir. SSR çeşitliliği üzerindeki genetik faktörlerin (genom, kromozom) etkilerini araştırmak için varyans analizi ANOVA'yı kullanmışlardır. Mutasyon mekanizmalarının farklı tekrar motiflerinde SSR çeşitliliğine dolaylı etkilerini ölçmek amacıyla çoklu regreasyon kullanıldığını belirtmişlerdir. Sonuçlarda genomun, ortalama tekrar sayısını etkilediğini ve genom A'nın tekrar sayısında genom B'den daha fazla varyans gösterdiğini bildirmişlerdir. Çalışma sonucunda ekolojik streslerin (yani güneş yada gölge ortamda yetişen) buğday popülasyonlarının mutasyon miktarını farklı etkileyebildiğini ve sonuç olarak da SSR lokuslarında genetik çeşitliliğe sebep olabildiğini belirtmişlerdir [126].

Bir diğer araştırmada, buğday (*Triticum aestivum*) genotiplerinde DNA parmak izi ve genetik çeşitlilik SSR markörler kullanılarak analiz edilmiştir. 54 buğday (*Triticum aestivum*) genotipi incelenmiştir. Bunların 41 tanesi Hint kökenli 13 tanesi de egzotik genotip kökenlidir. Buğdaylar Hint Buğday ve Arpa Araştırma Enstitüsü (IIWBR), Karnal ve Ulusal Gen Bankası, Ulusal Bitki Genetik Kaynakları Bürosu (NBPGR) ve Yeni Delhi'den temin edilmiştir. Çalışmada 39 polimorfik SSR markörü kullanılmıştır. Toplam 112 allel tespit edilmiştir. Ortalama allel sayısı 2.87'dir. 7 tane SSR markörü buğday genotiplerinin bazılarında spesifik alleller meydana getirmiştir. Skorumlama işlemi ikili veri matrisine göre yapılmıştır. PIC değerleri $PIC=1-\sum P_{ij}^2$ formülüne göre hesaplanmıştır. Polimorfik bilgi içeriği (PIC) 0.03 ile 0.49 arasında değişmektedir. Ortalama PIC değeri 0.29 olarak hesaplanmıştır. Bu değer genotipler arasında genetik çeşitliliğin düşük olduğunu göstermektedir. Benzerlik değerleri %22.8 ile %78.7 arasında değişmektedir. Benzerlik ortalaması ise %51.23 olarak hesaplanmıştır.

UPGMA kullanılarak buğday genotiplerinin küme analizi yapılmıştır. 54 genotip 4 küme (A,B,C,D) olarak gruplandırılmıştır. Küme D ise 7 alt kümeye ayrılmaktadır. Küme D, 43 genotip sayısı ile de maximum genotipe sahip grup olmuştur. Çalışmada kullanılan 13 egzotik genotipten altı tanesi alt küme D4 içinde yer almıştır. Ayrıca iki egzotik genotip de Hint kökenli genotipler ile aynı kümede yer almışlardır. Sonuç olarak dendrogram da aynı kökene sahip genotiplerin birlikte küme oluşturduğu tespit edilmiştir. Sonuç olarak SSR belirteçlerin buğday için DNA parmak izi ve genetik çeşitlilik belirleme çalışmalarında güvenle kullanılabilceği belirtilmiştir [127].

Diploit buğday türlerinde genetik ilişkilerin araştırıldığı başka bir çalışmada SSR markörler kullanılmıştır. *Triticum urartu*, *Triticum boeoticum* ve *Triticum monococcum* popülasyonlarından toplam 139 örnek kullanılmıştır. Çalışma için 11 SSR markörü seçilmiştir. Toplamda 111 allel tespit edilmiştir. Lokus başına düşen ortalama allel sayısı ise 10'dur. Allel frekansı 0.14 ile 0.82 arasında değişiklik göstermiştir ve ortalama allel frekansı da 0.47 olarak hesaplanmıştır. 11 SSR markörü için gözlenen heterozigotluk 0.20 olurken beklenen heterozigotluk değeri de 0.65 olarak hesaplanmıştır. Polimorfik bilgi içeriği (PIC) her bir SSR için 0.30 ile 0.90 arasında değişmektedir. Ortalama PIC değeri ise 0.62 olarak belirtilmektedir. Buğday türleri arasında en yüksek allel sayısı *T. urartu* türüne aittir (81 allel) ayrıca genetik çeşitlilik değeri de yüksektir. Türkiyeden temin edilen popülasyonlarda genotip çeşitliliği oldukça yüksek iken (0.6) Gürcü popülasyonları daha düşük (0.11) çeşitlilik göstermiştir. Kümeleme analizi yapılmıştır ve 139 buğday popülasyonu tür seviyesinde ayırt edilmiştir. Genetik benzerlik değerlerine bakıldığında en yüksek benzerlik 0.84 değeri ile *T. boeoticum* ve *T. monococcum* arasında hesaplanmıştır. *T. urartu* ve *T. monococcum* arasında hesaplanan 0.46 ise en düşük benzerlik değeri olmuştur. PCoA sonuçlarına göre buğday türleri 3 ana grup oluşturmaktadır. Çalışmada yapılan küme analizi PCoA analizini doğrulamaktadır. *T. urartu* ve *T. monococcum* türleri coğrafi kökenlerine göre kümelenme göstermiş ve popülasyonlar arasında ciddi bir farklılık gözlenmemiştir. İlaveten İran kökenli olan *T. boeoticum* popülasyonları da coğrafi kökenleriyle bağlantılı olarak birbirine çok yakın ayrı bir kümelenme göstermişlerdir. Çalışma sonucunda SSR markörlerin genetik çeşitlilik analizlerinde ayırt ediciliği yüksek ve uygun araçlar olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca çalışma için incelenen üç tür ve

on ülke arasında Türkiye'nin en çeşitli örneklerle sahip ülke olduğu vurgulanmaktadır [128].

Diğer bir çalışmada, İsrail ve Türkiye'den yabancı emmer buğdayı *T. dicoccoides* türünün doğal popülasyonlarında mikrosatellit polimorfizmi araştırılmıştır. Çalışmada 15 popülasyonda 135 genotip, 20 SSR lokusu ile analiz edilmiştir. Yabancı emmer buğday popülasyonlarının 126 tanesi İsrail'den, 9 tanesi de Türkiye'den (Diyarbakır'ın 22 km batısı) temin edilmiştir. Baskın olarak kendi kendine döllen bir tür olmasına rağmen gözlenen çeşitlilik miktarı oldukça fazladır. 20 Gatersleben buğday SSR'ı (GWM) 364 allel üretmiştir. Ortalama allel sayısı 18 (5-26) olarak bulunmuştur. Polimorfik lokus oranı ortalaması 0.90 (0.45-0.00), gen çeşitliliği ortalaması 0.50 (0.094-0.736) ve Shannon'ın bilgi indeksi ortalaması 0.84 (0.166-1.307) olarak tespit edilmiştir. Popülasyonlar arasındaki genetik mesafe katsayılarının yüksek olduğu ve ortalama genetik mesafe katsayısının 1.862 olduğu belirtilmiştir. Bu değer oldukça belirgin bir genetik sapma olduğunun göstergesidir. Tespit edilen genetik mesafenin popülasyonlar arasındaki coğrafi mesafe ile bir bağlantısının olmadığı belirtilmiştir. Yabancı buğday popülasyonları arasındaki ilişkileri görselleştirmek için UPGMA dendogramı oluşturulmuştur. Dendogram tüm yabancı emmer buğdaylarının ayırt edilebildiğini göstermiştir. SSR yöntemi ile İsrail ve Türkiye'deki farklı ekocoğrafik bölgelerden temin edilen örneklerin %88'inin orjin alanlarıyla paralel olarak sınıflandırıldığı ve mikrosatellit analizinin oldukça etkili olduğu tespit edilmiştir. Elde edilen sonuçların daha önce RAPD ile yapılan çalışmalarla uyumluluk gösterdiği ancak SSR'ların genetik çeşitlilik değerlerinin daha fazla olduğu belirtilmiştir. Sonuç olarak araştırmacılar, *T. dicoccoides* türünün doğal popülasyonlarında genetik çeşitlilik belirleme çalışmaları için SSR markörlerinin çok kullanışlı olduğunu belirtmişlerdir. Ayrıca yabancı emmer buğdayı için zirai anlamda önemli özelliklerin işaretlenmesinde de SSR markörlerin çok uygun olduğunu açıklamışlardır [129].

Başka bir çalışmada, Hint ekmeçlik buğday çeşitlerinde SSR markörler kullanılarak genetik çeşitlilik analizi yapılmıştır. Çalışmada 35 buğday çeşidi için 30 polimorfik SSR markörü kullanılarak genetik çeşitlilik belirlenmiştir. Genotiplerin 29 tanesi Pissi local'den 2 tanesi CIMMYT, Meksika'dan ve 3 tanesi de Delhi'den temin edilmiştir. İncelenen genotiplerde orta düzeyde polimorfizm tespit edilmiştir. Toplamda 90 allel

tespit edilmiş ve ortalama allel sayısı 3 olarak belirtilmiştir. Polimorfik bilgi içeriği 0.06-0.76 arasında değişen değerlerde bulunmuştur ve ortalama PIC değeri de 0.45'tir. Genotiplerden 'Pissi Local' ırkının, 0.42-0.74 arasında değişen genetik uzaklık gösteren çeşitlerin çoğuyla çok yüksek genetik mesafe ortaya koyduğu belirtilmiştir. Çizilen dendrogramda (UPGMA) üç ana küme olduğu görülmüştür. 35 genotipin SSR tabanlı küme analizinde tüm genotiplerin ayrı kümeler halinde sınıflandığı belirtilmiştir. Farklı Hint buğday çeşitleri arasında değişkenlik olduğu bilinmesine rağmen farklı zamanlarda ve yerlerde yetiştirilen buğday çeşitleri, ortak genotiplerin kullanımını gösteren filogenetik ağaçta bir araya toplanmıştır. Seçilen hatlar arasındaki genetik ilişkileri analiz edebilmek için Temel Koordinat Analizi de (PCoA) yapılmıştır. PCoA sonuçları küme analiz sonuçlarını desteklemektedir. Yine PCoA sonuçlarına göre 'Pissi Local' genotipinin diğer genotiplerden açıkça ayrıldığı araştırmacılar tarafından belirtilmiştir. Çalışma sonucunda araştırmacılar, SSR markör kullanılarak yapılan genetik ilişki analizinde Hint buğdaylarının yeşil devrimden sonra ortaya çıkan modern buğday çeşitlerinden önemli ölçüde farklı olduğunu belirtmişlerdir. Ayrıca buğdayda moleküler çeşitliliği analiz etmede SSR markörlerin çok güvenilir, kullanışlı ve etkin olduğunu belirtmişlerdir [130].

Yabani emmer buğday (*Triticum turgidum* ssp. *dicoccoides*) popülasyonunun genetik varyasyonunun büyüklüğünü açıklamak için yapılan bir çalışmada, Türkiye'nin güneyinden toplanan 91 örnek kullanılmıştır. İki doğal habitatdan alınan bitkilerde kloroplast DNA' sının değişimi araştırılmıştır. Kloroplast genomundaki 24 SSR markör lokusundaki allellik varyasyonuna bakılmıştır ve 15 SSR lokusunda varyasyon gözlemlendiğini bildirmişlerdir. Ortalama allel sayısı 2.17 (1-4 aralığında değişen) olarak tespit edilmiştir. Tahmin edilen çeşitlilik endeks ortalamaları iki popülasyon için sırasıyla; 0.28 ve 0.29 olarak bulunmuştur. Elde ettikleri sonuçlara göre iki popülasyon arasındaki mesafenin sadece 13 km olmasına rağmen çok net bir genetik farklılaşma gözlenmiştir. PCoA sonucunda 2 popülasyonun arasında net bir ayrılma gözlenmiştir. Ayrıca çizilen dendrogramda 2 ana grup gözlenmiştir. Toplam 23 kloroplast haplotipi tanımlanmıştır. Her popülasyon için haplotiplerin eşit olmayan mikro-coğrafik dağılım gösterdiğini belirtmişlerdir. Araştırmacılar analiz sonuçlarına göre yabani emmer buğdayının küçük popülasyonlarında bile diğer buğdaylara göre genetik çeşitliliğin fazla olduğunu belirtmişlerdir. Sonuç olarak; Türkiye'nin güneyindeki yabani emmer

buğdayının, popülasyonları içinde ve arasında çok yüksek seviyede genetik çeşitliliğin olduğunu belirtmişlerdir [131].

Kavılca buğdayı ile yapılmış kapsamlı moleküler bir çalışma bulunmamaktadır. Ayrıca Kars iline özgü çok önemli bir yerel genetik kaynak olan kavılca yeteri kadar tanınmamakta, önemi bilinmemektedir. Tez çalışmamız ile kavılca buğday örneklerinin; genetik çeşitlilik analizleri, popülasyon dinamiği analizleri, filogenetik analizleri gerçekleştirilerek; henüz yeni yeni tanınmaya başlayan kavılca buğdayını daha iyi tanımlayarak ve ileriye dönük ıslah çalışmalarına da kaynak oluşturarak, literatüre katkı sağlayacağımızı düşünmekteyiz.



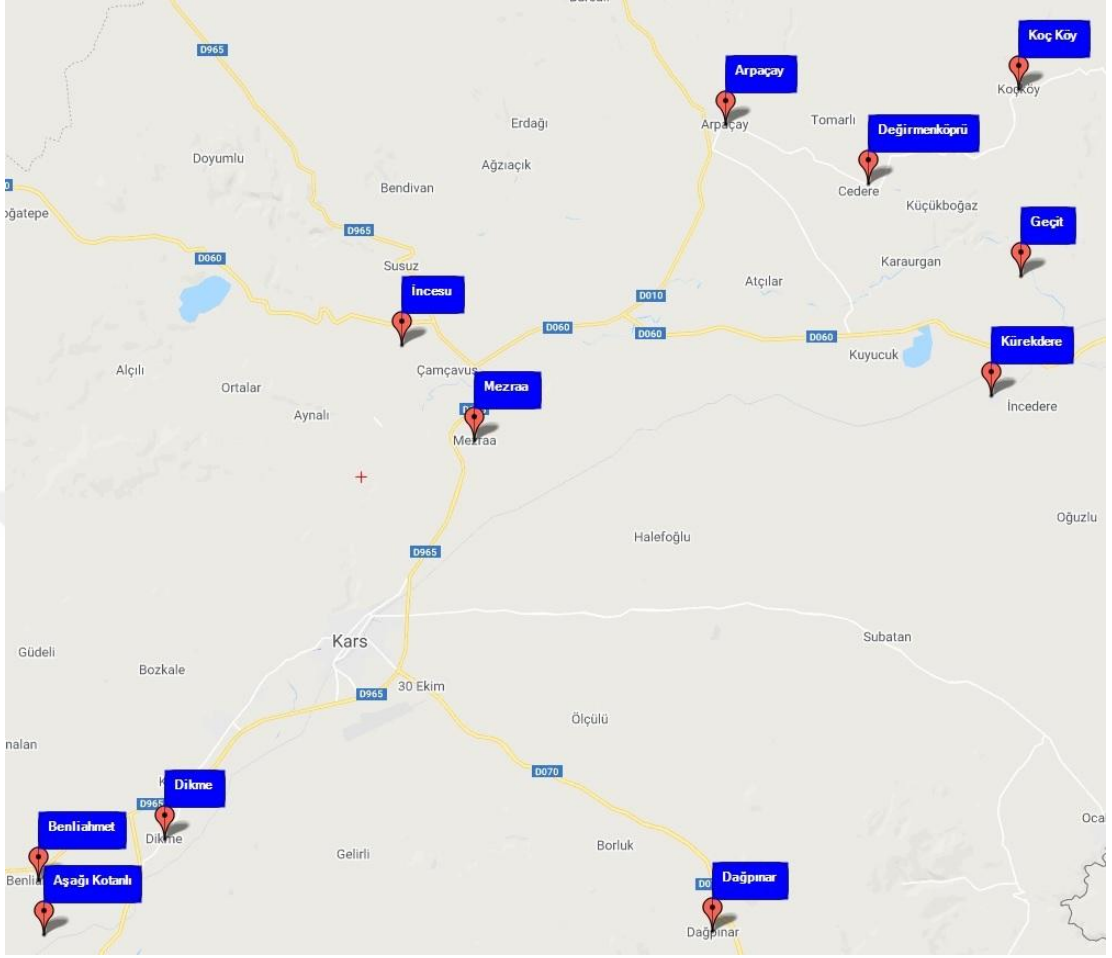
2. MATERYAL VE YÖNTEM

2.1 Bitkisel Materyaller

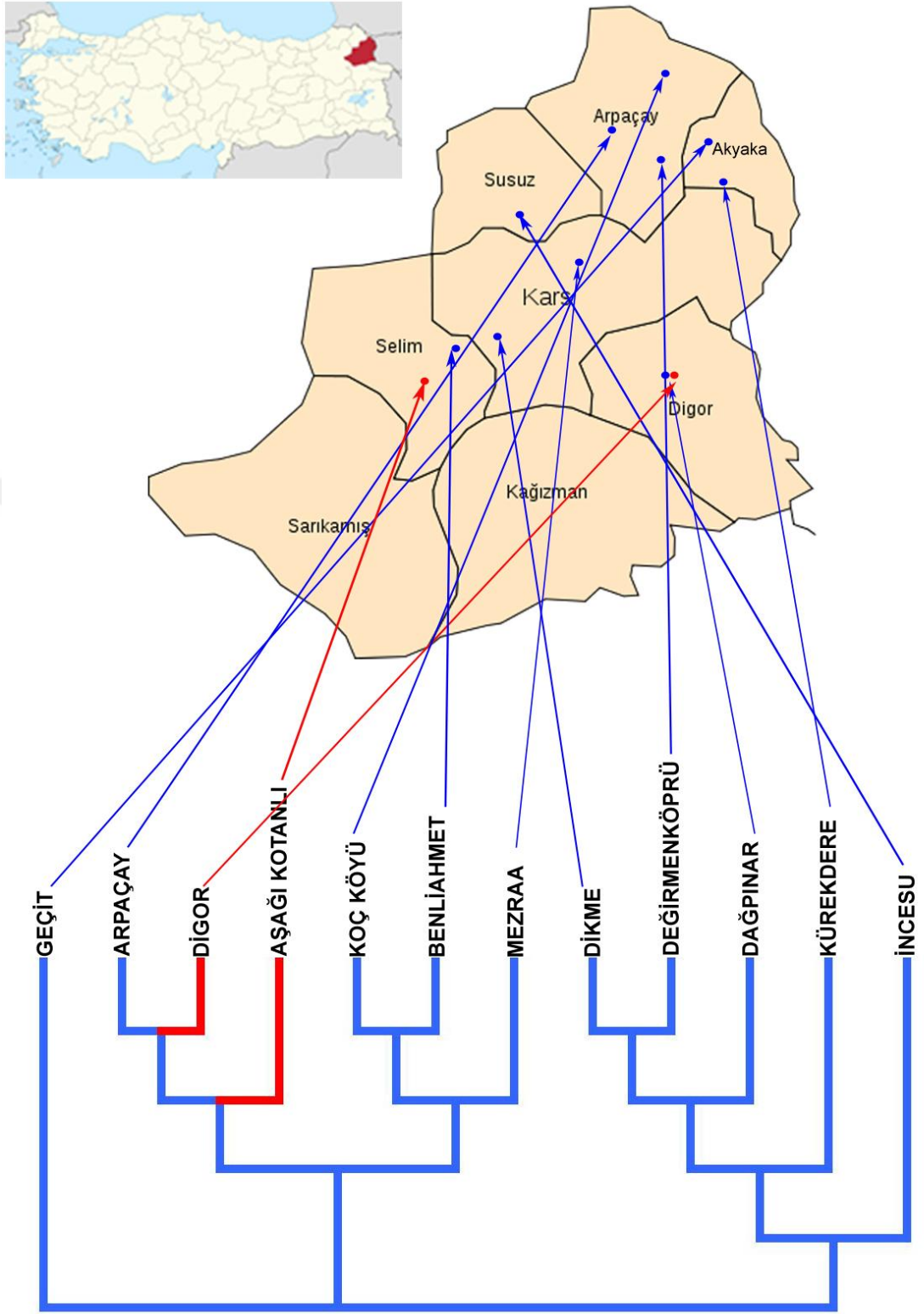
Çalışmada kullanılan Kavılca (*Triticum dicoccum* Schrank) buğdayına ait 10 farklı yerel çeşit Kars'ın farklı köylerinden çiftçilerden temin edilmiştir (Şekil 2.1). Bu buğday türünün otogam olmasından dolayı her bir popülasyondan birer örnek alınmıştır. Ayrıca genetik çeşitlilikleri karşılaştırmak amacı ile yine Kars ilinin farklı köylerinden çiftçilerden temin edilen iki adet kırmızı buğday (*Triticum aestivum* L.) türü de çalışmaya dahil edilmiştir (Çizelge 2.1).

Çizelge 2.1 Kullanılan bitkisel materyallere ait sayısal veriler

Kullanılan Buğday Türü	Buğday Lokasyonları	Kullanılan Yerel Çeşit Sayısı	Kullanılan Birey Sayısı
<i>Triticum aestivum</i> L.	Dağpınar (Digor)	1	1
<i>Triticum aestivum</i> L.	Aşağı kotanlı Köyü (Selim)	1	1
<i>Triticum dicoccum</i> S.	Benliahmet Köyü (Selim)	1	1
<i>Triticum dicoccum</i> S.	Koç Köyü (Arpaçay)	1	1
<i>Triticum dicoccum</i> S.	İncesu Köyü (Susuz)	1	1
<i>Triticum dicoccum</i> S.	Dikme Köyü (Merkez)	1	1
<i>Triticum dicoccum</i> S.	Kürekdere Köyü (Arpaçay)	1	1
<i>Triticum dicoccum</i> S.	Dağpınar Köyü	1	1
<i>Triticum dicoccum</i> S.	Geçit Köyü (Akyaka)	1	1
<i>Triticum dicoccum</i> S.	Mezraa Köyü (Merkez)	1	1
<i>Triticum dicoccum</i> S.	Değirmen köprü Köyü (Arpaçay)	1	1
<i>Triticum dicoccum</i> S.	Arpaçay Merkez	1	1



Şekil 2.1 Çalışmada kullanılan buğday örneklerinin temin edildiği köylere ait lokasyonlar



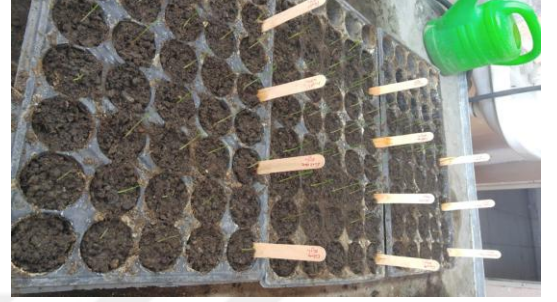
Şekil 2.2 12 buğday popülasyonunun Neighbour joining ağacı ile coğrafi kökenlerini gösteren harita

2.2 Bitkilerin Yetiştirilmesi

Kavılca buğdayı tohumları Kafkas Üniversitesi Fen Edebiyat Fakültesi Moleküler Biyoloji ve Genetik Bölümünde bulunan 16/8 saatlik uzun gün fotoperiyodunu ve 25 °C oda sıcaklığını içeren iklim odasında viyollerde çimlendirilip yetiştirilmiştir.



Resim 2.1 Kavılca buğdayı tohumlarının viyollere ekilmesi



Resim 2.2 Kavılca buğdayına ait tohumların viyollerde yetiştirilmesi (1 haftalık fideler)



Resim 2.3 Kavılca buğdayına ait tohumların viyollerde yetiştirilmesi (2 haftalık fideler)



Resim 2.4 Kavılca buğdayına ait tohumların viyollerde yetiştirilmesi (3 haftalık fideler)

2.3 Moleküler Markörler ve Genotiplendirme

2.3.1 Bitkilerden DNA Ekstraksiyonu

Bitki büyütme odalarında yetiştirilen kavılca buğdaylarının genç yapraklarından CTAB yöntemi kullanılarak DNA izolasyonu yapılmıştır [132]. Elde edilen bu DNA'lar PZR reaksiyonlarında kullanılmak üzere 10 ng/μl konsantrasyonuna seyreltilerek hazır hale getirilmiştir.

Kullanılan Kimyasallar ve Miktarları

CTAB Ekstraksiyon Tamponu (600 ml)

CTAB (Hexadecylmethyl Ammonium Bromide): 6g

1M Tris (pH 7,5): 60 ml

5M NaCl: 84 ml

0,5M EDTA (Ph 8): 12ml

Distile su: 440 ml

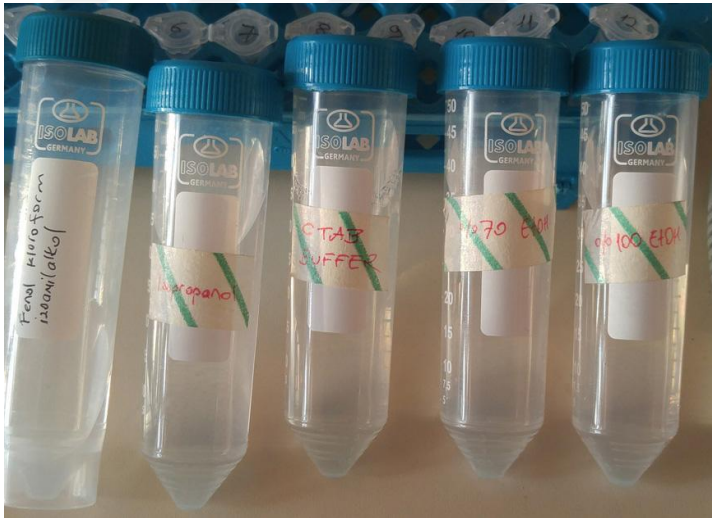
Kloroform/İso-Amil Alkol (24:1) (Herbir 100 ml 'de)

Kloroform: 96 ml

İso-Amil Alkol: 4 ml

Çizelge 2.2 İzolasyonda Kullanılan Kimyasal Miktarları

Kimyasal Madde	Miktarı
CTAB Buffer	400 µl
Fenol:kloroform:izoamilalkol	400 µl
İsopropanol	400 µl
%70 EtOH	500 µl
%100 EtOH	500 µl
TE	200 µl



Resim 2.5 İzolasyonda kullanılan kimyasalların hazırlanması

DNA İzolasyonu İçin Örneklerin Hazırlanması

Yetiştirilen kavılca buğdaylarından alınan yapraklar 1,5 ml'lik mikrosantrifüj tüplere alınarak -20 °C'de donduruldu. Daha sonra tüpler sıvı azot içerisine alınarak ezme işlemi yapıldı. Bu işlem örnekler tüplerin dibinde iyice toz haline getirilinceye kadar devam ettirildi.

DNA Ekstraksiyon Prosedürü

1. İnkübatör 65 °C'ye ayarlanarak açıldı.
2. Sıvı azot içerisinde ezilerek toz haline gelmiş yaprak örneklerinin tüplerin dibine çökmesi için kısa bir süre beklenildikten sonra tüplerin kapakları yavaşça açıldı ve her birine 400 µl CTAB ekstraksiyon tamponu eklendi. İyice karışması için alt üst yapıldı.
3. Tüpler inkübatöre alınarak 1,5-2 saat inkübe edildi. İnkübasyon sırasında her 15-20 dk'da bir tüpler alt üst edilerek karıştırma yapıldı.
4. DNA ekstraktı içine 400 µl fenol:kloroform:izoamilalkol (25:24:1) eklendi ve tüpler ters çevrilerek 30 kez iyice karışması sağlandı.
5. 8000 rpm'de 25 dakika boyunca santrifüj işlemi yapıldı. Üst faz dikkatlice yeni tüplere aktarıldı.
6. 4 ve 5. basamaktaki işlemler 3 defa tekrarlandı.
7. Yeni tüplere aktarılan üst faza, 400 µl soğuk (-20 °C de yaklaşık 2 saat beklemiş) isopropanol eklendi ve DNA'yı çöktürmek için iyice karıştırıldı (30 kez ters çevirme yapılarak).
8. 14000 rpm'de 25 dk santrifüj işlemi yapıldı.
9. Santrifüj sonrası üst faz çok dikkatli bir şekilde döküldü. Tüplerin dibinde pellet görüldü.
10. Daha sonra tüplere oda sıcaklığında olan 500 µl %70 EtOH eklendi ve 5 dk bekletildi. Pelletlerin yıkanması sağlandı.

11. 14000 rpm'de 10 dk santrifüj işlemi yapıldı.

12. Santrifüj sonrası ethanol çok yavaş ve dikkatli olarak döküldü. Daha sonra 500 µl %100 EtOH eklendi. Pelletlerin yıkanması sağlandı.

13. 14000 rpm'de 10 dk santrifüj işlemi yapıldı.

14. Santrifüj sonrası ethanol dikkatlice döküldü. Daha sonra DNA pelletleri oda sıcaklığında bir gece kurumaya bırakıldı.

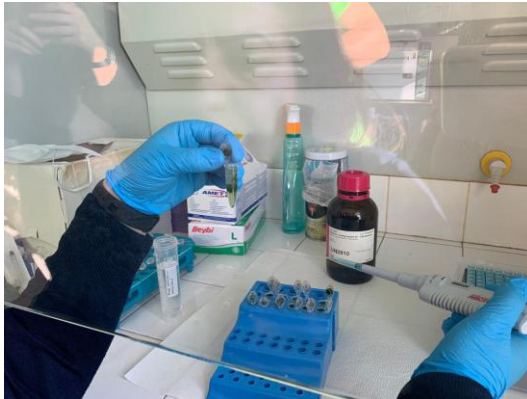
15. Son aşamada 200 µl TE ile pelletler çözündürülerek -20 °C de muhafaza edilmek üzere kaldırıldı [132].



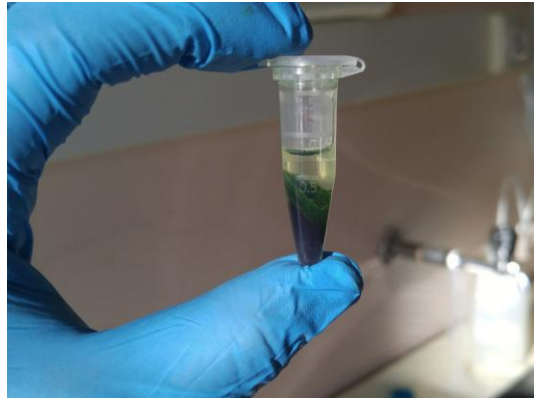
Resim 2.6 Ezme işlemi öncesi sıvı azot içinde bekletilen kavılca buğdayları



Resim 2.7 CTAB tampon çözeltisi eklenen tüplerin inkübatöre alınması



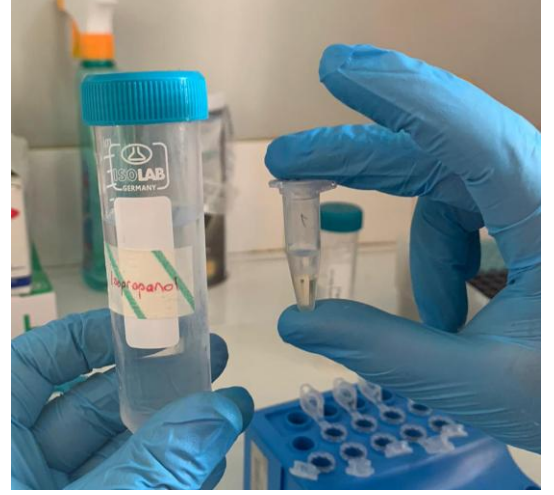
Resim 2.8 Tüplere fenol: kloroform: izoamilalkol eklenmesi



Resim 2.9 Santrifüj sonrası çökelme



Resim 2.10 Yeni tüpe aktarılan üst faza fenol:kloroform:izoamilalkol eklenmesi



Resim 2.11 Yeni tüpe aktarılmış üst faza isopropanol eklenmesi



Resim 2.12 Santrifüj sonrasında tüpün dibinde pelletin görülmesi



Resim 2.13 Pelletlerin alkolle yıkanması



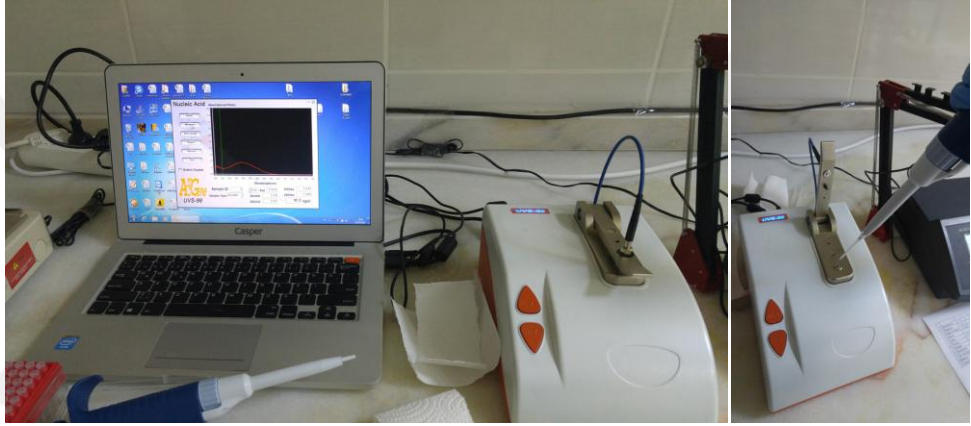
Resim 2.14 Pelletlerin kurumaya bırakılması



Resim 2.15 Pelletlerin TE ile çözdürülmesi

2.3.2 DNA Konsantrasyon ve Saflığının Belirlenmesi

İzole edilen DNA'ların Nanodrop adlı spektrofotometre ile konsantrasyonları ölçülmüştür. DNA saflığını ölçmek için 260 ve 280 nm absorpsiyon değerleri ölçülmüş ve oranları hesaplanmıştır. 1.8-2 arasındaki oranların saflığı yüksek olarak değerlendirilmektedir. Örneklerde 260/280 oranı 1,83-2,18 arasında çıkmıştır ve saflığı yüksektir. DNA miktarlarının tayini için UVS-99 UVİS drop cihazı kullanılmıştır (Resim 2.16) ve elde edilen sonuçlar listelenmiştir (Çizelge 2.3) Konsantrasyon ölçümünden sonra PCR'da kullanılmak üzere DNA'lar 10 ng/μl yoğunluğa seyreltilmiştir.



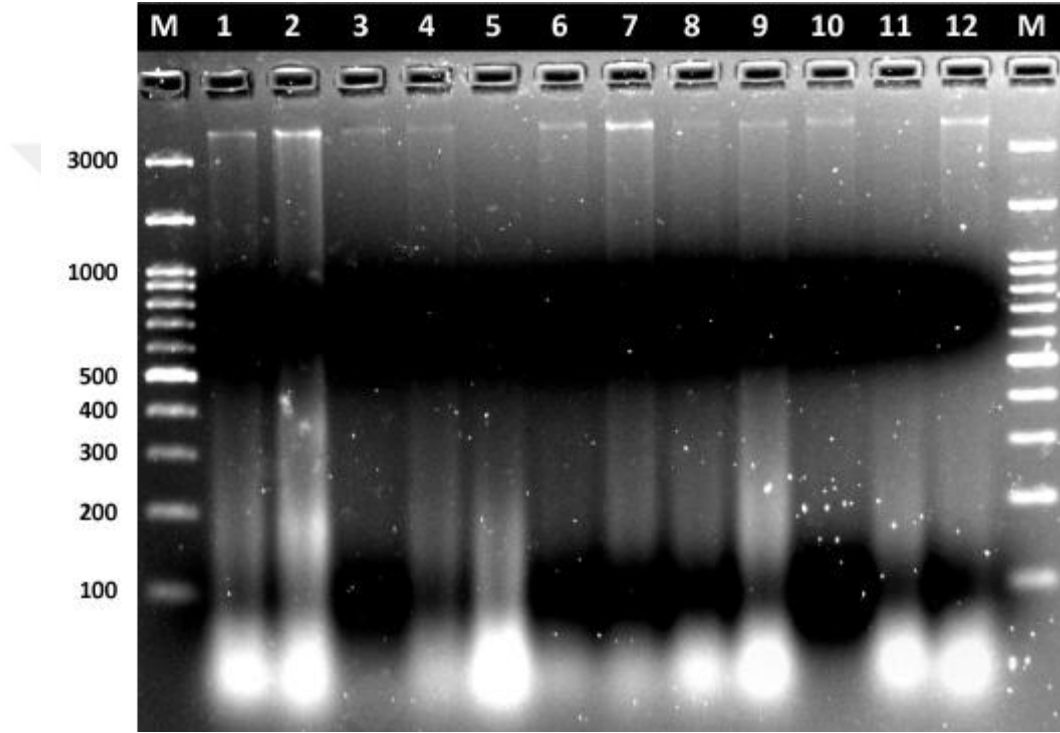
Resim 2.16 DNA miktar ve saflık tayini için kullanılan Nanodrop cihazı

Çizelge 2.3 DNA miktar ve kalite değerleri

	Abs260	Abs280	260/280	Konsantrasyon(ng/μl)
1	2.453	1.175	2,09	122,6
2	6.521	3.253	2	326
3	9.505	4.717	2,02	475,2
4	4.615	2.349	1,96	230,7
5	6.009	3.139	1,91	300,4
6	7.054	3.606	1,96	352,6
7	8.217	4.131	1,99	410,8
8	0.509	0.234	2,18	25,4
9	6.312	3.448	1,83	315,5
10	7.389	3.699	2	369,4
11	6.506	3.336	1,95	325,3
12	18.094	8.491	2,13	904,7

Saflik Elektroforezi

Konsantrasyon ve saflık ölçümü spektrofotometre ile yapılan DNA'ların varlığını ve miktarını gözlemlemek amacıyla hazırlanan %2'lik (3 gr agaroz+150 ml TAE) agaroz jel görüntüsü Şekil 2.3'de verilmiştir. Saflik elektroforezi için; 2 µl DNA+ 2 µl Loading Dye +8 µl ddH₂O karıştırılarak kuyucuklara yüklenmiş ve 80 voltta 90 dakika yürütülmüştür.



Şekil 2.3 Konsantrasyon ve saflık ölçümü yapılan DNA'ların %2'lik agaroz jel görüntüsü 1-2: *T.aestivum*, 3-12: *T. dicoccum*, M: 100 bç DNA Ladder (DNA moleküler ağırlık markeri) (5 ve 11 no 'lu örnekler için izolasyon tekrar yapıldı)

2.3.3 SSR Markörlerin Seçilimi

Çalışmanın başlangıcında, önceki çalışmalarda kullanılan SSR markörlerinden kolay skorlanan ve amplifikasyon yeteneği yüksek olan 30 adet SSR markörü taranmıştır. Fakat polimorfik özellik gösteren 11 adet SSR markörü seçilmiştir [133] (Çizelge 2.4).

Çizelge 2.4 Çalışmada kullanılan 11 adet SSR markörün primerleri ve referansları

Markör İsmi	İleri Primer 5'-3' (Forward)	Geri Primer 5'-3'(Reverse)	Primer Referansı
Xgwm46	GCA CGT GAA TGG ATT GGA C	TGA CCC AAT AGT GGT GGT CA	Roder et al. 1998
Xgwm95	GAT CAA ACA CAC ACC CCT CC	AAT GCA AAG TGA AAA ACC CG	Roder et al. 1998
Xgwm120	GAT CCA CCT TCC TCT CTC TC	GAT TAT ACT GGT GCC GAA AC	Roder et al. 1998
Xgwm154	TCA CAG AGA GAG AGG GAG GG	ATG TGT ACA TGT TGC CTG CA	Roder et al. 1998
Xgwm155	CAA TCA TTT CCC CCT CCC	AAT CAT TGG AAA TCC ATA TGC C	Roder et al. 1998
Xgwm340	GCA ATC TTT TTT CTG ACC ACG	ACG AGG CAA GAA CAC ACA TG	Roder et al. 1998
Xgwm361	GTA ACT TGT TGC CAA AGG GG	ACA AAG TGG CAA AAG GAG ACA	Roder et al. 1998
Xgwm389	ATC ATG TCG ATC TCC TTG ACG	TGC CAT GCA CAT TAG CAG AT	Roder et al. 1998
Xgwm540	TCT CGC TGT GAA ATC CTA TTT C	AGG CAT GGA TAG AGG GGC	Roder et al. 1998
Xgwm558	GGG ATT GCA TAT GAG ACA ACG	TGC CAT GGT TGT AGT AGC CA	Roder et al. 1998
Xgwm601	ATC GAG GAC GAC ATG AAG GT	TTA AGT TGC TGC CAA TGT TCC	Roder et al. 1998

2.3.4 PCR Reaksiyonları

PCR işlemi Bioneer Global Genomics Partner Thermocycler'ında gerçekleştirilmiştir. Kullanılan PCR döngüsü Çizelge 2.6'da verilmiştir. PCR için kullanılacak primerlerin en uygun bağlanma sıcaklıkları (T_m) daha önce yapılan çalışmalardaki referanslar rehberliğinde tekrarlanan ön denemeler sonucunda belirlenmiştir. Reaksiyonlar herbirinde 9,5 µl ddH₂O, 1 µl ileri SSR primerleri, 1 µl geri SSR primerleri ve 12,5 µl

Taq 2x Master Mix (1.5 mM MgCl₂), 1 µl seyreltilmiş genomik DNA içeren 25 µl final hacmiyle gerçekleştirilmiştir (Çizelge 2.5). PCR ürünlerinin vermiş olduğu bantlar ise yatay elektroforetik sistemde agaroz jel elektroforezi yöntemiyle belirlenmiş ve iBright CL1000 invitrogen markalı jel görüntüleme sisteminde görüntülenmiştir (Resim 2.25). Jel görüntüleri yorumlanmış ve bantların allel boyutuna göre skorlama işlemi yapılmıştır.

PCR Kimyasalları

Çizelge 2.5 PCR reaksiyonlarında kullanılan kimyasallar ve miktarları

PCR reaksiyonu için (25 µl) reaksiyon formülü	Miktar (µl)
Taq 2x Master Mix (1.5 mM MgCl ₂)	12.5
İleri Primer	1
Geri Primer	1
ddH ₂ O	9.5
DNA Template (10ng/ µl)	1
Toplam	25

Çizelge 2.6 SSR-PCR Döngüsü

İşlem	Sıcaklık	Süre
Ön Denatürasyon	94 ⁰ C	3 dk
Denatürasyon	94 ⁰ C	1 dk
Bağlanma	56-59 ⁰ C	1 dk
Uzama	72 ⁰ C	2 dk
Son Uzama	72 ⁰ C	10 dk

Kullanılan Kimyasallar

Çizelge 2.7 Agaroz jel elektroforezinde kullanılan kimyasallar ve miktarları

Kimyasallar	Miktar
Agaroz (%5)	7.5 gr
Tampon Çözelti 1X	150 ml
Etidyum-Bromür	3 µl
Ladder	3 µl
Agaroz yükleme boyası	2 µl
ddH ₂ O	8 µl
PCR ürünü	2 µl

Agaroz Jel Elektroforez Sistemine Hazırlık Prosedürü

1. 7.5 gr agaroz tartılıp ve erlene konuldu.
2. 150 ml 1X TAE agarozun üzerine eklendi.
3. Hafifçe çalkalanıp ve mikrodalga fırına erimesi için kondu.
4. Tamamen eriyene kadar mikrodalgada kaynatıldı.
5. Biraz soğuduktan sonra üzerine 3 µl Et-Br eklendi.
6. Biraz soğutulmuş olan jel, önceden tarakları yerleştirilip hazırlanmış olan tanka döküldü.
7. Bir süre jelin donması beklendi ve taraklar dikkatlice çıkarıldı. Jel üzerinde kuyucuklar oluşturuldu.
8. Jelin üzerini kapatacak kadar tampon çözelti tanka ilave edildi.
9. 2 µl PCR ürünü + 2 µl Loading Dye + 8 µl ddH₂O parafin üzerinde karıştırılarak kuyucuklara dikkatlice yüklendi.
10. İlk ve son kuyucuğa 3 µl marker konuldu.
11. Cihaz 60 Voltta 150 dakikaya ayarlanarak başlatıldı ve jel yürütüldü.

2.4 Veri Analizleri

Fotoğraflandırılan bantların allel boyutuna göre skorlama işlemi yapılmıştır. Skorlama işlemi kodominant markör tekniğinden dolayı 1(var) – 0(yok) şeklinde gerçekleştirilmiş ve veri analizleri yapılmıştır.

Skorlama neticesinde elde edilen veriler kullanılarak popülasyonlar arasındaki genetik mesafelerin belirlenmesi için GenAlEx 6.1 [134] yazılım programı kullanılmıştır. Genetik çeşitliliğin ölçümleri, tüm popülasyonlar ve bu popülasyonlara ait bireyler kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Genetik çeşitliliğin belirlenmesinde allel frekansları, majör allel frekansları, gen çeşitliliği ve polimorfizm bilgisi içeriği (PIC) gibi temel kriterler kullanılarak bu kriterler için analizler yapılmıştır. Hesaplamalar için POWERMARKER v3.23 [135] yazılım programı kullanılmıştır.

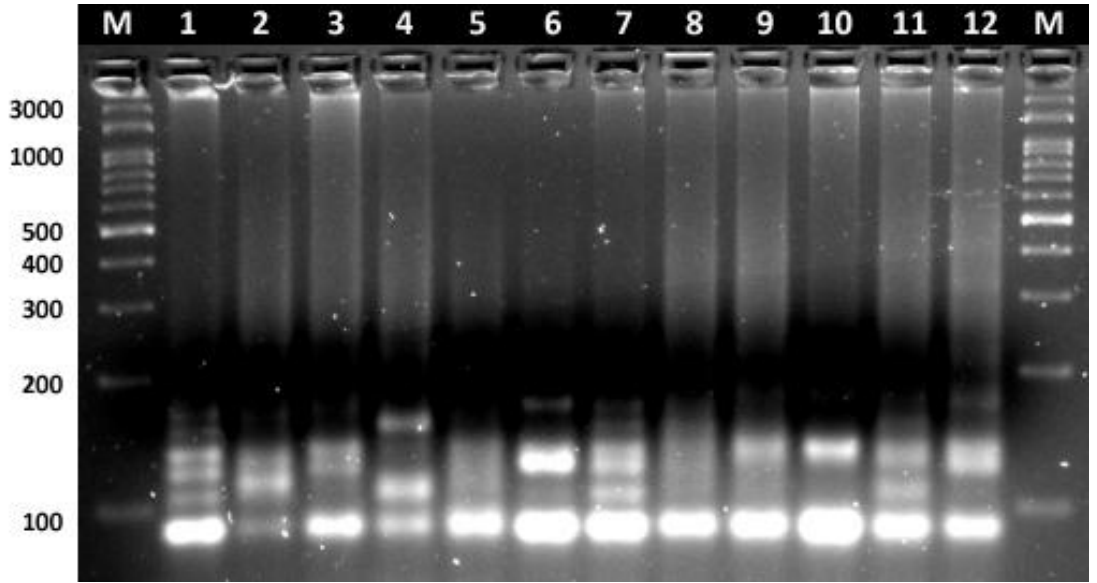
Popülasyon yapısının belirlenmesi için STRUCTURE programı kullanıldı. STRUCTURE programı Bayesian istatistiğini temel almaktadır. Gruplar arasındaki genetik çeşitliliği en fazla açıklayan grubu belirlemek için kullanılan bir programdır. Program her bir K için 10 tekrar ile hesaplanan verilerin logaritma olasılığı olarak değerlendirilen L(K) değerini hesaplayarak grafikler vermektedir. Bu çalışmada optimal küme sayısını (K değeri) belirlemek için K'nın 1'den 10'a kadar olan değerlendirilmesi amacıyla 12 genotip kullanılmıştır. Kaydedilen Markov Chain Monte Carlo (MCMC) replikasyonlarının uzunluğu 10000 tanesi veri toplanmadan atıldı ve her bir yürütmede 100000'den fazla MCMC replikasyonlarından veri toplandı. Bu düzeyin uygun olduğu literatürlerde belirtilmiştir [136]. Ad hoc prosedürü ile Evanno ve arkadaşlarının geliştirdiği tekniğe göre optimal K değeri hesaplandı [137].

STRUCTURE programından elde ettiğimiz verileri doğrulamak ve popülasyonlardaki varyasyonu açıklamak amacı ile Temel Koordinatlar Analizi (PCoA), GenAlEx [134] programı kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Daha sonra neighbour-joining dendrogramı POWERMARKER V3.25 [135] programı kullanılarak oluşturuldu. Buradan elde edilen verileri kullanarak 12 bireyin popülasyon düzeyinde moleküler ilişkisi için Neighbour Joining ağacı DENDROSCOPE programı ile çizilerek görselleştirildi [138].

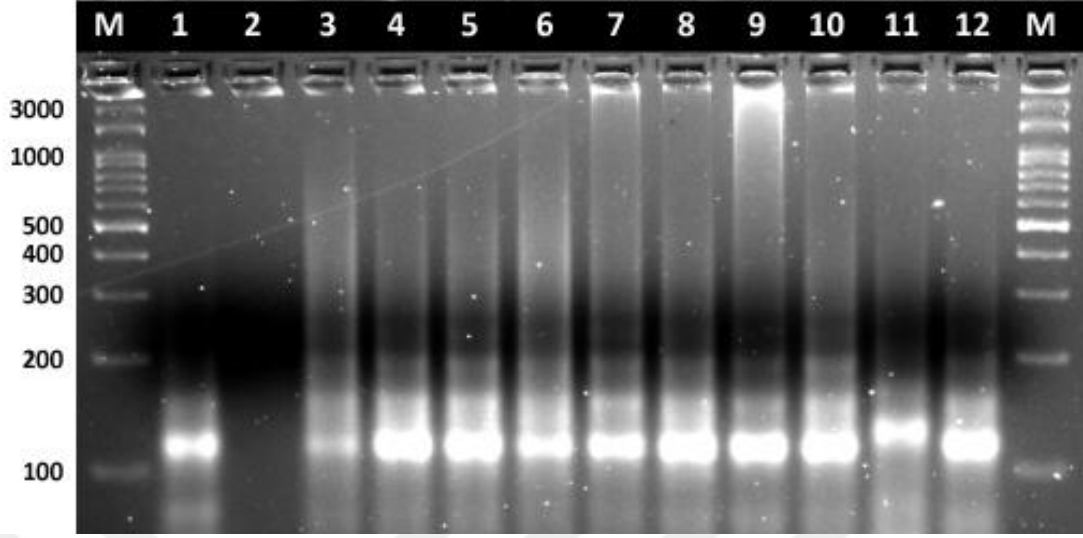
3. BULGULAR

3.1 Moleküler Analizler

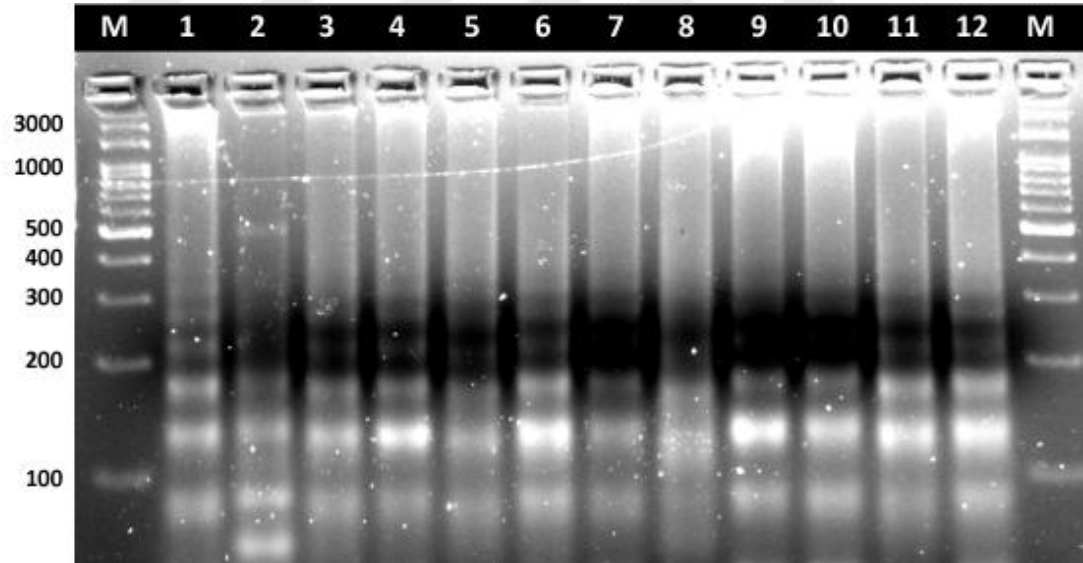
Çalışmada 10 Kavılca Buğdayı (*T. dicoccum*) ve 2 Kırmızı Buğday (*T. aestivum*) 11 SSR primeri ile taranmıştır. Bu primerlerin amplifikasyonları sonucu toplam 41 bant elde edilmiştir. Araştırmada kullanılan buğday genotiplerine ait SSR-PCR analizlerinden elde edilen elektroforez jel görüntüleri aşağıda verilmiştir. Tüm jel görüntülerindeki 1-12 arasında numaralandırılmış örnekler Çizelge 2.1'deki sırayı takip etmektedir.



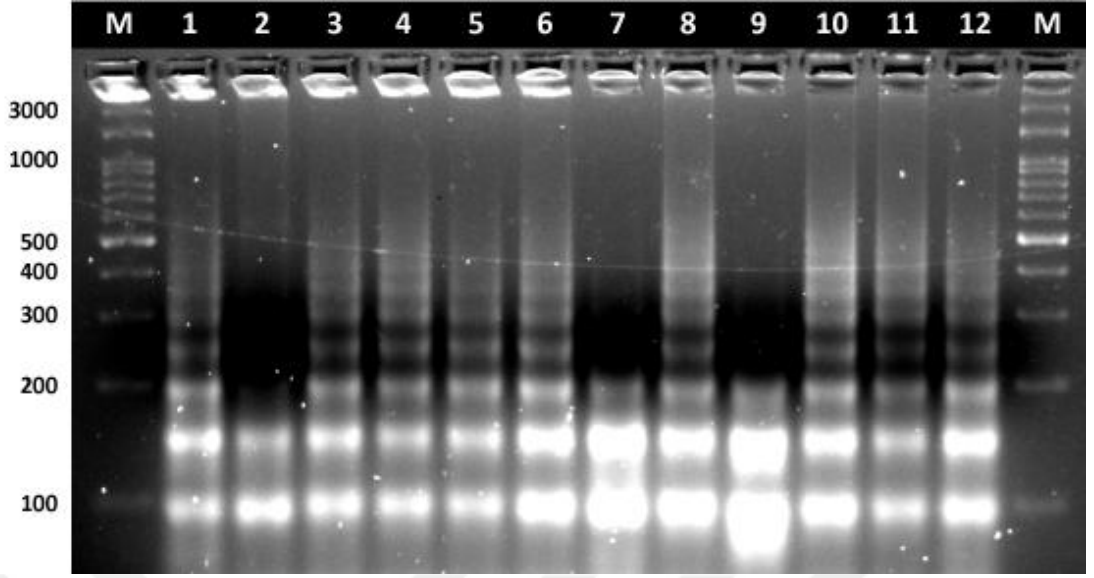
Şekil 3.1 Xgwm46 primeri kullanılarak elde edilen PCR ürünlerinin agaroz jeldeki görüntüsü. 1-2: *T.aestivum*, 3-12: *T. dicoccum*, M: 100 bç'lık DNA Marker'ı



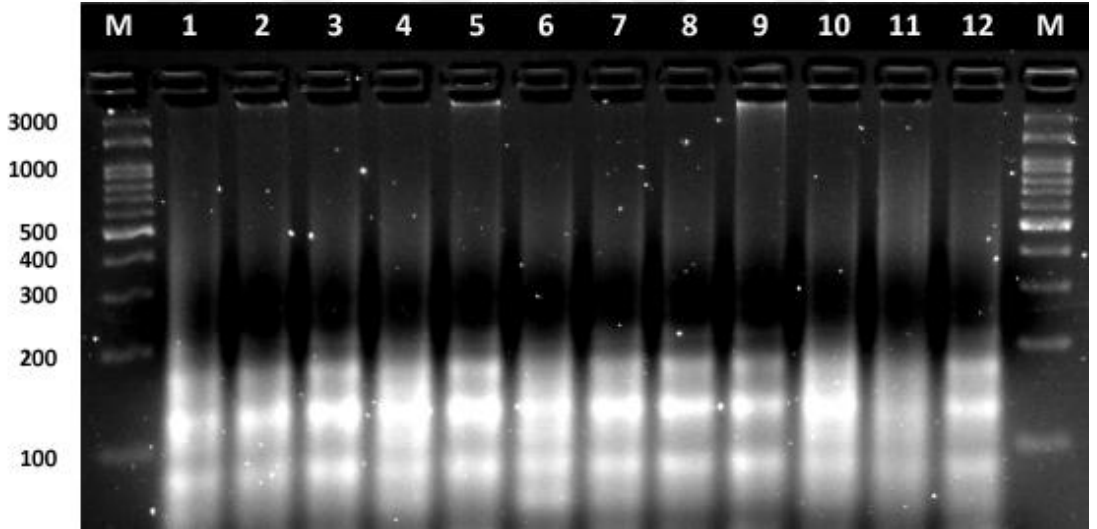
Şekil 3.2 Xgwm95 primeri kullanılarak elde edilen PCR ürünlerinin agaroz jeldeki görüntüsü. 1-2: *T.aestivum*, 3-12: *T. dicoccum*, M: 100 bç'lık DNA Marker'ı



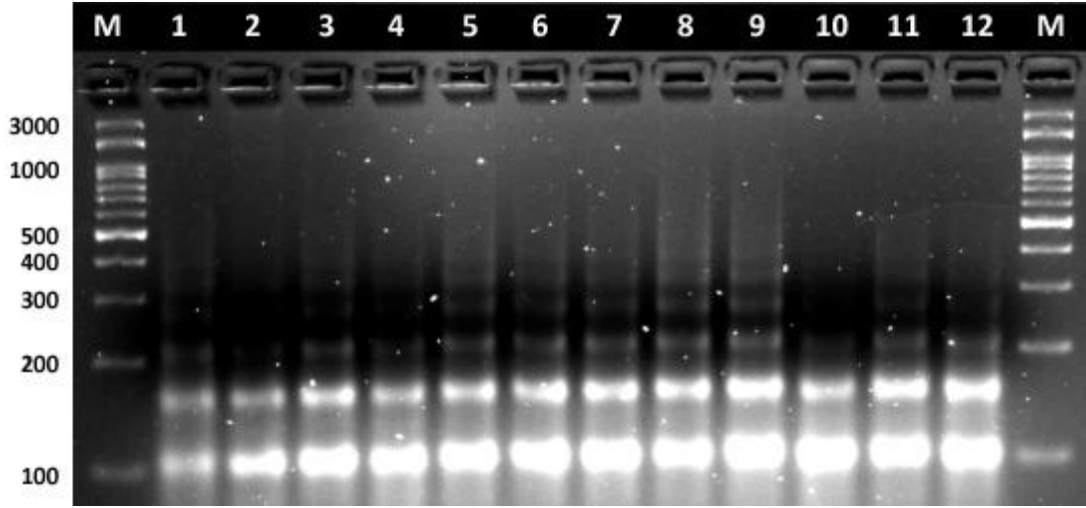
Şekil 3.3 Xgwm120 primeri kullanılarak elde edilen PCR ürünlerinin agaroz jeldeki görüntüsü. 1-2: *T.aestivum*, 3-12: *T. dicoccum*, M: 100 bç'lık DNA Marker'ı



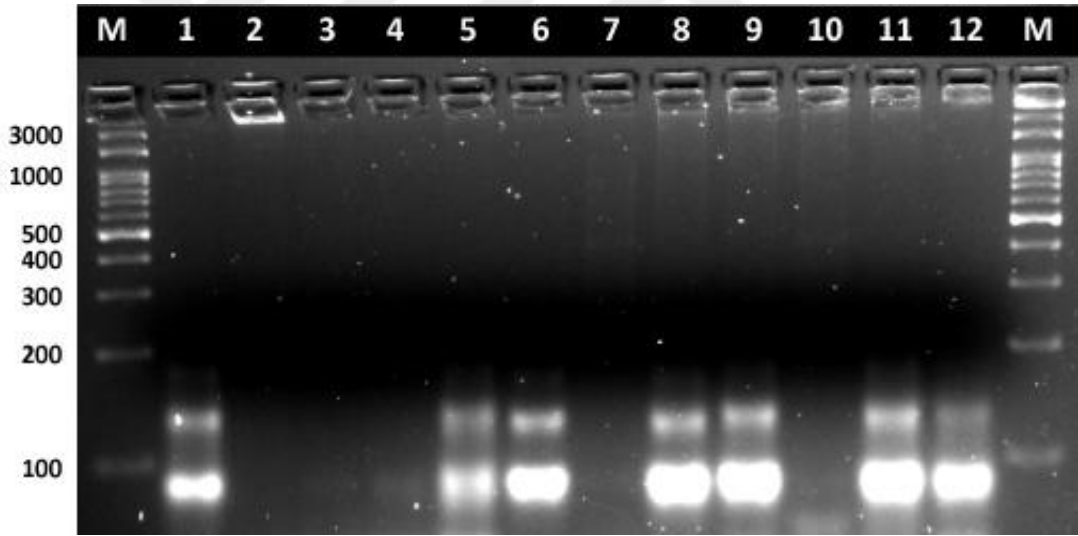
Şekil 3.4 Xgwm154 primeri kullanılarak elde edilen PCR ürünlerinin agaroz jeldeki görüntüsü. 1-2: *T.aestivum*, 3-12: *T. dicoccum*, M: 100 bç'lık DNA Marker'ı



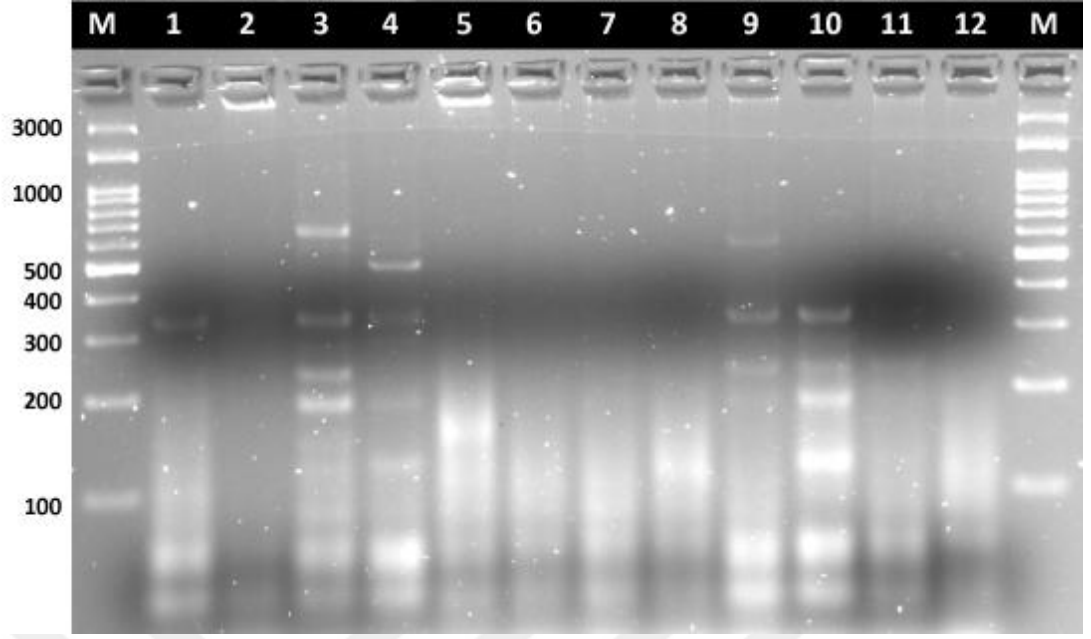
Şekil 3.5 Xgwm155 primeri kullanılarak elde edilen PCR ürünlerinin agaroz jeldeki görüntüsü. 1-2: *T.aestivum*, 3-12: *T. dicoccum*, M: 100 bç'lık DNA Marker'ı



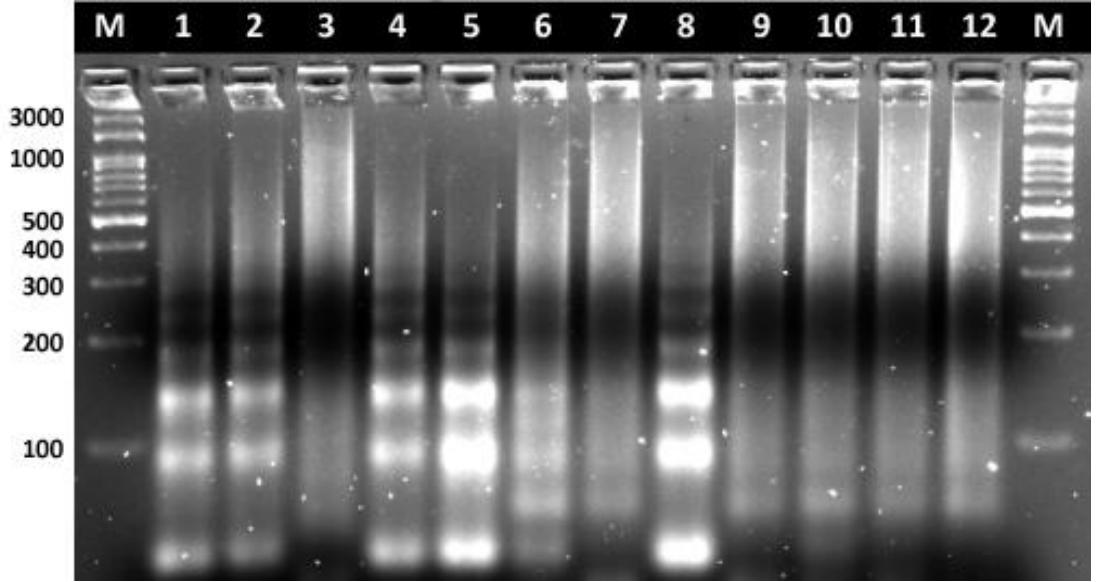
Şekil 3.6 Xgwm340 primeri kullanılarak elde edilen PCR ürünlerinin agaroz jeldeki görüntüsü. 1-2: *T.aestivum*, 3-12: *T. dicoccum*, M: 100 bç'lık DNA Marker'ı



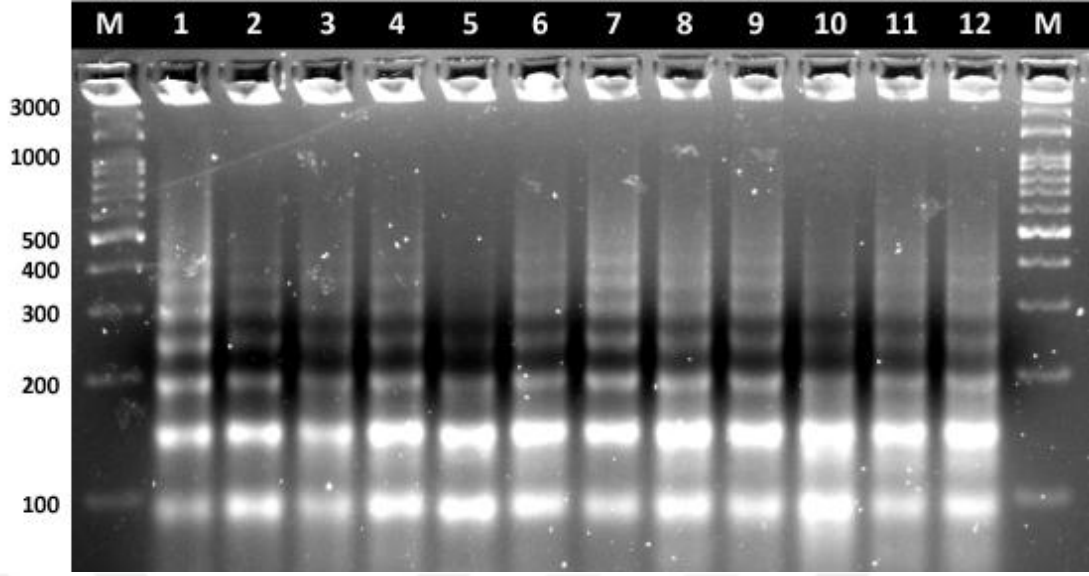
Şekil 3.7 Xgwm361 primeri kullanılarak elde edilen PCR ürünlerinin agaroz jeldeki görüntüsü. 1-2: *T.aestivum*, 3-12: *T. dicoccum*, M: 100 bç'lık DNA Marker'ı



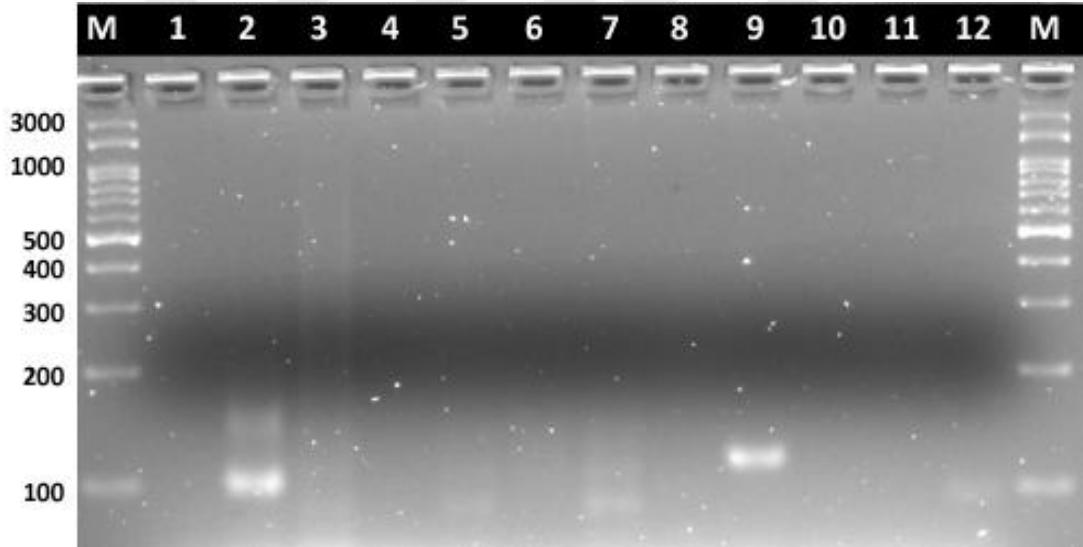
Şekil 3.8 Xgwm389 primeri kullanılarak elde edilen PCR ürünlerinin agaroz jeldeki görüntüsü. 1-2: *T.aestivum*, 3-12: *T. dicoccum*, M: 100 bç'lık DNA Marker'ı



Şekil 3.9 Xgwm540 primeri kullanılarak elde edilen PCR ürünlerinin agaroz jeldeki görüntüsü. 1-2: *T.aestivum*, 3-12: *T. dicoccum*, M: 100 bç'lık DNA Marker'ı



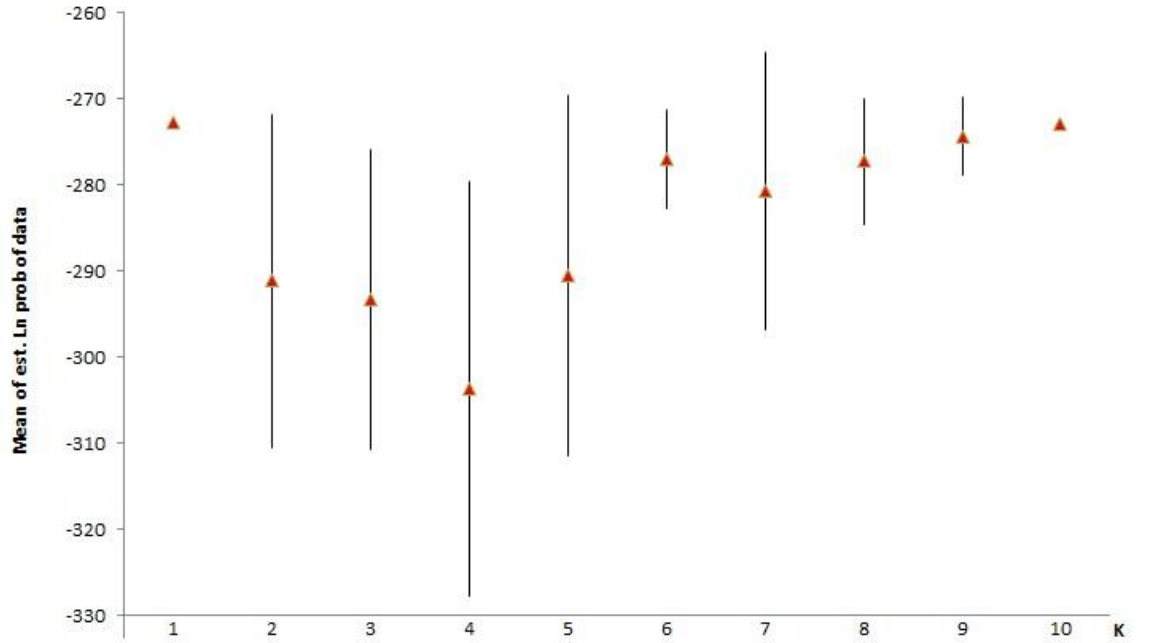
Şekil 3.10 Xgwm558 primeri kullanılarak elde edilen PCR ürünlerinin agaroz jeldeki görüntüsü. 1-2: *T.aestivum*, 3-12: *T. dicoccum*, M: 100 bç'lık DNA Marker'ı



Şekil 3.11 Xgwm601 primeri kullanılarak elde edilen PCR ürünlerinin agaroz jeldeki görüntüsü. 1-2: *T.aestivum*, 3-12: *T. dicoccum*, M: 100 bç'lık DNA Marker'ı

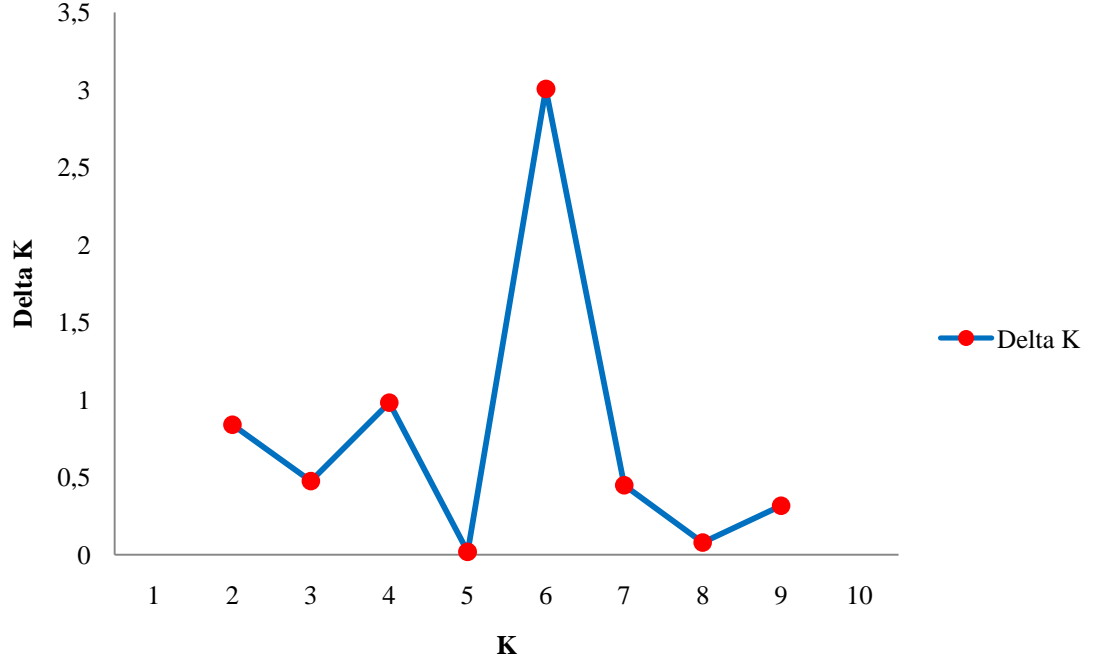
3.2 Popülasyon Yapısı ve Dinamiği Analizi

Popülasyon yapısı STRUCTURE programında optimum K değerine göre belirlenmiştir. Optimal K değeri hem Pritchard ve ark. (2000) tarafından belirlenen ad hoc prosedürü hem de Evanno ve ark. (2005) tarafından belirlenen yöntemle göre belirlenmiştir. Aşağıdaki grafikler (Şekil 3.12 ve Şekil 3.13) her iki yöntemden elde edilen sonuçların optimal K değerini şematize etmektedir. Her iki yöntemde de optimal K değerinin (yani küme sayısının) 6 olduğu görülmüştür.



Şekil 3.12 Optimal K değerinin belirlenmesi için Pritchard ve arkadaşlarının (2000) tanımladığı ad hoc prosedürüne göre elde edilen sonuç

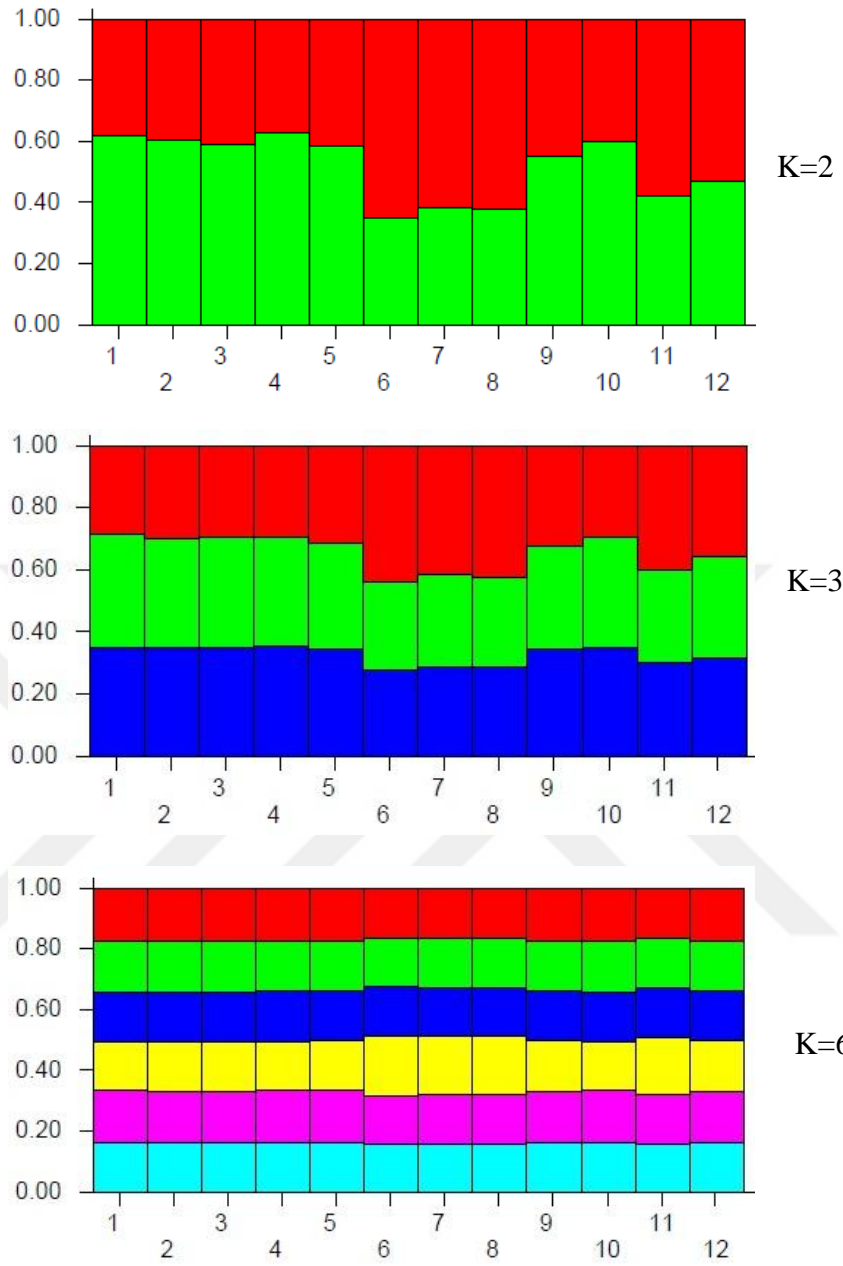
Evanno ve ark. tarafından önerilen ΔK kriteri Şekil 3.13'de görüldüğü gibi 6 grupta ($K=6$) maksimum değeri vermektedir.



Şekil 3.13 Optimal K değerinin belirlenmesi için Evanno ve arkadaşlarının (2005) tanımladığı Delta K prosedürüne göre elde edilen sonuç

Çizelge 3.1 2 ile 8 arasındaki her küme için ortalama $\text{LnP}(K)$, standart sapma ve Delta K değeri. Evanno ve ark. (2005)'na göre en iyi K değeri yıldızlı olandır

K	Tekrarlar	Ortalama $\text{LnP}(K)$	Std.Sapma $\text{LnP}(K)$	Delta K
2	10	-291.14	19.42	0.83
3	10	-293.28	17.45	0.47
4	10	-303.7	24.06	0.98
5	10	-290.5	20.93	0.018
6*	10	-276.92	5.76	3.005
7	10	-280.68	16.08	0.44
8	10	-277.23	7.33	0.07



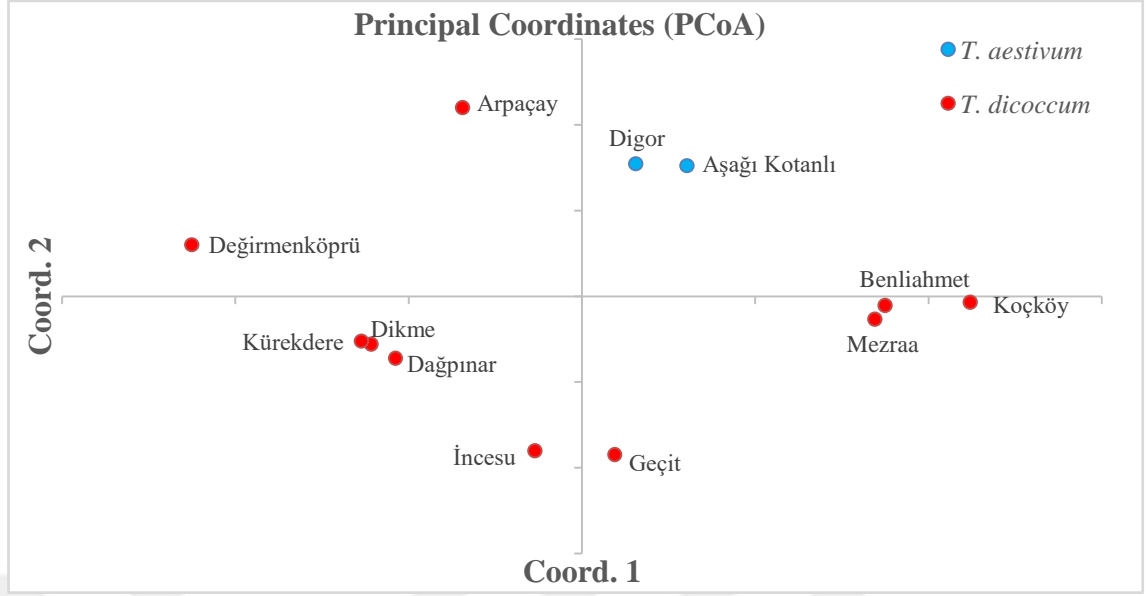
Şekil 3.14 K=2, K=3 ve K=6 için Bayes çıkarımına dayanan STRUCTURE görüntüleri

11 SSR primeri ile analiz edilen 12 popülasyon arasında Bayes çıkarımına dayanan STRUCTURE görüntüleri Şekil 3.14'te verilmiştir. Ad hoc ve delta K protokollerine göre 6 sonucu elde edilmesine rağmen popülasyonların STRUCTURE programında net olarak ayrışmadığı görülmektedir. Bunun sebebinin ise kullanılan markör sayısının yetersiz olması ile ilişkili olduğu düşünülmektedir.

3.3 Temel Koordinatlar Analizi (PCoA)

STRUCTURE ile elde edilen sonuçları doğrulamak ve popülasyonlar arasındaki varyasyonları minimum seviyede açıklamak amacıyla 10 tetraploit ve 2 hekzaploit genotip için Temel Koordinatlar Analizi (PCoA) yapılmıştır. Analiz yapılırken *T. dicoccum* ve *T. aestivum* türleri PCoA ile görselleştirilmiş ve her iki tür farklı renklerle kodlanmıştır. PCoA analizi incelendiğinde *T. dicoccum* ve *T. aestivum* buğday popülasyonları UPGMA dendrogram sonuçlarına benzer şekilde gruplaşmıştır (Şekil 3.15). Analize göre genotipler 3 temel küme şeklinde gruplaşma göstermektedir. Sonuçlara bakıldığında ABD genomuna sahip *T. aestivum* türünün AB genomuna sahip *Triticum dicoccum* türünden net bir şekilde ayrı grup oluşturduğu görülmektedir. Çalışmada karşılaştırma yapmak amacıyla kullandığımız ekmeklik kırmızı buğdayın (*T. aestivum*) birbirine yakın akrabalık sergilemesi beklenen bir durumdur.

PCoA sonucuna göre *T. dicoccum* (kırmızı renkli) ve *T. aestivum* (mavi renkli) bariz bir şekilde ayrılmıştır. 11 ve 12 no'lu bireylerin de ayrı konumlandığı belirlenmiştir. 6, 7 ve 8 numaralı genotipler iç içe bir pozisyonda yer almıştır. 3, 4 ve 10 numaralı bireyler de birbirine yakın konumlanmıştır. Aynı türden olan 1 ve 2 nolu bireyler de yakın bir pozisyonda yer almıştır. Genetik mesafe değerlerine göre uzaklığın en az olduğu 6 ve 8 numaralı popülasyonlar birbirine en yakın konumlanırken, genetik uzaklığın en fazla olduğu 4 ve 11 no'lu popülasyonlar ise birbirine en uzak konumlanan popülasyonlar olmuştur (Şekil 3.15). Analiz sonucuna göre aynı türden olan *T. dicoccum* popülasyonlarının farklı gruplara dağılması genotipler arasında genetik varyasyon düzeyine işaret etmektedir.



Şekil 3.15 11 SSR markörünün kullanıldığı analizden elde edilen iki ana komponent temelinde farklı lokasyonlara ait kavılca buğdayı popülasyonlarının (*T. dicoccum*) birbirinden ayrılması ve *T. aestivum* popülasyonu ile ayrımı

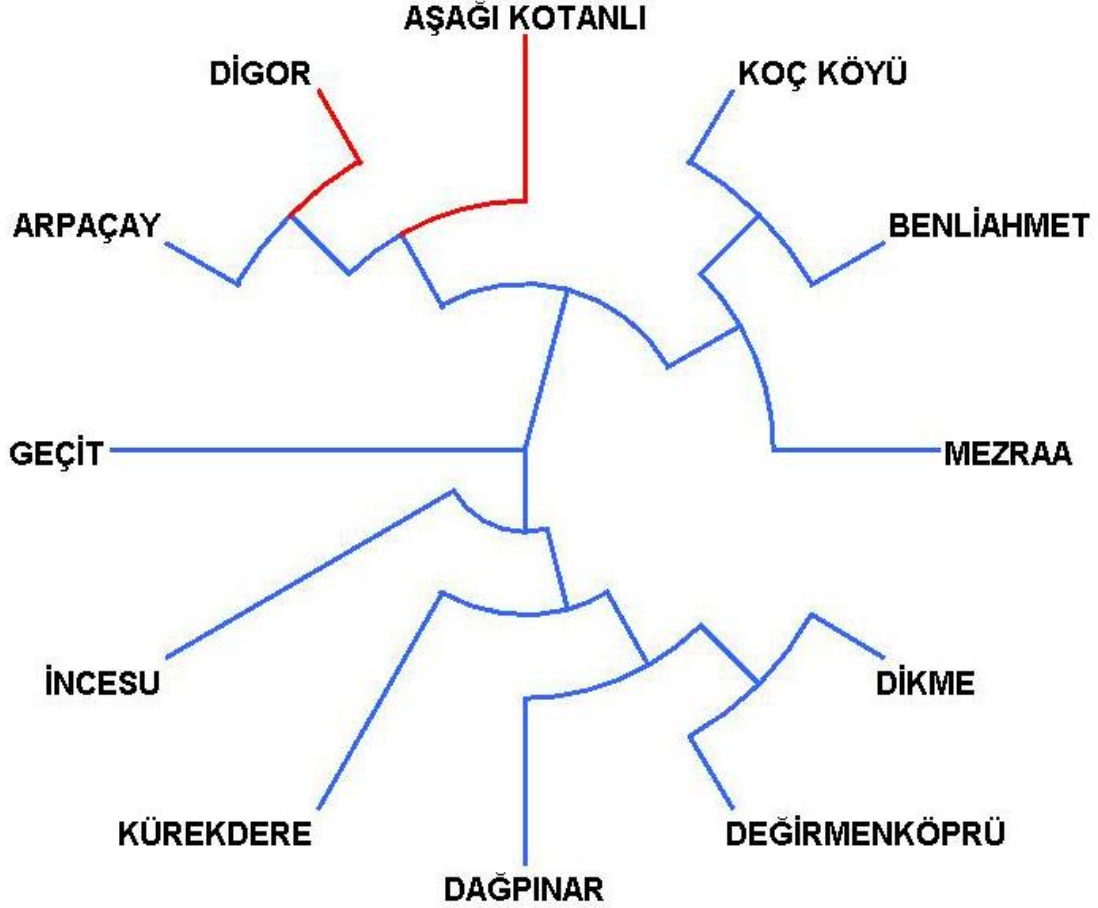
3.4 Moleküler Filogenetik Analizler

STRUCTURE ve PCoA'dan ortaya çıkan sonuçları teyit edebilmek ve 12 buğday genotipine ait moleküler ilişkileri belirlemek amacıyla moleküler filogenetik analizi yapıldı. Bu analizi yapabilmek için POWERMARKER V3.25 (2005) programı kullanıldı. Programdan elde edilen veriler ile 12 bireyin popülasyon düzeyinde moleküler ilişkisinin belirlenmesi için oluşturulan Neighbour-Joining ağacı DENDROSCOPE programı yardımıyla görselleştirilmiştir (Şekil 3.16).

12 genotip için oluşturulan NJ ağacında kırmızı çizgi ile gösterilenler *T. aestivum* türüne, mavi çizgi ile gösterilenler ise *T. dicoccum* türüne aittir. Aynı türden olan *T. aestivum* genotipleri dendrogramda yakın kümelenmişlerdir. Ayrıca Arpaçay'dan temin edilen *T. dicoccum* türünün de *T. aestivum* türüne çok yakın yer aldığı görülmüştür.

Dendrograma göre 12 popülasyon üç ana gruba ayrılmıştır. Bunlardan birinci ana grup iki alt gruba ayrılmıştır. Bu alt gruplardan birinde İncesu popülasyonu, diğer alt grupta ise kendi içinde tekrar alt gruplara ayrılan Kürekdere, Dağpınar, Değirmenköprü ve Dikme popülasyonları kümelenmiştir. İkinci ana grubunda iki alt gruba ayrıldığı görülmüştür. Bu alt gruplardan her ikisi de tekrar alt grup oluşturmuştur. İkinci ana

grubun ilk alt grubunda Mezraa, Benli Ahmet ve Koçköyü popülasyonları gruplanmıştır. İkinci ana grubun diğer alt grubunda ise Aşağı Kotanlı, Digor ve Arpaçay popülasyonları kümelendirilmiştir. Üçüncü ana grupta ise sadece Geçit popülasyonu bulunmaktadır.



Şekil 3.16 12 Popülasyona Ait Filogenetik İlişkinin NJ Ağacı

3.5 Genetik Çeşitlilik Analizi

Çalışmada 12 genotipe ait genetik çeşitliliği hesaplamak için; Allel Frekansı, Majör Allel Frekansı, Gen Çeşitliliği ve Polimorfik Bilgi İçeriği gibi parametrelerin analizi gerçekleştirildi. Genetik mesafe popülasyonlar arasındaki uzaklaşmanın bir ifadesidir. Mesafe değeri küçükse yakın bir genetik ilişki olduğu, mesafe değeri büyükse genetik ilişkinin daha uzak olduğu anlaşılabilir. Bu çalışmada popülasyonlar arasındaki genetik mesafe Nei'nin [139] genetik uzaklık hesaplama yöntemine göre hesaplanmıştır. 12 popülasyon için yapılan genetik mesafe sonuçlarına bakıldığında en az genetik

uzaklığın 6 (Dikme) ve 8 (Dağpınar) numaralı *T. dicoccum* popülasyonları arasında olduğu görülmektedir. En fazla genetik mesafenin ise 4 (Koçköy) ve 11 (Değirmenköprü) *T. dicoccum* popülasyonları arasında olduğu görülmektedir (Çizelge 3.2). Buldukları lokasyonlara bakıldığında birbirine uzak konumlarda olan Dikme ve Dağpınarda genetik mesafenin en az olduğu görülürken, birbirine oldukça yakın olan Koçköy ve Değirmenköprü'de ise genetik mesafe en fazladır.

Çizelge 3.2 SSR analizi sonucuna göre 2 *T. aestivum* ve 10 *T. dicoccum* popülasyonlarının Nei'ye göre tüm lokuslar için hesaplanan genetik mesafe matrisi (GD)

Pop	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	0											
2	18	0										
3	16	18	0									
4	19	15	9	0								
5	19	19	19	18	0							
6	16	16	12	15	13	0						
7	16	14	14	19	13	6	0					
8	18	14	16	13	11	4	8	0				
9	18	20	12	17	15	10	10	12	0			
10	14	16	10	13	17	14	14	14	12	0		
11	18	18	18	23	19	8	10	10	16	20	0	
12	12	12	14	17	21	10	12	12	20	16	10	0

Bu çalışmada Kars'ın farklı lokasyonlarından temin edilen 10 kavılca (*T. dicoccum*) buğday popülasyonu ve 2 kırmızı buğday (*T. aestivum*) popülasyonu SSR primerleri kullanılarak analiz edilmiştir. SSR primerleri toplamda 41 allel üretmiştir. Allel sayıları incelendiğinde en yüksek allel sayısı (9) Xgwm-389 lokusunda en düşük allel sayısı ise (2) Xgwm-95, Xgwm-154, Xgwm-361 ve Xgwm-540 lokuslarında belirlenmiştir. Ortalama allel sayısı ise 3,72 olarak hesaplanmıştır (Çizelge 3.4).

Lokustaki allel frekansı hesaplamaları inceleyen tüm popülasyonlarda allelin bulunma oranı dikkate alınarak yapılır. Bu çalışmada analizi yapılan popülasyonlarda 11 lokus tespit edilmiştir (Çizelge 3.3). Lokus düzeyinde bakacak olursak;

Xgwm-46 lokusu için en yüksek allel frekansı 0.41 ile 4 ve 5 numaralı allelde gözlenirken 0.08 ile de 6. allelde en düşük değer gözlenmiştir.

Xgwm-95 lokusunda gözlenen 2 allelde 0.83 ile eşit değer tespit edilmiştir.

Xgwm-120 lokusunda en yüksek allel frekansı 0.58 ile 4 numaralı allelde en düşük değer ise 0.08 ile 3 numaralı allelde gözlenmiştir.

Xgwm-154 lokusunda gözlenen 2 allelde en yüksek değer 0.75, en düşük değer ise 0.25 olarak tespit edilmiştir.

Xgwm-155 lokusu için 0.66 değeri ile en yüksek allel frekansı 3 numaralı allelde belirlenirken 0.08 değeri ile de 2 numaralı allelde en düşük değer belirlenmiştir.

Xgwm-340 lokusunda frekans değerleri 0.5 olmak üzere 4 allel tespit edilmiştir.

Xgwm-361 lokusunda belirlenen 2 allelden 0.33 değeri ile en yüksek frekansa sahip 1 numaralı allel olur iken 0.25 değeri de 2 numaralı allelde belirlenmiştir.

Xgwm-389 lokusu için en yüksek allel frekansı değeri 0.33 ile 3 ve 4 numaralı allelde belirlenirken, en düşük frekans değeri 0.08 ile 2, 7, 8 ve 9 numaralı allellerde belirlenmiştir.

Xgwm-540 lokusunda en yüksek allel frekansı 0.33 ile 2 numaralı allelde, en düşük frekans değeri de 0.08 ile 1 numaralı allelde tespit edilmiştir.

Xgwm-558 lokusunda en yüksek frekans değeri 0.83 ile 2 ve 4 numaralı allellerde belirlenirken en düşük frekans değeri 0.16 değeri ile 1 ve 3 numaralı allellerde belirlenmiştir.

Xgwm-601 lokusu için en yüksek allel frekansı 0.25 ile 1 numaralı allelde gözlenirken en düşük frekans değeri 0.08 ile 3 ve 4 numaralı allellerde gözlenmiştir.

Çizelge 3.3 Popülasyonlara göre lokuslardaki allel frekansları

Allel/Lokus	Xgwm-46	Xgwm-95	Xgwm-120	Xgwm-154	Xgwm-155	Xgwm-340	Xgwm-361	Xgwm-389	Xgwm-540	Xgwm-558	Xgwm-601
1	0.25	0.83	0.16	0.75	0.16	0.5	0.33	0.25	0.08	0.16	0.25
2	0.16	0.83	0.5	0.25	0.08	0.5	0.25	0.08	0.33	0.83	0.08
3	0.25		0.08		0.66	0.5		0.33		0.16	0.08
4	0.41		0.58			0.5		0.33		0.83	
5	0.41							0.16			
6	0.08							0.25			
7								0.08			
8								0.08			
9								0.08			

Çalışmamızda genetik çeşitliliğin tespit edilmesinde polimorfik lokusun etkinliğini belirlemek için Polimorfik Bilgi İçeriği (PIC) değeri hesaplanmıştır. Kavılca buğday genotiplerinde polimorfik bilgi içeriği (PIC) en yüksek 0.375 değeri ile Xgwm-340 primer çiftinde gözlenirken, en düşük 0.190 değeri ile Xgwm-95 primer çiftinden elde edilmiştir. Polimorfik bilgi içeriği bakımından; 0.325 ile Xgwm-361, 0.304 ile Xgwm-154 ve 0.287 ile Xgwm-46 SSR primer çiftleri yüksek değerler elde edilen primerler olmuştur. Xgwm-46, Xgwm-154 ve Xgwm-361 primerlerinin kavılca buğday genotiplerinin, genetik çeşitliliğini ayırt etmede en etkili primerler olduğu anlaşılmaktadır. Kavılca genotipleri için ortalama polimorfik bilgi içeriği (PIC) ortalaması 0.264 olarak tespit edilmiştir (Çizelge 3.4).

Çizelge 3.4 İki türün (*T. dicoccum*, *T. aestivum*) 11 SSR markör ile amplifikasyonları sonucu oluşan toplam allel sayıları ve PIC değerleri

No	Primer Adı	Allel Sayısı	PIC Değeri
1	Xgwm-46	6	0.287
2	Xgwm-95	2	0.190
3	Xgwm-120	4	0.280
4	Xgwm-154	2	0.304
5	Xgwm-155	3	0.241
6	Xgwm-340	4	0.375
7	Xgwm-361	2	0.325
8	Xgwm-389	9	0.233
9	Xgwm-540	2	0.243
10	Xgwm-558	4	0.239
11	Xgwm-601	3	0.195
Ortalama		3.72	0.264

İstatistiksel sonuçlara bakıldığında; allel sayısı ortalaması (3.45), gen çeşitliliği (0.30) ve polimorfik bilgi içeriğinin (0.24) kavılca buğdayında, kırmızı buğdaya göre fazla olması (Çizelge 3.5) genetik çeşitliliğin de kavılca buğdayında daha yüksek düzeyde olduğunu ispatlamaktadır. Analizler sonucunda ortaya çıkan bu farklılık aslında *T. dicoccum* türünde genetik çeşitliliğin belli bir düzeyde korunduğunu da göstermektedir. Çünkü birçok kültür formunda yapay seleksiyon nedeniyle genetik homojenite görülebilmektedir.

Çizelge 3.5 İki türün (*T. dicoccum*, *T. aestivum*) 12 adet genotipi için 11 SSR lokusu temelinde aralıkları ile birlikte (parantez içinde) çeşitlilik istatistikleri

Parametre	Tamamı	<i>T.aestivum</i>	<i>T.dicoccum</i>
Birey Sayısı	12	2	10
Allel Sayısı	3.72 (2.00-9.00)	2 (0.00-2.00)	3.45 (0.00-9.00)
Majör Allel Frekansı	0.76 (0.50-0.91)	0.78 (0.50-1.00)	0.78 (0.50-1.00)
Gen Çeşitliliği	0.32 (0.15-0.48)	0.21 (0.00-0.50)	0.30 (0.00-0.50)
Polimorfik Bilgi İçeriği	0.26 (0.14-0.37)	0.16 (0.00-0.37)	0.24 (0.00-0.37)

3.6 Coğrafi ve Genetik Uzaklıkların Korelasyonu

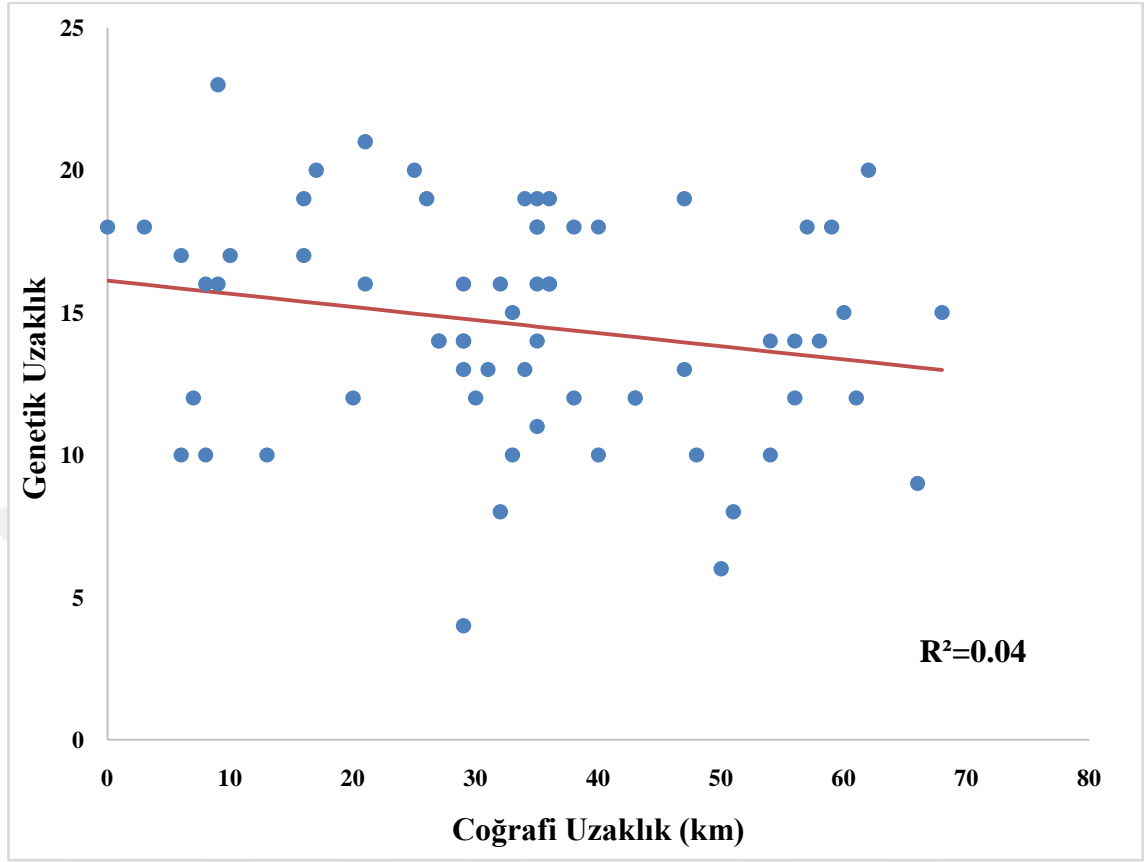
Coğrafi uzaklık ve genetik uzaklık arasındaki ilişkiyi belirleyebilmek amacıyla GenAlEx 6.1 yazılımı ile popülasyonlar arasındaki genetik mesafe matrisi hesaplanmıştır. Popülasyonların enlem ve boylam değerleri Çizelge 3.6'da verilmiştir. Bu değerler kullanılarak popülasyonların coğrafi uzaklık matrisi hesaplanmıştır (Çizelge 3.7). Tüm genotipler için coğrafi uzaklık ve genetik uzaklık arasında yapılan karşılaştırmada istatistiksel olarak zayıf negatif bir korelasyon olduğu ortaya çıkmıştır ($R^2=0.04$) (Şekil 3.17).

Çizelge 3.6 *T. dicoccum* ve *T. aestivum* lokasyonlarının Enlem-Boylam değerleri

Pop. No	Buğday Lokasyonları	Enlem (N)	Boylam (E)
1	Dağpınar (Digor)	40,46344900	43,32416601
2	Aşağı kotanlı Köyü (Selim)	40,46218999	42,90562599
3	Benliahmet Köyü (Selim)	40,48790500	42,90257291
4	Koç Köyü (Arpaçay)	40,86334199	43,51571701
5	İncesu Köyü (Susuz)	40,74201600	43,12925090
6	Dikme Köyü (Merkez)	40,50762901	42,98111494
7	Kürekdere Köyü (Arpaçay)	40,71816590	43,49843090
8	Dağpınar Köyü	40,46344900	43,32416601
9	Geçit Köyü (Akyaka)	40,77485460	43,51654368
10	Mezraa Köyü (Merkez)	40,69680501	43,17520889
11	Değirmenköprü Köyü (Arpaçay)	40,81860901	43,42140101
12	Arpaçay Merkez	40,84674701	43,33209501

Çizelge 3.7 *T. dicoccum* ve *T. aestivum* popülasyonlarının tüm genotipleri için hesaplanan coğrafik mesafe matrisi (km)

Pop	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	0											
2	35	0										
3	36	3	0									
4	47	68	66	0								
5	35	36	34	35	0							
6	29	8	7	60	29	0						
7	32	58	56	16	31	50	0					
8	0	35	36	47	35	29	32	0				
9	38	62	61	10	33	54	6	38	0			
10	29	35	33	34	6	27	27	29	30	0		
11	40	59	57	9	26	51	13	40	9	25	0	
12	43	56	54	16	21	48	20	43	17	21	8	0



Şekil 3.17 12 popülasyonun coğrafi ve genetik uzaklık matrisleri arasında Mantel testi regreasyonu

4. SONUÇLAR VE TARTIŞMA

Triticum urartu (baba ebeveyn) ve *Triticum speltoides* (ana ebeveyn) türlerinin tozlaşması sonucunda yeni bir tür olan *T. dicoccoides* türünün ($4x=28$) olduğu bilinmektedir [62]. Günümüzde, tüm dünyada yaygın şekilde yetiştirilen makarnalık ve ekmeklik buğdayların kültüre alınmasında yabancı tetraploit *T. dicoccoides* buğdayı önemli rol oynamıştır. Çünkü bu tür ekmeklik ve makarnalık kültür türlerinin, kültüre alınmasında ana rolü üstlenmiştir. *T. dicoccoides* tetraploit buğdayların ilk yabancı formudur. Anadolu'da ise yabancı gernik olarak tanınmaktadır. Çalışmamızda kullandığımız *T. dicoccum* ise yabancı gernik'in kültüre alınmış formudur. Tetraploit bir türdür ve kromozom sayısı da $2n=4x=28$ 'dir. *T. dicoccum* türünün kültüre alınmasıyla yabancı atasının başakçıklarını dökme özelliği engellenmiş fakat tane kavuzluluğu özelliği değişmemiştir. Çalışmamıza konu olan kavılca buğdayı aslında Kars ilinde yetişen *T. dicoccum* türünün yerel bir çeşididir [65, 140]. Kars ilinde tarımsal araziler yüksek rakımdadır ve gece gündüz ısı farklılıkları oldukça yüksektir, bu nedenle coğrafik ve iklimsel varyasyonlar görülebilmektedir. Kars'a özgü önemli bir yerel genetik kaynak olan kavılca, bölgenin soğuk iklim şartlarına uyum sağlayarak tohumu çevreleyen kabuk sayısını arttırmış ve başağındaki çatalları kalınlaştırmıştır [52]. Köken olarak kavılca buğdayının ilk kez Güneydoğu Anadolu Bölgesi 'Verimli Hilal'de kültüre alındığı kabul edilmektedir. Ülkemizde yüksek verimli buğdayların yaygınlaşmasından önce kavılca, beslenmede çok kullanılan bir çeşit idi. Günümüzde insan beslenmesinde ihmal edilmiş olan kavılca buğdayı, Kars dışında Kastamonu, Karabük, Çorum, Çankırı, Bilecik, Eskişehir ve Bolu'da az miktarda yetiştirilmektedir. Kars dışında yetiştirilen bölgelerdeki kavılca buğdayının kavuz yapısı, iklim farkından dolayı daha yumuşaktır dolayısıyla hasadı ve kavuzların ayrılması daha kolaydır [141, 142].

DNA markörleri kullanılarak yapılan gen etiketleme, genetik haritalama, genetik çeşitlilik çalışmaları, filogenetik analizler gibi çalışmalar özellikle polimeraz zincir reaksiyonun keşfedilmesinden sonra oldukça kolaylaşmıştır [71]. Diğer tahıllarda olduğu gibi en yaygın tahıl grubu olan buğdayda da tür ya da popülasyon düzeyinde, belli lokuslardaki farklılıkların saptanması için moleküler markörler kullanılmaktadır. Moleküler markörler popülasyonlar ya da genotipler arasındaki polimorfizm bilgisinden yararlanılarak varyasyonların ortaya çıkarılmasında görev gören araçlardır [73]. Çalışmamızda kullandığımız SSR'lar; filogenetik akrabalıklar, genetik çeşitlilik, genetik

haritalama, popülasyon genetiği, evrimsel genetik gibi birçok alanda kullanılan moleküler markör tekniğidir [89]. Dreisigacker ve ark. [98] 36 buğday popülasyonu arasındaki genetik çeşitliliği belirlemek amacıyla yaptıkları bir çalışmada SSR markörleri kullanmışlardır. Çalışmada 44 SSR markör kullanılmış ve genetik ilişkilerin belirlenmesinde SSR'ların oldukça etkili bir araç olduğunu belirtmişlerdir. Yine başka bir çalışmada Fahima ve ark. [129] yabancı emmer buğdayı popülasyonlarında SSR polimorfizmi araştırmışlardır. 135 genotip 20 SSR ile muamele edilmiştir. Elde ettikleri sonuçlara göre yabancı emmer buğdayı için genetik çeşitlilik belirleme çalışmalarında SSR markörlerin çok kullanışlı olduğunu rapor etmişlerdir. Yine Pagnotta ve ark. [112] yaptıkları bir çalışmada *T. dicoccon* türünün moleküler karakterizasyonunu farklı markörler kullanarak yapmışlardır. Sonuç olarak SSR'ların kullandıkları diğer markörlere (ISSR ve EST-SSR) göre emmer genotipleri için çok etkili ayırım gücüne sahip olduklarını belirtmişlerdir. Kumar ve ark. [127] buğday genotiplerinde, DNA parmak izi ve genetik çeşitliliği SSR markörler kullanarak analiz etmişlerdir. Çalışmalarında 39 polimorfik SSR markör kullanmışlardır. Sonuç olarak SSR markörlerin, DNA parmak izi ve genetik çeşitlilik belirleme çalışmalarında kullanımlarının uygun olduğunu rapor etmişlerdir.

Kavılca buğday genotiplerinin popülasyon yapıları Bayesian yöntemi ile STRUCTURE programı kullanılarak değerlendirilmiştir. Programda Bayesian yöntemi ile her bireye yerleştirdiği K kümelerini belirlemek için SSR veri bilgilerimizin tamamını kullanarak örnekleme yapılmaktadır. (Şekil 3.12) Farklı K değerleri her biri 10 bağımsız değerde (1-10) test edilmiştir. Optimal K değeri 6 olarak bulunmuştur (Şekil 3.13). K kriterine göre seçilen değerler Çizelge 3.1'de verilmiştir. 11 SSR primeri ile analiz edilen 12 popülasyon arasında Bayesian yöntemine dayanan STRUCTURE görüntüleri Şekil 3.14'te verilmiştir. Ad hoc ve delta K protokollerine göre 6 sonucu elde edilmesine rağmen popülasyonların STRUCTURE programında net olarak ayrılmadığı görülmektedir. Bunun sebebinin ise kullanılan markör sayısının yetersiz olması ile ilişkili olduğu düşünülmektedir. Arystanbekkyzy ve ark. [109] Türkiye'de yetişen yabancı ve kültür emmer buğdaylarının filogenetik ve taksonomik ilişkilerini araştırmışlar ve yaptıkları STRUCTURE analizi sonuçlarına göre optimum delta K değerini 2 olarak bulmuşlardır. Gurcan ve ark. [143] 70 adet Türkiye'nin eski buğday tarlalarından toplanmış gernik buğdayı, Tir buğdayı ve Kavuzlu buğday genotiplerinde

SSR kullanarak yaptıkları moleküler karakterizasyon ve agro-morfolojik çalışmalarında STRUCTURE analizi sonucunda buğday gen havuzunun K=6 ana gruba ayrıldığını optimal K değerinin 6 olduğunu bildirmişlerdir. Oliveira ve ark. [144] İberya yarımadasından, 7 tetraploit buğday popülasyonunu çekirdek ve kloroplast SSR markörler ile incelemişlerdir. Çalışmalarında STRUCTURE analizi yapmışlardır ve yaptıkları ΔK , $\ln P(D)$ ve Q-matris korelasyon analizleri ile K=2 ve K=6'da popülasyon karışımlarının kararlılık gösterdiğini bildirmişlerdir. Bu sonuçların elde ettiğimiz K=6 değeri ile uyduğu görülmektedir. Fakat literatüre baktığımızda K=2 ve K=3 optimum değerlerinin belirlendiği çalışmalar da yoğunluk kazanmaktadır. Buradaki farklılığın bizim markör sayımızın yeterli olmamasından kaynaklandığını söyleyebiliriz.

STRUCTURE sonuçlarını doğrulamak için Temel Koordinat Analizi (PCoA) gerçekleştirilmiştir (Şekil 3.15). PCoA sonuçlarına bakıldığında *T. aestivum* popülasyonları beklenildiği üzere ayrı bir grup (1 [Digor] ve 2 [Aşağı Kotanlı] numaralı popülasyonlar) oluşturmuştur. Kavılca buğday popülasyonlarının tamamı Kars bölgesinden yani benzer eko-coğrafik bölgeden temin edilmiştir. Buna rağmen PCoA sonucuna baktığımızda farklı gruplaşmalar görülmektedir. 3 (Benliahmet), 4 (Koçköy) ve 10 (Mezraa) numaralı popülasyonlar ile 5 (İncesu), 6 (Dikme), 7 (Kürekdere) ve 8 (Dağpınar) numaralı popülasyonlar birbirine yakın kümelenmişlerdir. 9 numaralı Geçit popülasyonu ayrı bir küme oluşturmuştur. 11 numaralı Değirmenköprü popülasyonu 6, 7, 8 numaralı popülasyonlara yakın kümelenirken 12 numara ile ifade edilen Arpaçay popülasyonu da dendogramda *T. aestivum* türü ile aynı grupta yer alırken PCoA analizinde farklı bölgede yer almıştır. Bu durum farklı genetik içeriğe sahip olunması ile açıklanabilir. Ayrıca iklimsel farklılıklar, enlem boylam değerleri, yükseklik farkı da kümeleşmeler üzerinde etkili olmaktadır. Shizuka ve ark. [131] Türkiye'nin güneyinden temin ettikleri *Triticum turgidum* ssp. *dicoccoides* popülasyonlarında genetik varyasyonu araştırmış ve popülasyonlar arasındaki mesafenin fazla olmamasına rağmen net bir genetik farklılaşma gözlendiğini belirtmişlerdir. Ayrıca Türkiye'de yabani emmer buğdaylarında genetik çeşitliliğin yüksek olduğunu bildirmişlerdir. Çalışmamızdaki *dicoccum* popülasyonlarının birbirinden ayrı kümelenme oluşturmalarının nedenleri arasında buldukları bölgelerdeki çevresel farklılıklardan (yükseklik, enlem, toprak yapısı gibi) dolayı izolasyon olarak ayrılmaları da sayılabilir. Kavılca buğdayı popülasyonlarında kümelenme durumuna bakıldığında tüm

genotiplerin buldukları lokasyonlar ile genetik mesafe uzaklıkları arasında bir korelasyon bulunmamaktadır. Fahima ve ark. [129] Türkiye ve İsrail'den yabancı emmer buğdayı ile yaptıkları çalışmalarında tespit edilen genetik mesafe uzaklıkları ile popülasyonlar arasındaki coğrafi mesafelerin bir bağlantısının olmadığını belirtmişlerdir.

Çalışmamızın dahilinde SSR markörlerini kullanarak 12 popülasyonun moleküler ilişkilerini belirlemek amacıyla mesafe temelli Neighbour Joining (NJ) ağacı oluşturduk. NJ ağacı DENDROSCOPE programı ile görselleştirilmiştir (Şekil 3.16). Dendrogram incelendiğinde kavılca buğdayının üç ana gruba ayrıldığı görülmektedir. Bu ana gruplardan birinde sadece Geçit popülasyonu bulunmaktadır. Diğer ana gruplar ise kendi içlerinde alt gruplara ayrılmaktadır. Ayrıca *T. aestivum* popülasyonları birlikte kümelenme göstermişlerdir. Arpaçay *T. dicocum* popülasyonu da *T. aestivum* popülasyonları ile aynı grupta yer almıştır. BBAADD genomuna sahip Arpaçay popülasyonunun (*T. aestivum*) BBAA genomlarını alabileceği türlerden birinin emmer buğdayı (*T. dicocum*) olduğu yapılan çalışmalarda kabul görmüştür ve bu türlerin yakın kümelenmesi görülebilecek bir sonuçtur. Kaymaz ve İzbirak [106] Türkiye'den birçok bölgeden (Kars hariç) *T. dicoccoides* ve *T. dicoccon* buğdayında genetik çeşitliliği analiz ettikleri çalışmalarında çizdikleri dendrogramda 2 ana grup elde ettiklerini bildirmişlerdir. Salunkhe ve ark. [122] *T. dicoccon* buğdayında SSR markörleri ile yaptıkları moleküler akrabalık analizi çalışmalarında UPGMA kullanarak dendrogram çizmiş ve 9 popülasyon için 3 küme oluştuğunu bildirmişlerdir. Sarkar ve ark. [130] 35 buğday çeşidini 30 SSR markör ile inceledikleri çalışmalarında UPGMA yöntemi ile dendrogram çizmiş ve tüm buğday genotiplerinin 3 ana grup şeklinde kümelendiğini bildirmişlerdir. Elde edilen sonuçların bizim sonuçlarımızla paralellik gösterdiği görülmektedir.

11 SSR primeri ile yapılan çalışmanın sonucunda kavılca buğdayı popülasyonlarında kullanılan primerler literatürdeki fragment aralıklarına uygun aralıklarda fragmentler üretmiştir. *T. dicocum* ve *T. aestivum* genotiplerinin SSR primer çiftleri kullanılarak genetik çeşitlilik çalışmalarından elde edilen sonuçlar Çizelge 3.5'de verilmiştir. Çalışmada 11 adet SSR primer çifti toplam 41 adet allel üretmiştir. En yüksek allel sayısı 9 allel ile Xgwm-389 SSR primerinden elde edilmiştir. En düşük allel sayısı ise 2 allel ile Xgwm-95, Xgwm-154, Xgwm-361 ve Xgwm-540 SSR primerlerinden elde

edilmiştir. SSR primerlerinden elde edilen ortalama allel sayısı 3.72 bulunmuştur. Salunkhe ve ark. [122] emmer buğdayında (*T. dicoccon* S.) moleküler çeşitlilik analizi yapmışlardır. 48 emmer buğdayını 47 SSR markör kullanarak değerlendirdikleri çalışmalarında allel sayısını 2 ile 9 arasında bulmuşlardır. Ortalama allel sayısını da 3.87 olarak tespit etmişlerdir. Salem ve ark. [116] 48 SSR markörü kullanarak 7 buğday popülasyonu ile yaptıkları çalışmalarında lokus başına düşen allel sayısını 2 ile 7 arasında, ortalama allel sayısını da 3.2 olarak bulduklarını bildirmişlerdir. Elde edilen bu değerlerin çalışmamızla yüksek oranda uyum gösterdiği görülmektedir.

Çalışmamızda, Polimorfik Bilgi İçeriği (PIC) değeri 0.14 ile 0.37 arasında değişmektedir. Ortalama PIC değeri 0.26 olarak bulunmuştur. En yüksek PIC değerini veren primer Xgwm-340, en düşük PIC değerini veren primer ise Xgwm-95'dir (Çizelge 3.4). Polimorfik bilgi içeriği bakımından; Xgwm-46 (0.287), Xgwm-154 (0.304) ve Xgwmn-361 (0.325) primer çiftleri kavılca buğdayı genotiplerinin, genetik çeşitliliğini ayırt etmede en etkili primerler olarak tespit edilmiştir. Ren ve ark. [111] İsrail ve Türkiye'den temin ettikleri 25 yabancı emmer buğdayında genetik çeşitliliği araştırmışlardır. Yaptıkları çalışmada polimorfik bilgi içeriğini 0.153 olarak bulmuşlardır. Emebiri ve ark. [145] 188 yabancı genik buğdayı ve 7 EST-SSR markör kullanarak yaptıkları çalışmalarında polimorfik bilgi içeriği ortalamasını 0.66 bulmuşlardır. PIC değerlerinin 0.52-0.86 arasında olduğunu belirtmişlerdir. Rafeipour ve ark. [115] 40 emmer buğday popülasyonunda genetik çeşitliliği araştırdıkları çalışmalarında 24 SSR ve 4 EST-SSR markörü kullanmışlardır. Çalışmalarında polimorfik bilgi içeriğinin 0.18-0.86 arasında değiştiğini ve ortalamasının da 0.61 olduğunu bildirmişlerdir. Bu çalışmada elde edilen PIC değerleri verilen literatür örneklerinin bazılarında yüksek, bazılarında ise düşüktür. Bu farklılığın oluşmasına çalışmada kullanılan kavılca buğdayı örnekleri ve çalışmada kullanılan SSR markörlerinin farklı sayılarda ve lokalitelerde olması neden olabilir. Çalışmamızda analiz edilen kavılca buğdayı PIC değeri 0.24 olarak bulunmuştur. Ayrıca çalışmada kullandığımız *T. aestivum* türünde ise PIC değeri 0.16'dır. Gen çeşitliliğine baktığımızda ise *T. dicoccon* genotiplerinde 0.30 iken *T. aestivum* genotiplerinde 0.21 olarak hesaplanmıştır. Bu veriler ışığında kavılca buğdayının daha yüksek çeşitlilikte allel içerdiğini bu durumun da genetik çeşitliliğini arttırdığını söyleyebiliriz. Kumar ve ark. [127] *T. aestivum* genotiplerinde 7 SSR kullanarak yaptıkları genetik çeşitlilik

analizi çalışmalarında 54 buğday genotipi incelemiş ve ortalama PIC değerini 0.29 olarak tespit etmişlerdir. Buldukları tüm sonuçları yorumladıklarında, *T. aestivum* genotiplerinde genetik çeşitliliğin düşük olduğunu belirtmişlerdir. Arystanbekkyzy ve ark. [109] ise Türkiye'de yetişen 38 yabancı ve kültür emmer buğdaylarında filogenetik ilişkiyi araştırdıkları çalışmalarında PIC değerini 0.66, Gen Çeşitliliğini ise 0.48 olarak bulmuşlardır. Bu değerleri yorumladıklarında ise yüksek bir genetik çeşitlilik varlığından bahsetmişlerdir. Bu çalışmalardan elde edilen sonuçlar (sayısal değerler kullanılan örneklerden dolayı farklılık içerse de) ve yorumlar bizim çalışmamızı desteklemektedir.

Genetik mesafe popülasyonlar arasındaki uzaklaşmadır. Yüksek genetik mesafe değeri, lokasyonlar arasındaki farklılığın fazla olduğunu göstergesidir. Çalışmamızda 12 popülasyonun genetik mesafe matrisine baktığımızda, en fazla genetik uzaklığın Koçköy (4) ve Değirmenköprü (11) *T. dicoccum* popülasyonları arasında olduğunu, en az genetik uzaklığın ise Dikme (6) ve Dağpınar (8) *T. dicoccum* popülasyonları arasında olduğunu görmekteyiz (Çizelge 3.2). Tüm genotipler için coğrafi uzaklık ve genetik uzaklık arasında yaptığımız karşılaştırmada istatistiksel olarak zayıf negatif bir korelasyon olduğu ortaya çıkmıştır ($R^2=0.04$) (Şekil 3.17). Bu sonuca göre, popülasyonlar arasındaki genetik farklılaşma coğrafi uzaklıktan kaynaklanmamaktadır diyebiliriz. Oliveria ve ark. [144] tetraploid 53 buğday popülasyonunu incelemiş ve coğrafi uzaklık ile genetik uzaklık arasında zayıf düzeyde korelasyon bulduklarını ($r=0.21$, $p<0.001$) bildirmişlerdir. Ren ve ark. [111] yabancı emmer buğdaylarında genetik çeşitliliği araştırdıkları çalışmalarında, genetik ve coğrafi uzaklık ilişkisini belirlemek için yaptıkları mantel test sonucuna göre $r=0.05$ bulmuşlar ve popülasyonlar arasındaki genetik farklılaşmanın coğrafi mesafeden bağımsız olduğunu belirtmişlerdir. Dong ve ark. [114] 15 yabancı emmer buğday popülasyonunu 25 EST-SSR markörler ile analiz ettikleri çalışmalarında popülasyonlar arasındaki genetik mesafe değerini ortalama 0.4 olarak bulmuşlardır. Çalışmalarında birbirinden coğrafi olarak uzakta bulunan popülasyonların daha düşük genetik mesafeye sahip olduğunu ve genetik mesafenin coğrafi bölgeden bağımsız olduğunu belirtmişlerdir. Yine Fahima ve ark. [129] İsrail ve Türkiye orjinli yabancı emmer buğdayı ile yaptıkları çalışmalarında popülasyonlar arasındaki genetik mesafe ortalamasını 1.8 olarak bulmuşlar ve popülasyonlar arasındaki coğrafi mesafe ile genetik mesafenin bir bağlantısının olmadığını rapor

etmişlerdir. Araştırmalardan elde edilen bu benzer sonuçların çalışmamızın sonuçlarını desteklediğini görmekteyiz.

Bu çalışmada Kars yöresine özgü olan Kavılca Buğdayının SSR markörleri kullanılarak genotiplendirilmesi gerçekleştirilmiştir. Elde edilen sonuçlar neticesinde bu yerel buğday türünün yüksek bir genetik çeşitliliğe ve allelik zenginliğe sahip olduğu anlaşılmaktadır. Genomik yapı itibari ile günümüzde ekmeklik amacıyla kullanılan kırmızı buğday türüne yüksek düzeyde benzerlik gösterdiği de STRUCTURE analizinden elde edilen çalışmalarla kanıtlanmıştır. Kars ili içerisindeki farklı coğrafik ve iklimsel varyasyonlardan dolayı kavılca buğday türünün 3 temel grupta ayrıştıkları da PCoA ve filogenetik çalışmalarla desteklenmiştir. Yöresel bir çeşit olan kavılca buğdayı ile ilgili Türkiye'de SSR yöntemi kullanılarak yapılmış moleküler düzeyde araştırmaların sınırlı sayıda olduğu görülmektedir. Özellikle Kars iline ait önemli bir yerel genetik kaynak olan kavılca buğdayının genotiplendirilerek moleküler karakterizasyonunun yapılması, bilimsel anlamda oldukça değerli görülmektedir.

Bu sebeple, bu çalışmadan elde edilen sonuçların yapılacak olan çalışmalar açısından da önemli olduğu düşünülmektedir. Ekim alanı giderek azalan yerel emmer kavılca buğdayı biyotik ve abiyotik çevre koşullarına oldukça dayanıklıdır, ekim alanları arttırılmalıdır ayrıca organik tarım için de uygun olduğu anlatılmalıdır. Besin içeriği bakımından da çok zengin olan kavılca buğdayının herkes tarafından tanınması ve tarımda tekrar ekim alanının genişletilmesi için de çalışmamızın referans olacağı düşünülmektedir. Ayrıca moleküler düzeyde varyasyon gösteren kavılca buğday popülasyonları içerisinde üstün özellik gösteren genotipler belirlenerek makarnalık ve ekmeklik buğday ıslah çalışmalarında başarılı bir şekilde kullanılabilmesi düşünülmektedir. SSR markörlerinin genetik çeşitlilik, popülasyon dinamikleri, moleküler akrabalık ve genetik-coğrafi temelli mesafe analizleri için uygun moleküler araç oldukları da literatür çalışmaları paralelinde anlaşılmaktadır.

5. KAYNAKLAR

- [1] Kün, E. (1996). Tahıllar-1 (Serin İklim Tahılları). Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi yayınları, 1431: 322.
- [2] Yağdı, K., (2004). Bursa Koşullarında Geliştirilen Ekmeklik Buğday (*Triticum aestivum* L.) Hatlarının Bazı Kalite Özelliklerinin Araştırılması. Ulud. Üniv. Zir. Fak. Derg., 18(1):11-23.
- [3] Çölkesen, M., (1995). Harran ovasında buğday tarımı ve sorunları üzerine yapılan araştırma. Harran Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Dergisi, 1(1): 117-131.
- [4] Zohary, D., (1969). The progenitors of wheat and barley in relation to domestication and agricultural dispersal in the Old World.
- [5] Çekel, Z., (1960). Dünyada ve Türkiye’de Buğday. İstanbul Ticaret Odası Matbaası, Ayrı Basıları No:10.
- [6] Karagöz, A., Zencirci, N., Tan, A., Taşkın, T., Köksel, H., Sürek, M., Toker, C., Özbek, K., (2010). Bitki Genetik Kaynaklarının Korunması ve Kullanımı.
- [7] Awni, R., Nave, M., Barad, O., Baruch, K., Twardziok, S.O. and Gundlach, H., (2017). Wild emmer genome architecture and diversity elucidate wheat evolution and domestication. *Science*, 357, pp. 93-97.
- [8] Allard, RW., (1996). Genetic basis of the evolution of adapted ness in plants. *Euphytica*; 92:1–11.
- [9] Hoisington, D., Khairallah, M., Ribaut, JM., Skovmand, B., Taba, S., Warburton, M., (1999). Plant genetic resources: What can they contribute to wardin creased crop productivity. *Proc. Natl. Acad. Science USA.*, 99:8133–8138. [PMC freearicle] [PubMed].
- [10] Lange, W., and Balkema, B. A. G., (1988). The use wild species in breeding barley and wheat with special reference to the progenitors of the cultivated

species. Foundation for Agricultural Plant Breeding, SUP, P. O. Box 117, NI-6700 AC Wageningen, The Netherlands.

- [11] Kılınç, M., (2001). Ekmeklik Buğdayda Bazı Tarımsal Karakterlerin Uyum Yeteneklerinin Belirlenmesi. MKU Ziraat Fakültesi Dergisi 6(1-2);51-60.
- [12] Cabi, E., Doğan, M., (2012). Poaceae. In: Güner A, Aslan S, Ekim T, Vural M, Babaç MT, editors. Türkiye Bitkileri Listesi (Damarlı Bitkiler). İstanbul, Turkey: Nezahat Gökyiğit Botanik Bahçesi ve Flora Araştırmaları Derneği Yayını, pp. 690-756 (in Turkish).
- [13] Konvalina, P., Moudry, J., (2007). Evaluation of suitability of emmer wheat varieties (*Triticum dicoccon* Schuebl) for organik farming. Seria Agronomie. vol. 50, pp 241–247, ISSN 2069–7672.
- [14] Gupta, P. K., Mir R, R., Mohan, A., and Kumar, J., (2008). Wheat Genomics: Present Status and Future Prospects. Int. Journal of Plant Genomics. Article ID: 896451 36 p.
- [15] Blanco A., De Giovanni C., Laddomada, B., Sciancalepore A., Simeone R., Devos K. M. and Gale M. D., (1996). Quantitative Trait Loci Influencing Grain Protein Content in Tetraploid Wheats. *Plant Breed*, 115: 310–316.
- [16] Joppa L. R., Du C., Hart G. E., Hareland G. A., (1997) Mapping a QTL for Grain Protein in Tetraploid Wheat (*Triticum turgidum* L.) using a population of recombinant inbred chromosome lines. *Crop Sci*, (37): 1586–1589.
- [17] Özberk, İ., Zencirci, N., Özkan, H., Özberk, F. ve Eser, V., (2010). Dünden Bugüne Makarnalık Buğday Islahı ve Geleceğe Bakış. Makarnalık Buğday ve Mamulleri Konferansı, 17-18 Mayıs, 2010, 43-6.
- [18] Fiona, J., H. R. Olivera, L., Jones, H., Smith, L., Jones, M., Jones, G., (2013). Remnant genetic diversity in an ancient crop: *Triticum dicoccon* Shrank landraces from Asturias, Spain, *Genet Reseour Crop Evol*, 60:355-365.

- [19] Türkiye'nin Buğday Atlası, (2016). WWF-Türkiye (Doğal Hayatı Koruma Vakfı), İstanbul, Türkiye, Eylül 2016.
- [20] www.fao.org/home/search/en?q=wheat, (10 Mart 2020).
- [21] Shewry, .P.R., (2009). Wheat. *Journal of Experimental Botany*, 60 (6): 1537–1553.
- [22] <http://www.cimmyt.org/global-wheat-research>, (24 Ocak 2020).
- [23] Buğday Tarım Ürünleri Raporu, (2020). www.arastirma.tarimorman.gov.tr, (20 Mayıs 2020).
- [24] http://www.zmo.org.tr/genel/bizden_detay.php?kod=30125&tipi=17&sube=0, (14 Mayıs 2020).
- [25] www.fao.org/faostat/en/#data/QC, (5 Mayıs 2020).
- [26] Konvalina, P., Capouchova, I., Stehno, Z., (2012) b. Agronomically important traits of emmer wheat. *Plant Soil Environment*, 58(8): 341-346.
- [27] Konvalina, P., Capouchova, I., Stehno, Z. and Moudry, J., (2012) a. Differences in yield parameters of emmer in comparison with old and new varieties of bread wheat. *African Journal of Agricultural Research* Vol. 7(6), pp. 986-992.
- [28] Kan, M., Küçükçongar, M., Keser, M., Morgounov, A., Muminjanov, H., Özdemir, F., Qualset, C., (2016). Wheat Landraces in Farmers Fields in Turkey: National Survey, Collection and Conservation, 2009-2014. FAO publication, pp. 178.
- [29] Harlan, J.R., (1981). The early history of wheat: earliest traces to the sack of Rome. In: Evans L.T. and Peacock W.J. (eds.), *Wheat Science –Today and Tomorrow*. Cambridge Press, 1–19.
- [30] Perrino, P. and Hammer, K., (1982). *Triticum monococcum* L. and *T. dicoccum* S. are stil cultivated in Italy. *Genetica agraria* 36:303-311.

- [31] Nesbitt, M., (1993). Ancient crop husbandry at Kaman-Kalehöyük: 1991 archaeobotanical report. In: Mikasa T (ed) Essays on Anatolian archaeology. Bull of Middle Eastern Culture Center in Japan no 7. Harrassowitz, Wiesbaden, pp 75-97.
- [32] Stokstad, E.L., (2002). A Little Pollen Goes A Long Way, Science 296, 2314.
- [33] Conner J. K., (2002). Genetic Mechanisms of Floral Trait Correlations in A Natural Population, Nature 420, 407-410.
- [34] Karaca, M., (2002). Simple Sequence Repeat (SSR) Markırs Linked to the Lign Lintless (Li(1)) Mutant in Cotton, Journal Hered 93, 221-224.
- [35] Özkan, H., Willcox, G., Graner, A., Salamini, F., Kilian, B., (2010). Geographic distribution and domestication of wild emmer wheat (*Triticum dicoccoides*). Genetic Resources and Crop Evolution, 58:11–53.
- [36] Akar, T., Bağcı, S.A., Köksel, H., Eser, V., (2016). Ülkemizde ve Dünyada Buğdayla İlgili Gerçek Dışı İddialar. Türktob. 17, 4-7.
- [37] Linneaus, C., (1753). Species plantarum, Laurentii Salvii, Holmiae.
- [38] Schulz, A., (1913). Die Geschichte der kultivierten Getreide. Halle:Louis Neberts.
- [39] Eig, A., (1929). Momograpisch-kritische übersicht der gattung Aegilops. Repertorium specierum novarum regni vegetabilis, Berlin.
- [40] Stebbins, G. L., (1956). Taxonomy and the evolution of genera, with special reference to the family Gramineae. Evolution, 10, 235-245.
- [41] Zohary, D., Feldman, M., (1962). Hybridization between amphidiploids and the evolution of polyploids in the wheat (Aegilops-Triticum) group. Evolution, 16, 44-61.

- [42] Zohary, D., (1970). Wild wheats. Frankel, O.H., Bennett, E. (eds). Genetic resources in plant-their exploration and conservation. IBP Handbook No:11 Blackwell Scientific Publ, 239-248, Oxford.
- [43] Van Slageren, M. W., (1994). Wild wheats: a monograph of *Aegilops* L. and *Amblyopyrum* (Jaub. & Spach) Eig (Poaceae). ICARDA/Wageningen Agricultural University Paper 94(7): i-xiv, 1-512.
- [44] www.bugday.gen.tr/kavilca-bugdayi.html, (5 Nisan 2020).
- [45] National Geographic, (2014). Türkiye Dergi Mayıs s.81.
- [46] Aydođdu, S., Tümgör, G., (2005). Çölyak Hastalığı. Güncel Pediatri, 3(1), 47-53. Retrieved from <https://dergipark.org.tr/tr/pub/pediatri/issue/51425/668115>.
- [47] Cubadda, R. and Marconi, E., (2002). Spelt wheat, in Pseudocereals and Less Common Cereals: Grain Properties and Utilization Potential, Belton, P., and Taylor, J., Eds., Springer-Verlag, Berlin.
- [48] Tekin, M., Cengiz, M.F., Abbasov, M., Aksoy, A., (2018). Comparison of Some Mineral Nutrients and Vitamins in Advanced Hulled Wheat Lines. Research Article, Cereal Chemistry; 95(3): 436-444.
- [49] Cakmak, I., Torun, A., Millet, E., Feldman, M., Fahima, T., Korol, A., Nevo, E., Braun, H.J., Ozkan, H., (2004). *Triticum dicoccoides*: an important genetic resource for increasing zinc and iron concentration in modern cultivated wheat. Soil Science and Plant Nutrition 50(7): 1047-1054.
- [50] Dhanavath, S. and Prasada Rao, U.J.S., (2017). Nutritional and Nutraceutical Properties of *Triticum dicoccum* Wheat and Its Health Benefits: An Overview. Journal of Food Science, Vol.82 Nr.10., doi: 10.1111/1750-3841.13844.
- [51] Heun, M., Schäfer-Pregl, R., Klawan, D., Castagna, R., Accerbi, M., Borghi, B., Salamini, F., (1997). Site of Einkorn Wheat Domestication Identified by DNA

Fingerprinting. Science, 278(5341):1312,1314.
doi:10.1126/science.278.5341.132.

- [52] Özberk, İ., Atay, S., Altay, F., Cabi, E., Özkan, H. ve Atlı, A., (2016) b. Türkiye buğday atlası. WWF. Doğal Hayatı Koruma Vakfı, Eylül 2016, İstanbul.
- [53] www.kars.tarimorman.gov.tr/Haber/328/turkiyenin-bugday-atlasi-ve-kavilca-bugdayi, (20 Ocak 2020).
- [54] Kara, K., (1996). Tarla Bitkileri. Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayın No:191 Erzurum.
- [55] www.karsdogal.org/kavilca-ant304k, (15 Mart 2019).
- [56] İlhan, D., (2017). Bitki Biyoteknolojisinde Genetik Kaynakların Önemi. Kafkas Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi, Cilt 10, Sayı 2, 134-144.
- [57] Mahantashıvayogayya, K., Hanchinal, R.R., and Salimath, P.M., (2004). Combining Ability in Diccocum Wheat. Journal Agri. Science, 17(3); (451-454).
- [58] Zaharieva, M., Geleta, A. A. Al H., Satish C, M., Monneveux, P., (2010). Cultivated emmer wheat (*Triticum dicoccon* Schrank), an old crop with promising future. Genet Resour Crop Evol 57: 937-962.
- [59] Matsuoka, Y., (2011). Evaluation of polyploid *Triticum* wheats under cultivation: The role of domestication, natural hybridization and allopolyploid specification in their diversification. Plant and Cell Physiology, 52(5): 750-764.
- [60] Arumuganathan, K., Earle, E.D., (1991). Nuclear DNA content of some important plant species. Plant Molecular. Biology. Rep., 9, 208-218.
- [61] Peng, J.H., Sun, D., Nevo, E., (2011) b. Domestication, evaluation, genetics and genomics in wheat. Molecular Breeding, 28:281-301.
- [62] Gill, B. S., Apells, R., Botha-Oberholster, A. M., Buell, C.R., Bennetzen, J.L., Chaloub, B., Chumley, F., Dvorak, J., Iwanaga, M., Keller, B., Li, W.,

- McCombie, W.R., Ogihara, Y., Qutier, F., Sasaki, T., (2004). A workshop reporting on wheat genome sequencing: international genome research on wheat consortium, *Genetics*, 168, 1087-1096.
- [63] Tahir, M., Pashayani, H., (1990). Transfer of agronomic traits from wild *Triticum* species to *T. turgidum* L. var. durum. in *Wheat Genetic Resources: Meeting Diverse Needs*. New York, 317.
- [64] Kızılaslan, H., (2004). Dünyada ve Türkiye’de buğday üretimi ve uygulanan politikaların karşılaştırılması. *GOÜ. Ziraat Fakültesi Dergisi*, 21 (2), 23-38.
- [65] Peng, J.H., Sun, D., Nevo, E., (2011) a. Will emmer wheat, *Triticum dicoccoides*, occupies a pivotal position in wheat domestication process. *Australian Journal of Crop Science*; 5 (9): 1127-1143.
- [66] Staub, J.E., Serquen, F.C. and Gubta, M., (1996). Genetic markers, map construction, and their application in plant breeding. *HortScience*. 31: 729-740.
- [67] Semang, K., Bjornstad, A. and Ndjiondjop, M.N., (2006). An Overview of Molecular Markir Methods for Plants. *African Journal of Biotechnology* 5 (25): 2540-2568.
- [68] Botstein, D., White, R., Skolnick, M. and Davis, R.W., (1980). Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms, *Am. Journal Of Human Genetic*, 32; 314-331.
- [69] Ovesna, J., Polakova, K. and Leisova, L., (2002). DNA analyses and their Applications in Plant Breeding. *Czech Journal Genet. Plant Breed.* 38 (1): 29–40.
- [70] Schlotterer, C., (2004). The evolution of molecular markers-just a matter of fashion *Nat. Rev. Genet.*, 5, 63-69.
- [71] Joshi, S.P., Gupta, V.S., Aggarwal, R.K., Ranjekar, P.K., Brar, D.S., (2000). Genetic diversity and phylogenetic relationship as revealed by inter simple

- sequence repeat (ISSR) polymorphism in the genus *Oryza*. *Theor. Appl. Genet.*, 100, 1311–1320.
- [72] Henry, R.J., (2001). *Plant genotyping-The DNA fingerprinting of plants*. CABI Publishing, UK.
- [73] Williams, J.G.K., Kubelik, A.R., Livak, K.J., Rafalski, J.A., and Tingey, S.V., (1990). DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Res.* 18: 6531-6535.
- [74] Nelson, J.C., Singh, R.P., Autrique, J.E., Sorrells, M.E., (1997). Mapping genes conferring and suppressing leaf rust resistance in wheat. *Crop Science*, 37:1928-1935.
- [75] Dweikat, I., Ohm, H., Patterson, F., Cambron, S., (1997). Identification of RAPD markers for 11 Hessian fly resistance genes in wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 94:419-423.
- [76] Vos, P., Hogers, R., Bleeker, M., Rejans, M., Van De Lee, T., Hornes, M., Frijters, A., Pot, J., Pelemen, J., Kuiper, M., (1995). AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acid Research*, 23(21): 4407-4414.
- [77] Pestsova, E., Korzun, V., Goncharov, N. P., Hammer, K., Ganal, M.W., and Röder, M.S., (2000). Microsatellite analysis of *Aegilops tauschii* germplasm. *Theoretical and Applied Genetics* 101, 100-106.
- [78] Prins, R., Groenewald, J., Marais, G. et al., (2001). AFLP and STS tagging of Lr19, a gene conferring resistance to leaf rust in wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 103: 618–624, <https://doi.org/10.1007/PL00002918>.
- [79] Ravel, C., Praud, S., Canaguier, A., Dufour, P., Giancola, S., Balfourier, F., Charmet, G., (2007). DNA sequence polymorphisms and their application to bread wheat quality. *Euphytica*, 158, 331-336.

- [80] Grover, A., Sharma, P.C., (2015). Development and use of molecular markers: past and present. *Critical Reviews in Biotechnology*, 36(2): 1-13.
- [81] Duran, C., Appleby, N., Vardy, M., Imelfort, M., Edwards, D., (2009). Single nucleotide polymorphism discovery in barley using autoSNPdb. *Plant Biotechnology Journal*, 7: 326-333.
- [82] Filiz, E., Koç, İ., (2011). Bitki Biyoteknolojisinde Moleküler Markörler. *GOÜ, Ziraat Fakültesi Dergisi*, 28(2), 207-214.
- [83] Yorgancılar, M., Yakışır, E., Erkoyuncu, M., (2015). Moleküler Markörlerin Bitki Islahında Kullanımı. *Journal of Bahri Dagdas Crop Research*, 4(2):1-12.
- [84] Güleç, T.E., Yıldırım, A., Sönmezoglu, Ö.A., (2010). Bitkilerde Markör Destekli Seleksiyon. *Türk Bilimsel Derlemeler Dergisi*, 3(2): 67-69.
- [85] Parker, G.D., Fox, P.N., Langridge, P., Chalmers, K., Whan, B. and Ganter, P., (2002). Genetic diversity within Australian wheat breeding programs based on molecular and pedigree data. *Euphytica* 124: 293-306.
- [86] Ellis, J.R. and Burke, J.M., (2007). EST-SSRs as a resource for population genetic analyses. *Heredity*, 99: 125-132.
- [87] Matsuoka, Y., Mitchell, S.E., Kresovich, S., Goodman, M., Doebley, J., (2002). Microsatellites in Zea-variability, patterns of mutations and use for evolutionary studies. *Theor. Appl. Genet.*, 104, 436-450.
- [88] İlhan, D., Li, X., Brummer, C. and Şakiroğlu, M., (2016). Geneti Diversity and Population Structure of Tetraploid Accessions of the *Medicago sativa-falcata* Complex. *Crop Science*, 56:1146-1156, doi: 10.2135/cropsci2015.12.0750.
- [89] Powell, W., Machray, G.C., and Provan, J., (1996). Polymorphism Revealed by Simple Sequence Repeats. *Trends in Plant Science*, 1(7), 215-221.

- [90] Eujayl, I., Sorrells, M., Baum, M., Wolters, P., Powell, W., (2002). Isolation of EST-derived microsatellite markers for genotyping the A and B genomes of wheat. *Theor. Appl. Genetic* ;104:339–407. [PubMed].
- [91] Buchanan, FC., Adams, LJ., Littlejohn, RP., Maddox, JF., Crawford, AM., (1994). Determination of evolutionary relationships among sheep breeds using microsatellites. *Genomics* ;22:397–403. [PubMed].
- [92] Özşensoy, Y. ve Kurar, E., (2012). Markör Sistemleri ve Genetik Karakterizasyon Çalışmalarında Kullanımları. *Journal of Cell and Molecular Biology* 10(2): 11-19.
- [93] Akkaya, M. S., Bhagwat, A. A., Cregan, P. B., (1992). Length polymorphism of simple sequence repeat DNA in soybean. *Genetics*, 132, 1131-1139.
- [94] Condit, R., Hubbell, S., (1991). Abundance and DNA sequence of two-base repeat regions in tropical tree genomes. *Genomics* ;34:66–71. [PubMed].
- [95] Ma, ZQ., Röder, M., Sorrells, ME., (1996). Frequencies and sequence characteristics of di-, tetra-nucleotide microsatellites in wheat. *Genome* ;39:123–130. [PubMed].
- [96] Prasad, M., Varshney, RK., Roy, JK., Balyan, HS., Gupta, PK., (2000). The use of microsatellites for detecting DNA polymorphism, genotype identification and genetic diversity in wheat. *Theor. Appl. Genet.* ;100:584–592.
- [97] Roy, J.K., Prasad, M., Varshney, R.K., Balyan, H.S., Blake, T.K., Dhaliwal, H.S., Singh, H., Edwards, K.J., Gupta, P.K., (1999). Identification of a microsatellite on chromosome 6B and a STS on 7D of bread wheat showing an association with preharvest sprouting tolerance. *Theor. Appl. Genetic*; 99:336–340.
- [98] Dreisigacker, S., Zhang, P., Warburton, M.L., Skovmand, B., Hoisington, D. and Melchinger, A.E., (2005). Genetic Diversity Among and within CIMMYT Wheat Landrace Accessions Investigated with SSRs and Implications for Plant Genetic Resources Management. *Crop Science*, 45; 65-661.

- [99] <http://wheatatlas.org/country/TUR>, (15 Ocak 2019).
- [100] Tanno, K., Willcox, G., (2006). How fast was wild wheat domesticated. *Science*, 311: 1886.
- [101] Feldman, M., Kislev, M.E., (2007). Domestication of emmer wheat and evolution of free-threshing tetraploid wheat. *Israel Journal of Plant Science*, 55:207–221.
- [102] Zaharieva, M., Monneveux, P., (2014). Cultivated einkorn wheat (*Triticum monococcum* L. subsp.): the long life of s founder crop of agriculture. *Genet Resources Crop Evaluation*, 61:677-706.
- [103] Ullah, S., Bramley, H., Daetwyler, H., He, S., Mamood, T., Thistlethwaite, R. and Trethowan, R., (2018). Genetic Contribution of Emmer Wheat (*Triticum dicoccon* Schrank) to Heat Tolerance of Bread Wheat. *Front Plant Science* 20;9:1529.
- [104] Wilhelm, E. P., Turner, A. S., Laurie, D. A., (2008). Photoperiod Insensitive Ppd-A1a Mutations in Tetraploid Wheat (*Triticum durum* Desf.). *Theoretical and Applied Genetics*, 118(2):285-294.
- [105] Göçmen, B., Keskin, S., Kaya, Z. and Taşkın, V., (2003). Development of RAPD Markers in 156 F6 Inbred Durum Wheat Lines Derived From Kunduru-1149x Cham-I Cross. *Israel Journal of Plant Science*. 51: 245-249.
- [106] Kaymaz, A., İzbirak, A., (2010). Molecular Characterization of Genetic Diversity Among *T. dicoccoides* and *T. dicoccon* Populations by RAPD-PCR Technique. *Hacettepe Journal of Biology and Chemistry*, 3814,333-344.
- [107] Aliyev, R.T., Abbasov, M.A., Mammadov, A.C., (2007). Genetic Identification of Diploid and Tetraploid Wheat Species with RAPD Markers. *Turk Journal Biology* 31: 173-180.
- [108] Garg, M., Sukhwinder, S., Baldev, S., Kuldeep, S., Dhaliwal, H.S., Singh, S., Singh, B., Singh, K., (2001). Estimates of Genetic Similarities and DNA

Fingerprinting of Wheat (*Triticum* Species) and Triticale Cultivars Using Molecular Markers. *Indian Journal of Agricultural Sciences*, 71; 438-443.

- [109] Arystanbekkyzy, M., Nadeem, M.A., Aktaş, H., Yeken, M.Z., Zencirci, N., Nawaz, M.A., Ali, F., Haider, M.S., Tunc, K., Chung, G. and Baloch, F.S., (2019). Phylogenetic and Taxonomic Relationship of Turkish Wild and Cultivated Emmer (*Triticum turgidum* ssp. *dicoccoides*) Revealed by İPBS-Retrotransposons Markers. *International Journal of Agriculture and Biology*, 21(1): 155-163.
- [110] Oliveria, H.R., Jacocks, L., Czajkowska, B. I., Kennedy, S. L., Brown, T.A., (2020). Multiregional origins of the domesticated tetraploid wheats. *PLOS ONE*, 15(1): e0227148.
- [111] Ren, J., Chen, L., Sun, D., You, F.M., Wang, J., Peng, Y., Nevo, E., Beiles, A., Sun, D., Luo, M-C., Peng, J., (2013). SNP-revealed genetic diversity in wild emmer wheat correlates with ecological factors. *BMC Evolutionary Biology*, 13(1): 169.
- [112] Pagnotta, M.A., Mondini, L., Codianni, P. and Fares, C., (2009). Agronomical, quality and molecular characterization of twenty Italian emmer wheat (*Triticum dicoccon*) accessions. *Genet Resour Crop Evol*, 56: 299-310.
- [113] Mondini, L., Grausgruber, H., Pagnotta, M.A., (2014). Evaluaiton of European emmer wheat germplasm for agro-morphological, grain quality traits and molecular traits. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 61: 69-87.
- [114] Dong, P., Wei, Y-M., Chen, G-Y., Li, W., Wang, J-R., Nevo, E. and Zheng, Y-L., (2009). EST-SSR diversity correlated with ecological and genetic factors of wild emmer wheat in İsrail. *Hereditas* 146: 1-10.
- [115] Rafeipour, M., Mirzaghaderi, G., Shaaf, S. and Badakhshan, H., (2016). SSR assessment of the genetic diversity of emmer wheat with emphasis on Iranian landraces (*Triticum dicoccon* Schrank). *Genet Resour Crop Evol*, 63:595-600.

- [116] Salem, K.F.M., El-Zanaty, A.M. and Esmail, R.M., (2008). Assessing Wheat (*Triticum aestivum* L.) Genetic Diversity Using Morphological Characters and Microsatellite Markers. *Word Journal of Agricultural Sciences* 4(5): 538-544.
- [117] Geboloğlu, M.D., Furan, M.A., (2017). Bazı Türk Yazlık Ekmeklik Buğday Çeşitleri Arasındaki Genetik Farklılığın SSR Markörleriyle Belirlenmesi. *YYÜ Journal AGR Science*, 27(1):132-138.
- [118] Ehtemam, M.H., Rahiminejad, M.R., Saeidi, H., Tabatabaei, B.E.S., Krattinger, S.G. and Keller, B., (2010). Relationships among the A Genomes of *Triticum* L. Species as Evidenced by SSR Markers, in Iran. *Int. Journal Mol. Science*, 11(11), 4309-4325.
- [119] Tahir, R., Abdul, N., (2010). Germination characteristics and molecular characterizations of some wheat varieties in Sulaimanyah by SSR marker. *Turk Journal Biology*, 34:109-117.
- [120] Kacem, N.S., Muhovski, Y., Djekoun, A., Watillon, B., (2017). Molecular characterization of genetic variation in somaclones of durum wheat (*Triticum durum* Desf) using SSR markers. *European Scientific Journal* vol. 13, No. 9 ISSN: 1857-7881.
- [121] Teklu, Y., Hammer, K. and Röder, M.S., (2007). Simple sequence marker polymorphism in emmer wheat (*Triticum dicoccon* Schrank): Analysis of genetic diversity and differentiation. *Genetic Resource and Crop Evolution*, 54:543-554.
- [122] Salunkhe, T., Tamhankar, S., Tetali, S., Zaharieva, M., Bonnett, D., Trethowan, R., Misra, S., (2013). Molecular genetic diversity analysis in emmer wheat (*Triticum dicoccon* Schrank) from India. *Genetic Resource and Crop Evolution*, 60:165-174.
- [123] Li, Y., Fahima, T., Korol, A.B., Peng, J., Röder, M.S., Kirzhner, V., Beiles, A., Nevo, E., (2000). Microsatellite Diversity Correlated with Ecological-Edaphic

and Genetic Factors in Three Microsites of Wild Emmer Wheat in North Israel. *Molecular Biology and Evolution*, Volume 17, Issue 6, Pages 851-862.

- [124] Teklu, Y., Hammer, K., Huang, X.Q., Röder, M.S., (2006). Analysis of microsatellite diversity in Ethiopian tetraploid wheat landraces. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 53:1115-1126.
- [125] Al Khanjari, S.S., Buerkert, A., Hammer, K. and Röder, M.S., (2007). Molecular diversity of Omani wheat revealed by microsatellites: II. Hexaploid landraces. *Genetic Resource and Crop Evolution*, 54(7):1407-1417.
- [126] Li, Y-C., Fahima, T., Röder, M.S., Kirzhner, V.M., Beiles, A., Korol, A.B. and Nevo, E., (2003). Genetic effects on microsatellite diversity in wild emmer wheat (*Triticum dicoccoides*) at the Yehudiyya microsite, Israel. *Heredity*, 90: 150-156.
- [127] Kumar, S., Kumar, V., Kumari, P., Singh, A.K. and Singh, R., (2016). DNA fingerprinting and genetic diversity studies in wheat genotypes using SSR markers. *Journal of Environmental Biology*, Vol. 37, 319-326.
- [128] Abbasov, M., Akparov, Z., Gross, T., Babayeva, S., Izzatullayeva, V., Hajiyev, E., Rustamov, K., Gross, P., Tekin, M., Akar, T., Chao, S. and Brueggeman, R., (2018). Genetic relationship of diploid wheat (*Triticum* spp.) species assessed by SSR markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*; 65(5):1441-1453.
- [129] Fahima, T., Röder, M. S., Wendelhake, K., Kirzhmer, V., Nevo, E., (2002). Microsatellite polymorphism in natural populations of wild emmer wheat, *Triticum dicoccoides*, Israel. *Theor Appl Genetic*, 104: 17-29.
- [130] Sarkar, S., Singh, A.M., Chakraborti, M., Singh, S.K., Ahlawat, A.K. and Singh G.P., (2014). Analysis of genetic diversity among the Indian bread wheat cultivars using microsatellite (SSR) markers. *Indian Journal Genetic*, 74(4): 502-505.
- [131] Shizuka, T., Mori, N., Ozkan, H. & Ohta, S., (2015). Chloroplast DNA haplotype variation within two natural populations of wild emmer wheat (*Triticum turgidum*

- ssp. *dicoccoides*) in southern Turkey. *Biotechnology&Biotechnological Equipment*, 29:3, 423-430.
- [132] Doyle, J.J., Doyle, J.L., (1990). Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus* 12:13–15.
- [133] Röder, M.S., Korzun, V., Wendehake, K., Plaschke, J., Tixier, M-H., Leroy, P. and Ganal, M.W., (1998). A Microsatellite Map of Wheat. *Genetics* 149: 2007-2023.
- [134] Peakall, R. and Smouse, P.E., (2001). GenAlEx V6: genetic analysis in excel population genetic software for teaching and research. Australian National University, Canberra. <http://www.anu.edu.au/BoZo/GenAlEx>.
- [135] Liu, J. and Muse, S., (2005). PowerMarker: an integrated analysis environment for genetic marker analysis. Raleigh, NC: North Carolina State University, Bioinformatics Research Center, Vol. 21 pages 2128-2129.
- [136] Evanno, G., Regnaut, S. and Goudet, J., (2005). Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular Ecology* 14:2611-2620.
- [137] Pritchard, J.K., Stevens, M. and Donnelly, P., (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155:945-959.
- [138] Huson, D.H., Rupp, R. and Scornavacca, C., (2010). *Phylogenetic Networks: Concepts, Algorithms and Applications*. Cambridge University.
- [139] Nei, M., Tajima, F. and Tateno, Y., (1983). Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. *Journal of Molecular Evolution*, 19:153-170, doi:10.1007/BF02300753.
- [140] Kaya, Y., (2018). Buğdayın Kültüre Alınması. *Bilgi Notu* 1 (19). Siirt Üniversitesi Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkileri Bölümü.

- [141] Aykas, L., Tan, A., (2018). Türkiye kaplıca buğday yerel çeşitlerinin çiftçi elinde in situ muhafazası. Türkiye Yerel Buğdaylar Sempozyumu, 20-22 Aralık, Bolu; 85-86.
- [142] Özberk, İ., Karagöz, A., Atay, S., Kalem, S., Araç, N., (2017). Anadolu'nun Buğday Mirası: Siyez, Gernik, Havrani. WWF-Türkiye, 11-13.
- [143] Gurcan, K., Demirel, F., Tekin, M., Demirel, S. and Akar, T., (2017). Molecular and agro-morphological characterization of ancient wheat landraces of Turkey. BMC Plant Biology, 17(S1):171.
- [144] Oliveira, H.R., Campana, M.G., Jones, H., Hunt, H.V., Leigh, F., Redhouse, D.I., Lister, D.L., Jones, M.K., (2012). Tetraploid Wheat Landraces in the Mediterranean Basin: Taxonomy, Evolution and Genetic Diversity. PLoS ONE 7(5):e37063, doi:10.1371/journal.pone.0037063.
- [145] Emebiri, L., Ogbonnaya, F. and Moody, D., (2008). Population structure in wild emmer wheat (*Triticum dicoccoides*) based on EST-SSR markers. 11th International Wheat Genetics Symposium, ISBN: 9781920899141.

ÖZGEÇMİŞ

Adı Soyadı : Hatice DEMİR
Doğum Yeri ve Tarihi : YOZGAT 24.09.1980
Yabancı Dili : İngilizce
İletişim (e-posta) : haticedemir@kafkas.edu.tr

Eğitim Durumu (Kurum ve Yıl)

Lise : Ankara Alparslan Anadolu Lisesi-1998
Lisans : Erciyes Üniversitesi-2002
Yüksek Lisans : Gazi Üniversitesi-2005

Çalıştığı Kurum/Kurumlar ve Yıl : Milli Eğitim Bakanlığı, 2014-Devam ediyor

Yayımları (SCI ve Diğer)

1. Atıcı, T., Obalı, O. ve **Calışkan, H.** 2005. Control of Water Pollution and Phytoplanktonic Algal Flora in Bayındır Dam Reservoir (Ankara). E.U Journal of Fisheries & Aquatic Sciences 22(1), 79-82.
2. Atıcı, T., **Calışkan, H.** 2007. Effects of Some Environmental Variables on the Benthic Shore Algae (Excluding Bacillariophyta) of Asartepe Dam (Ankara). International Journal of Natural & Engineering Sciences 1(2):09-22