

**EKMEKLİK BUĞDAYDA GELİŞTİRİLEN REKOMBİNANT
KENDİLENMİŞ HAT POPULASYONUNDA ÇAVDAR
TRANSLOKASYONU, *Glu-A3b*, *Glu-B3b* ve
Waxy PROTEİN ALLELLERİNİN BELİRLENMESİ**

Mesut Ersin SÖNMEZ

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Biyomühendislik Anabilim Dalı

Doç. Dr. Nevzat AYDIN

KARAMAN-2017

T.C.
KARAMANOĞLU MEHMETBEY ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**EKMEKLİK BUĞDAYDA GELİŞTİRİLEN REKOMBİNANT KENDİLENMİŞ
HAT POPULASYONUNDA ÇAVDAR TRANSLOKASYONU, *Glu-A3b*, *Glu-B3b*
ve *Waxy* PROTEİN ALLELLERİNİN BELİRLENMESİ**

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Mesut Ersin SÖNMEZ

Anabilim Dalı: Biyomühendislik

Tez Danışmanı: Doç. Dr. Nevzat AYDIN


KARAMAN-2017

TEZ ONAYI

Mesut Ersin SÖNMEZ tarafından hazırlanan “**Ekmeklik Buğdayda Geliştirilen Rekombinant Kendilenmiş Hat Populasyonunda Çavdar Translokasyonu, Glu-A3b, Glu-B3b Ve Waxy Protein Allellerinin Belirlenmesi**” adlı tez çalışması aşağıdaki jüri tarafından oy birliği ile Karamanoğlu Mehmetbey Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyomühendislik Anabilim Dalı’nda **YÜKSEK LİSANS** olarak kabul edilmiştir.

Danışman:
Doç. Dr. Nevzat AYDIN

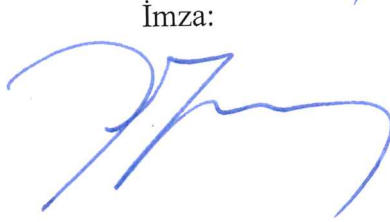
İmza:



Juri Üyeleri

Doç. Dr. Nevzat AYDIN

İmza:



Doç. Dr. Özlem ATEŞ SÖNMEZOĞLU



Yard. Doç. Dr. Seyfi TANER



Tez Savunma Tarihi: 07/06/2017

Yukarıdaki sonucu onaylarım



Doç. Dr. Kamil ARI

Enstitü Müdürü V.

TEZ BİLDİRİMİ

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

Mesut Ersin SÖNMEZ

ÖZET

Yüksek Lisans Tezi

EKMEKLİK BUĞDAYDA GELİŞTİRİLEN REKOMBİNANT KENDİLENMİŞ HAT POPULASYONUNDA ÇAVDAR TRANSLOKASYONU, *Glu-A3b*, *Glu-B3b* ve *Waxy* PROTEİN ALLELLERİNİN BELİRLENMESİ

Mesut Ersin SÖNMEZ

**Karamanoğlu Mehmetbey Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Biyomühendislik Anabilim Dalı**

Danışman: Doç. Dr. Nevzat AYDIN

Haziran, 2017, 66 sayfa

Buğdayda genotip, çevre ve genotip x çevre etkileşimi, kalite ve verimle doğrudan ilişkilidir. Bu çalışmada Tosunbey x Tahirova2000 anaçları kullanılarak geliştirilen rekombinant kendilenmiş populasyonunda bulunan 145 hatta çavdar translokasyonu, *Glu-A3b*, *Glu-B3b* ve *waxy* protein allelleri belirlenmiştir. Haritalama populasyonundaki hatların moleküler olarak düşük molekül ağırlıklı glutenin alt ünitelerinden (DMA) olan *Glu-A3b* ve *Glu-B3b* allelleri PZR yöntemi ile taranmıştır. Popülasyonda yer alan hatlardan 85 tanesinin *Glu-B3b* alleli taşıdığı, 60 adet hattın ise ilgili alleli taşımadığı belirlenmiştir. Aynı popülasyonda yer alan hatlarda *waxy* protein allelleri taranmıştır. Tüm hatlarda *Wx-D1a* ve *Wx-A1a* allellerinin varlığı saptanmış ve hatlardan 73 tanesinin *Wx-B1a* allelini taşıdığı tespit edilmiştir. Popülasyonda 72 adet hattın çavdar translokasyonu taşıdığı saptanmıştır. Çavdar translokasyonu taşıyan ve taşımayan hatlar arasında tane verimi, 1000 tane ağırlığı, başaklanma süresi ve metrekaresindeki tane sayısında istatistiki olarak farklılıklar saptanmıştır. Elde edilen sonuçlar popülasyonda yer alan hatların buğday ıslah programlarında ve agronomik araştırmalarda gen kaynağı olarak kullanılabileceğini göstermektedir.

Anahtar Kelimeler: Buğday, Çavdar Translokasyonu, DMA Allelleri, Waxy Allelleri

ABSTRACT

Ms. Thesis

DETERMINATION OF RYE TRANSLOCATION, *Glu-A3b*, *Glu-B3b* and *Waxy* PROTEIN ALLELES IN RECOMBINANT INBRED LINE POPULATION DEVELOPED IN BREAD WHEAT

Mesut Ersin SÖNMEZ

Karamanoglu Mehmetbey University
Graduate School of Natural and Applied Science
Department of Bioengineering

Supervisor: Assoc. Prof. Dr. Nevzat AYDIN

June, 2016, 66 pages

Genotype, environment and the interaction between them has an important effect for quality and yield of wheat. In this study, the rye translocation, *Glu-A3b*, *Glu-B3b* and waxy protein alleles were determined in the population of 145 recombinant inbred lines developed by crossing Tahirova2000 and Tosunbey cultivars. *Glu-A3b* and *Glu-B3b* alleles which are low molecular weight sub-units of the glutenin were scanned via PCR in the mapping populations. However, it was observed that 85 out of all lines in the population carry *Glu-B3b* alleles, and 60 of these lines do not carry these alleles. In the lines of the same population, waxy protein alleles were scanned. The presence of *Wx-D1a* and *Wx-A1a* alleles in all lines was determined, and it resulted in that 73 lines carried *Wx-B1a* alleles and 72 lines in the population carried the rye translocation. Differences between the lines containing rye translocation and the ones not containing rye translocation in terms of the grain yield, 1000 grains weight, heading time and number of grains per square meter were determined. These results indicated that the lines in the population can be used as gene resources for wheat breeding program and agronomic researches.

Key Words: Wheat, Rye Translocations, LMW Allels, Waxy Alleles

ÖN SÖZ

Yüksek Lisans çalışmam boyunca benden hiçbir yardımı esirgemeyen saygı değer hocam Doç. Dr. Nevzat AYDIN'a teşekkürü bir borç bilirim. Çalışmalarım sırasında bana yardımcı olan ve desteğini esirgemeyen saygı değer hocam Yrd. Doç. Dr. A. Tahir BAYRAÇ ve Yrd. Doç. Dr. Ceren BAYRAÇ'a, Biyomühendislik Moleküler Genetik ve Elektroforez Ar-Ge Laboratuvarı çalışanlarına teşekkür ederim. Karamanoğlu Mehmetbey Üniversitesi BAP'a 12-YL-15 nolu projeme verdiği maddi destekten ötürü ve TÜBİTAK'a 112O135 nolu projeye verdiği desteklerinden dolayı teşekkür ederim. Ayrıca fizyolojik verilerin elde edilmesinde büyük emek harcayan Geçit Kuşığı Tarımsal Araştırma Enstitüsü'nde çalışan Dr. Erdinç SAVAŞLI ve mesai arkadaşlarına çok teşekkür ederim.

Bu güne kadar, bana maddi manevi her türlü desteği veren aileme ve biricik eşime can-ı gönülden teşekkür ederim.

Mesut Ersin SÖNMEZ
Haziran-2017

İÇİNDEKİLER

	<u>Sayfa</u>
ÖZET	i
ABSTRACT.....	ii
ÖN SÖZ	iii
İÇİNDEKİLER	iv
ÇİZELGE DİZİNİ	vi
ŞEKİL DİZİNİ	vii
1. GİRİŞ	1
2. KURAMSAL TEMELLER VE KAYNAK ARAŞTIRMASI.....	4
3. MATERYAL VE METOD	11
3.1. Materyal.....	11
3.1.1. Bitki Materyali.....	11
3.1.2 Tarla Denemelerinin Yürütüldüğü Lokasyon	11
3.2 Metod	11
3.2.1 DNA İzolasyonu	11
3.2.2 Polimeraz Zincir Reaksiyonları (PZR)	15
3.2.3 Fizyolojik ve Agronomik Özelliklerin Belirlenmesi	19
4. BULGULAR VE TARTIŞMA.....	21
4.1. <i>Glu-A3b</i> Allelinin Moleküler Taramaları	21
4.2 <i>Glu-B3b</i> Allelinin Moleküler Taramaları	22
4.3 Waxy Protein Allellerinin Moleküler Taramaları.....	24
4.4 <i>Sec1Gene</i> Allelinin Moleküler Taramaları	26

4.5 Bazı Agronomik Özellikler Üzerine Çavdar Translokasyonunun Etkilerinin Araştırılması.....	28
4.5.1 Bin Tane Ağırlığı	28
4.5.2 Bitki Boyu.....	28
4.5.3 Tane Verimi ve Metrekarede Tane Sayısı	32
4.5.4 Başaklanma Süresi	33
4.5.5 Biyo-Kütle Ağırlığı.....	34
4.5.6 Metrekarede Başak Sayısı ve Tane/Başak Oranı.....	35
4.5.7 Hasat İndeksi.....	35
4.5.8 NDVI Değerleri (Mart, Nisan, Mayıs ve Haziran)	36
5. SONUÇ	37
6. KAYNAKLAR	37
7. ÖZGEÇMİŞ	53

ÇİZELGE DİZİNİ

<u>Çizelge</u>	<u>Sayfa</u>
Çizelge 3.1: Ebeveyn çeşitlerin bazı genotipik ve fenotipik özellikleri.....	12
Çizelge 3.2: Araştırmada kullanılan primerlere ilişkin bilgiler.....	16
Çizelge 4.1: Haritalama popülasyonunda yer alan hatların <i>Glu-B3b</i> alleli taşıma durumuna ilişkin veriler.....	23
Çizelge 4.2: Populasyonda yer alan hatların <i>Wx-B1</i> alleli taşıma durumuna ilişkin veriler.....	25
Çizelge 4.3: Populasyonda yer alan hatların <i>Sec1Gene</i> alleli taşıma durumuna ilişkin veriler.....	27
Çizelge 4.4: Tane verimi, biyo-kütle, 1000 tane ağırlığı, metrekarde tane sayısı, metrekarde başak sayısı ve tane/başak oranı verilerine ilişkin ortalamalar, standart sapma ve varyasyon katsayısı verileri.....	29
Çizelge 4.5: Başaklanma süresi, bitki boyu ve NDVI verilerine ilişkin ortalamalar, standart sapma ve varyasyon katsayısı verileri.....	29
Çizelge 4.6: Tane verimi, biyo-kütle, 1000 tane ağırlığı, metrekarde tane sayısı, metrekarde başak sayısı ve tane/başak oranı verilerinin yıllara göre ortalama değerleri.....	30
Çizelge 4.7: Tane verimi, biyo-kütle, 1000 tane ağırlığı, metrekarde tane sayısı, metrekarde başak sayısı ve tane/başak oranı değerlerine ilişkin varyans analizi.....	30
Çizelge 4.8: Başaklanma süresi, bitki boyu ve NDVI verilerinin yıllara göre ortalamaları.....	31
Çizelge 4.9: Başaklanma süresi, bitki boyu ve NDVI değerlerine ilişkin varyans analizi.....	31

ŞEKİL DİZİNİ

<u>Şekil</u>	<u>Sayfa</u>
Şekil 3.1: Thermofisher 1 kb ladder	14
Şekil 3.2: 45-58. numunelerin izole edilen DNA'larının %0,8 lik agaroz jel görüntüleri	14
Şekil 3.3: Thermofisher 100 bp ladder	15
Şekil 4.1: Rekombinant kendilenmiş hatların <i>Glu-A3b</i> alleli için jel fotoğrafı.....	21
Şekil 4.2: Rekombinant kendilenmiş hatların <i>Glu-B3b</i> alleli için jel fotoğrafı.....	22
Şekil 4.3: Rekombinant kendilenmiş hatların <i>Wx</i> allellere ilişkin jel fotoğrafı	24
Şekil 4.4: Rekombinant kendilenmiş hatların <i>Sec1Gene</i> alleli için jel fotoğrafı	26

SİMGELER VE KISALTMALAR

<u>Simgeler</u>	<u>Açıklama</u>
bç	Baz çifti
dk	Dakika
dATP	Deoksi Adenozin Trifosfat
dCTP	Deoksi Sitidin Trifosfat
dGTP	Deoksi Guanozin Trifosfat
dTTP	Deoksi Timidin Trifosfat
DNA	Deoksiribonükleik asit
DMA-GA	Düşük moleküler ağırlıklı glutenin alt ünite
EDTA	Etilendiamin Tetraasetikasit
g	Gram
HCl	Hidroklorik asit
HMW-GS	High Molecular Weight Glutenin Subunit
Kb	Kilobaz
LMW-GS	Low Molecular Weight Glutenin Subunit
M	Molar
MA	Moleküler Ağırlık
mg	Miligram
MgCl₂	Magnezyum Klorür
mL	Mililitre
nm	Nanometre

mM	Milimolar
NaCl	Sodyum Klorür
ng	Nanogram
PZR	Polimeraz Zincir Reaksiyonu
TBE	Tris/ Borat/ EDTA (Tampon Çözelti)
Tris	Tris (Hidroksil Metil) Aminometan
Tris HCl	Tris Hidroklorür
UV	Ultraviolet
U	Ünite
UV-vis	Ultraviyole spektrofotometresi
YMA-GA	Yüksek moleküler ağırlıklı glütenin alt ünite
rpm	Dakikadaki devir sayısı
°C	Santigrat derece
µM	Mikromolar
µl	Mikrolitre

1. GİRİŞ

Birleşmiş Milletler tarafından hazırlanan Dünya Nüfus Beklentileri raporuna göre dünya nüfusunun 2025 yılında 8 milyarı bulması beklenirken, Türkiye'nin nüfusunun 2025 yılında 83 milyon 713 bin, 2050 yılında ise 94 milyon 606 bin olacağı tahmin edilmektedir (Anonim, 2012). Nüfus artışı nedeniyle gıda ihtiyacının artacağı ve tarımsal ürünlerinin gıda ihtiyacını karşılamasında sıkıntılar yaşanabileceği ön görülmektedir. Gıda ve Tarım Örgütü (FAO) tarafından 2014 yılında yayınlanan rapora göre her dokuz kişiden birinin açlık sınırında olduğu ve dünyada 805 milyon kişinin kronik açlığın pençesinde olduğu belirtilmiştir (FAO, 2014). Nüfus artışının yanı sıra iklim değişikliklerinin de tarımsal üretimi olumsuz etkileyeceği öngörülmektedir.

1970'ten günümüze kadar olan uydu verilerine göre dünyanın nem miktarının %4, hava sıcaklığının 0,5 °C artış gösterdiği ve bunların sonucu olarak sıcak hava dalgaları, şiddetli yağışlar ve beklenmeyen hava koşullarının ortaya çıkma olasılığının arttığı gözlenmiştir (Miller, 2012). Yağış miktarındaki değişiklikler ve yağışın yıl içerisindeki dağılımı bitkisel üretimi etkilemektedir. Diğer yandan dünya su kaynaklarının çok büyük bir kısmı tarımsal amaçlı kullanılmakta, küresel ısınma nedeniyle tarımsal üretimde yeni stratejilerin geliştirilmesi ve ıslah programlarının planlanmasında bu hususlar göz önünde bulundurulmalıdır (FAO Aquastat, 2013).

Dünyada bilinen toplam 250.000 bitki türünden yaklaşık 5.000'i insanların beslenmesi için kullanılmakta ve bunlardan yaklaşık 1.500 türün kültürü yapılmaktadır. Bu türlerden sadece 250'si insanların kalori gereksinimlerinin büyük bir kısmını karşılamaktadır (Wilkes, 1993; Swaminathan, 1993). Tarımı yapılan bitki türleri içerisinde tahıllar önemli bir yer tutmaktadır. Tüm dünyada 2 milyar ton civarında üretimi olan tahıllar, günlük enerji ihtiyacının yaklaşık %60'ını karşılamaktadır (Liu, 2007). Tahılların besin değerlerinin yüksek olması yanında fiyatlarının da ucuz olması tahıl tüketiminin diğer gıdalara oranla daha fazla tercih edilmesine sebep olmaktadır. Artan dünya nüfusu nedeniyle tahıl ihtiyacının 2010 yılı değerlerine kıyasla, 2030 yılında %31, 2050 yılında ise %52 artması beklenmektedir (Rosegrant, 2013).

Tahıllar insan beslenmesinde enerji ihtiyacının karşılanmasında kullanılan temel karbonhidrat kaynağıdır. Endospermi karbonhidrat bakımından zengin olan tahılların,

kabuk kısımları da protein, mineral ve B vitamini bakımından zengindir. Embriyoda ise protein, yağ, vitamin ve mineraller yoğun olarak bulunmaktadır. Ayrıca tahıllar E vitamini de içermektedir. Tahıl tanesinin genel bileşimi yaklaşık olarak %14 su, %69-75 karbonhidrat, %8-12 protein, %1-5 yağ, %1-2 mineral şeklindedir (Liu, 2007).

Buğday, dünyada kültürü yapılan tahıllar içerisinde ilk sırada yer almaktadır. Gluten proteini sayesinde hamura dönüştürülerek birçok gıda ürününün üretiminde kullanılan buğday, temel besin maddelerinden biri olmakla birlikte dünya nüfusunun yaklaşık %35'inin tükettiği tahıl türüdür (Atlı, 1999). Geniş adaptasyon yeteneğine ve zengin biyo-çeşitliliğe sahip olan buğday, Triticeae takımına ve Gramineae familyasına aittir. Buğday, diploid ($2n=6x=14$), tetraploid ($2n=28$) ve hekzaploid ($2n=4x=42$) olmak üzere üç farklı ploidi türüne sahiptir (Salamini ve ark., 2002). Diploid buğdaylara *T. monococcum* ssp. *monococcum* ($2n=14$, AA genomu), tetraploid buğdaylardan; *T. turgidum* ssp. *durum* ($2n=28$, BBAA genomu) ve *T. timopheevi* ssp. *timopheevi* ($2n=28$, GGAA genomu) ve hekzaploid buğdaylara *T. aestivum* ssp. *aestivum* ($2n=42$, BBAADD) türleri örnek olarak verilebilir (Kihara, 1944). Makarnalık buğdayın Verimli Hilal bölgesinde (Türkiye'nin Güneydoğu Anadolu Bölgesi) 9 bin yıl önce kültürü yapılmaya başlanmıştır (Özkan ve ark., 2002; 2005). Ekmeklik buğdayın ise Hazar denizinin güneyinde kültüre alındığı belirtilmiştir (Salamini ve ark., 2002).

Türkiye'de 2015 yılında 7,67 milyon hektar alanda buğday yetiştirildiği ve 22,6 milyon ton buğday üretimi yapıldığı TÜİK (Türkiye İstatistik Kurumu, 2015) verilerinde belirtilmiştir. Bu verilerin ışığında Türkiye dünyada önemli buğday üreticileri arasında yer almaktadır. Ayrıca ülkemiz buğday için önemli gen merkezlerinden biridir. Dünya'daki birçok buğday ıslah programı, Türkiye orijinli buğdayları genitör olarak kullanmış ve ekonomik öneme sahip özelliklerin iyileştirilmesinde başarılı sonuçlar elde etmiştir.

Buğday ıslah programlarındaki gelişmeler, buğday ihtiyacının karşılanmasında önemli katkılar sağlamaktadır. Biyoteknolojideki ilerlemeler sonucu bitki ıslahında genlerin moleküler olarak tespit edilmesi ve bu genlerin diğer genotiplere aktarılırken moleküler olarak takibi mümkün olmaktadır.

Fenotipik karakterleri kontrol eden genlerin moleküler olarak belirlenmesinde haritalama populasyonları kullanılmaktadır. Geri melez, F_2 , double haploid ve

rekombinant kendilenmiş hat populasyonları genlerin moleküler olarak tespiti amacıyla yaygın olarak kullanılan populasyonlardır. Rekombinant kendilenmiş hat populasyonları homozigot saf hatlara sahip olmaları nedeniyle bitkisel özelliklerin genotip x çevre interaksiyonlarının belirlenmesinde kullanılabilir. Bu tez çalışmasında ekmeklik buğdayda Tahirova2000 ve Tosunbey ekmeklik buğday çeşitlerinin melezlenmesi sonucu elde edilen rekombinant kendilenmiş saf hatlar kullanılmıştır. Elde edilen hatlarda, ekmeklik buğdayın kalitesine etki ettiği bilinen *Glu-A3b*, *Glu-B3b* ve *Waxy* genleri ve 1BL.1RS çavdar translokasyonunun varlığı moleküler markörlerle taranmıştır. Çavdar translokasyonu taşıyan genotipler ile taşımayan genotipler bazı agronomik ve fizyolojik özellikler bakımından karşılaştırılmıştır.



2. KURAMSAL TEMELLER VE KAYNAK ARAŞTIRMASI

Geniş adaptasyon yeteneği ve zengin biyoçeşitliliğe sahip olan buğday dünya üzerinde geniş ekim alanlarına sahiptir. Türkiye 2015 yılında 7,67 milyon hektar alandan 22,6 milyon ton buğday üretimi yaparak Dünyada en çok buğday üretimi yapan ülkeler arasında ilk ona girmiştir (TÜİK, 2015). Gıda kaynağı olarak kullanılan ve farklı ploidi seviyesinde türlere sahip olan buğday, dünyada büyük organizasyonlar şeklinde ıslah araştırmaları yapılan bir kültür bitkisidir. Buğday ıslah çalışmaları, besin gereksiniminin karşılanması yanında ürünün hammadde kalitesini de artırmaya çalışmaktadır. Yaygın olarak ülkemizde ekmeklik ve makarnalık buğdaylar üretilmektedir. Üretilen buğdayların kalite kriterleri mekanik ve morfolojik olarak incelendiğinde Dünyada kalite sınıflandırmasında ölçüt olarak tane sertliği ve rengi kullanılmaktadır (Wang ve ark., 2010). Diğer yandan ekmeklik buğdayda tane sertliğinin yanı sıra protein içeriği ve kalitesi de önemli kriterlerdendir.

Buğdayda bulunan protein miktarının %75-85'ini gluten proteini oluşturmaktadır. Gluten proteinleri buğday tanesinin endosperm kısmında yer almaktadır. Gluten iki temel alt üniteden oluşur. Bunlar glutenin ve gliadin alt üniteleridir. Gliadinler monomerik proteinlerdir ve hamur içerisinde intra-moleküler disülfid bağlar oluştururlar. Gluteninler ise polimerik proteinlerdir ve inter-moleküler disülfid bağlarıyla polimerleşirler (Shewry ve Tatham, 1997). Glutenin ve gliadin proteinleri hamur oluşumu esnasında sulu ortamda birbirleri ile etkileşime girerek gluten proteinini oluştururlar (Wieser, 2007).

Gluten proteinleri ekmek olma kalitesini belirleyen en önemli protein grubudur. Gluten proteinleri hamurun su tutma kapasitesini, kohesivitesini, viskositesini ve elastikiyetini belirlemede etkin rol oynamaktadır. Glutenin üniteleri hamurun elastik karakterini kontrol ederken, gliadinler ise hamurun uzayabilirlik karakterine katkı sağlar. Un ile su karıştırılıp hamur elde edilirken glutenin protein ağları oluşur ve bu ağlar ekmek pişirme esnasında ortaya çıkan gazların ekmek içerisinde tutulmasını ve ekmeğin kabarmasını sağlar (Branlard ve ark., 2001).

Glutenin fraksiyonu, yaklaşık 500.000 ila 10 milyondan fazla değişen boyutlara sahiptirler. Birincil protein yapılarına göre glutenin proteinleri iki alt üniteden oluşur.

Bunlar, Yüksek Molekül Ağırlıklı (YMA) alt üniteler (MA = 67.000–88.000 da) ve Düşük Moleküler Ağırlıklı (DMA) alt üniteleridir (MA = 32.000–35.000 da) (Wieser, 2007).

YMA alt üniteleri buğday kromozomlarının 1A, 1B ve 1D uzun kollarında bulunan *Glu-A1*, *Glu-B1* ve *Glu-D1* lokusları tarafından kodlanmaktadır. *Glu-A1* ve *Glu-B1* lokusunun altı, *Glu-D1* lokusunun ise 11 alleli bulunmaktadır. YMA alt üniteleri hamura elastik karakter kazandırırken, mayaların ürettiği gazlarında kabarcıklar halinde hamur içerisinde tutulmalarını sağlamaktadır (Anjum ve ark., 2007).

DMA alt üniteleri 1A, 1B ve 1D kromozomlarının kısa kollarında bulunan *Glu-A3*, *Glu-B3* ve *Glu-D3* lokusları tarafından kodlanır (Jackson ve ark., 1983; Yan ve ark., 1999). SDS-PAGE analizlerinde elde edilen verilere göre *Glu-A3* lokusunun altı (*a, b, c, d, e, f*), *Glu-B3* lokusunun dokuz (*a, b, c, d, e, f, g, h, i*) ve *Glu-D3* lokusunun ise beş (*a, b, c, d, e*) farklı allelinin olduğu saptanmıştır. Maksimum hamur kuvvetine (R_{maks}) allellerin etkisinin karşılaştırıldığı bir araştırmada *Glu-A3* lokusunda yer alan alleller için $b > d > e > c$, *Glu-B3* lokusu allelleri için $i > b = a > e = f = g = h > c$ ve *Glu-D3* lokusu allelleri için ise $e > b > a > c > d$ şeklinde bir etkinlik sıralaması olduğu belirtilmiştir (Gupta ve ark., 1989, 1990, 1991, 1994; Metakovsky ve ark., 1990; Masci, ve ark., 1998; Brites ve Carrillo, 2001; D'Ovidio ve ark., 2004). Düşük molekül ağırlıklı glutenin alt ünitelerinden *Glu-B3* lokusunda yer alan allellerin hamur kalitesini iyileştirici etkisinin olduğu ve *Glu-A1* YMA alt ünitelerin de hamurun reolojik özelliklerini etkilediği bilinmektedir (Boggini ve ark.,1995).

YMA ve DMA alt ünitelerinin hamur üzerine etkisinin araştırılmasında katlanmış haploid çalışmalar da bulunmaktadır. Cranbrook/Halberd melezlemesi sonucu elde edilen katlanmış haploid hatlar üzerinde çalışma yapan Cornish ve ark. (2001) genotiplerin yüksek ve düşük molekül ağırlıklı glutenin bantlarını incelemişler ve ekmeklik kalitesiyle olan ilişkilerini belirlemişlerdir. Hamurun temel karakteristik özelliklerinden olan hamurun kuvveti ve uzayabilirliğine bakılarak elde edilen veriler üzerinde Çoklu Doğrusal Regresyon analizleri yapılmıştır. Ekmeklik hamur kalitesini belirlemede YMA alt ünitelerinin yanı sıra DMA alt ünitelerinin de kayda değer etkilerinin olduğunu belirlemişlerdir (Cornish ve ark., 2001).

DMA-s tipi glutenin alt ünitesini kodlayan DMA glutenin alt ünitesinin hamur kuvvetini artırdığı ve bu alt ünitenin ekmek-yapım kalitesiyle ilişkili olduğu saptanmıştır (Maruyama ve ark., 2004; Huang ve Cloutier, 2008).

DMA glutenin alt ünitelerinin farklı allellerinin hamur kalitesi üzerinde farklı etkilerinin olduğu ortaya koyulmuştur. Luo ve ark. (2001) yapmış oldukları çalışmada *Glu-A3* allellerinin belirgin bir şekilde protein içeriğini, SDS sedimentasyon değeri ve miksolab midline pik değerini etkilediğini, *Glu-D3* allellerinin Pelshenke zamanını ve sedimentasyon hacmini artırdığını ve *Glu-B3* allellerinin ise güçlü bir şekilde sertlik hariç tüm karakterler üzerinde etkisi olduğunu saptamışlardır.

Bradova ve Stockova, 2010 yılında yapmış oldukları çalışmada 86 adet kışlık buğday çeşidinde Sodyum Dodesilsülfat Poliakrilamid Jel Elektrofrez (SDS-PAGE) incelemelerinde 21 adet YMA ve 18 adet DMA glutenin bantı saptamışlardır. Onsekiz adet DMA alt ünitelerinden üç adedinin *Glu-A3*'e, sekiz adedi *Glu-B3* ve üç adedi *Glu-D3*'e ait olduklarını belirlemişler, 7+9 ve 5+10 bantlarının ekmek kalitesine olumlu etki yaptığını, 6+8, 2+12 ve *Glu-A3e/f* bantlarının ise olumsuz etki yaptığını bildirmişlerdir.

DMA glutenin alt ünitelerinin gen dizisi incelendiğinde ise glutamin amino asiti tekrarları gözlenmiştir. Glutamin tekrarları gluten proteininin yapısını geliştiren sistein bağlarını oluşturmakta ve hamur kuvvetini artırmaktadır (Masci ve ark., 1998). Li ve ark. (2008) yılında yaptıkları çalışmada yabancı bir buğday türünün (*Triticum turgidum* L. var. *dicocoides*, 2n = 4x = 28, AABB) *Glu-A3* lokusunda bulunan DMA-i alt ünitelerini kodlayan genleri ve bu genlerin altında ve üstünde bulunan bölgeleri sekanslamışlar, 12 ve 17 adet glutaminler bir araya gelerek poli-glutaminleri oluşturduğunu saptanmıştır ve bu polimerlerinde hamur kuvvetini artırdığını ifade etmişlerdir.

DMA glutenin alt ünitelerinin buğdayın son kullanımında anahtar rol oynadığı anlaşılmış olup DMA alt ünitelerinin allellerinin tespiti için yeni STS (Sekans Etiketli Bölge) markörler tasarlanmıştır. *Glu-B3* lokusunda bulunan DMA glutenin alt üniteleri için Wang ve ark. (2009) yeni STS markörleri geliştirmişlerdir. Araştırmada sekiz Yakın İzogenik Hat ve dokuz farklı *Glu-B3* alleli (*a, b, c, d, e, f, g, h ve i*) içeren genotip kullanmışlardır. Dokuz farklı dominant alleldeki SNP'lere (Tek Nükleotit Polimorfizmi)

özgü primerler belirlenmiş ve 161 farklı genotipte bu primerler denenerek doğrulanmıştır.

Buğdayda kalite kriterlerine etki eden diğer bir faktör ise nişastadır. Buğdayın kuru ağırlığının %70'ini oluşturan nişasta iki farklı alt üniteden oluşur. Bunlar amiloz ve amilopektindir. Amiloz, glikoz moleküllerinin α -1,4 glikozidik bağlarla oluşturduğu düz zincir yapısına sahip bir polimerdir. Amilopektin ise, α -1,4 glikozidik bağlarla uzamış olan zincirin α -1,6 glikozidik bağlarla dallanmasıyla oluşan polimerdir. Buğdaydaki nişastanın yaklaşık %22–35'ini amiloz ve %68–75'ini ise amilopektin oluşturmaktadır (1998; Zeng ve ark., 1997, Fredriksson ve ark.).

Nişasta sentezi amiloplastlarda gerçekleşmektedir ve nişasta granül proteinleri olarak depo edilmektedir. Amiloz sentezi buğdayın endosperminde GBSS1 (Granule-Bound Starch Synthase I) enzimi veya diğer bir deyişle waxy proteinleri ile gerçekleştirilir (Nakamura, 1995; Nagao ve ark., 1977; Nagao, 1981; Crosbie ve ark., 1990; Crosbie; 1994; Seib ve ark., 1997; Seib, 2000). Buğday kromozomunda GBSS1 enzimini kodlayan *Wx-A1*, *Wx-D1* ve *Wx-B1* genleri sırasıyla 7AS, 7DS ve 4AL kromozomlarındaki lokuslarda yer almaktadır. Tam mumsu buğdayların bu üç allel bakımından null (değersiz) oldukları veya bu lokuslarda fonksiyonu olmayan alleller bulunduğu saptanmıştır. Bu üç lokustan bir veya iki allel için null olan buğdaylara kısmi mumsu buğdaylar denir. Bu üç allelin null olması durumunda amiloz hücrede üretilmez ve buğdayda nişasta granülleri %100 amilopektinden oluşur. Buğdayda amiloz miktarı artışına etkisi kıyaslandığında alleller *Wx-B1* > *Wx-D1* > *Wx-A1* şeklinde sıralanmaktadır (Yamamori ve Quynh, 2000).

Amiloz ve amilopektin oranı buğday ürünlerinin kalitesini belirleyen önemli bir kriterdir (Lineback ve Rasper, 1988; Pomeranz, 1988; Crosbie, 1994; Seib, 1997, 2000). Amiloz oranı düşük unlardan üretilen ekmekler, amiloz oranı yüksek olan unlardan üretilen ekmeklere oranla daha fazla kabarmakta, su tutma kapasitesi ve raf ömrü artmaktadır (Morris ve ark., 1998; Seib, 2000).

Ekmek, kek ve tuzlu beyaz erişte üzerinde yapılan bir çalışmada (Hayakawa ve ark., 2004) mumsu buğday ununun oranının %20'yi geçtiğinde tüm ürünlerde kaliteyi olumsuz etkilediği ifade edilmiştir. Bu karışımda yapışkan, gevrek ve topaklı ürünler elde edilirken, % 20'nin altında mumsu buğday unu kullanılan karışımlardan yapılan

ürünlerde istenilen ürün kalitesine ulaşılmış ve raf ömrünün uzadığı gözlenmiştir (Hayakawa ve ark., 2004).

Tam mumsu olan buğday tiplerinin yerine amiloz oranı azaltılmış buğday tipleri tercih edildiği Japon erişte üretiminde, *Wx-B1* alleli null olan buğday çeşitleri kullanılması eriştenin dış yüzeyinin sıkı, iç kısmının ise yumuşak olmasını sağlamaktadır (Graybosch, 1998).

Buğday ürünlerinin kalitesinde amiloz/amilopektin oranının yanı sıra buğdayın un veya irmiğe öğütülmesi sırasında maruz kaldığı mekanik hasar (nişasta zedelenmesi) derecesi de önemlidir (Lineback ve ark., 1988; Pomeranz, 1988; Crosbie, 1994; Seib ve ark., 1997; Seib, 2000). Ekmeklik unlarda nişasta zedelenmesi kalite açısından istenen bir özelliktir (Gibson ve ark., 1992; Bettge ve ark., 2000).

Waxy protein allellerinin SDS-PAGE analizleri sonucu *Wx-A1* 62.8 kda, *Wx-B1* 56.7 kda ve *Wx-D1* allelinin ise 58.7 kda ağırlığındaki bantları gözlemlenmiştir (Nakamura ve ark., 1992; Yamamori ve ark., 1992). Son yıllarda Waxy protein allellerine spesifik PZR protokolleri ve yeni markörler geliştirilmiştir (Briney ve ark., 1998; McLauchlan ve ark., 2001; Nakamura ve ark., 2002; Saito ve ark., 2009).

Buğdayda gluten proteinleri ve GBSS enzimleri yanı sıra kaliteyi etkileyen diğer bir faktörde çevredir. Peterson ve ark. (1992) buğdayda verim ve kalite gibi özelliklerin genotip, çevre ve genotip x çevre interaksiyonundan önemli oranda etkilendiğini bildirmişlerdir. Bunun yanında günümüzde buğdayın verimine etki eden birçok biyotik ve abiyotik faktör vardır.

Çavdar translokasyonları, buğday ıslahında stres şartlarına uyum yeteneği, agronomik performansı, hastalıklara dayanıklılık ve adaptasyon yeteneğinin artırılması amacıyla kullanılmaktadır (Villareal ve ark., 1991; Moreno-Sevilla ve ark., 1992; Moreno-Sevilla ve ark., 1995; Graybosch, 2001; Kim ve Johnson, 2004; Hoffman, 2008; Ehdaie ve ark., 2011). Buğday ıslahı için önemli bir gen kaynağı olan çavdar kromozom parçaları doğal olarak veya melezleme yöntemleriyle farklı buğday türlerine aktarılmıştır. Günümüze kadar yapılan çalışmaların büyük bir çoğunluğu çavdar translokasyonunun buğdayda agronomik performansı artırırken, buğday kalitesine olumsuz etkisinin olduğunu göstermiştir (Zeller ve Hsam, 1984; Dhaliwal ve MacRitche, 1990; Graybosch ve ark.,

1990; Graybosch, 2001; Moiraghi ve ark., 2013). Buğday-çavdar translokasyonu taşıyan genotiplerde kalitenin düşük olması genellikle *Glu-B3* lokusunda bulunan DMA glutenin alt ünitelerinin bulunmaması ve çavdardan transfer edilen secalin proteini nedeniyle (Zeller ve Hsam., 1984; Lee ve ark., 1995).

Fakat yapılan bazı çalışmalarda çavdar translokasyonu taşıyan bazı genotiplerin kabul edilebilir kalite özelliklerine sahip olduğu saptanmıştır. Bu durumun yaşanmasında genotiplerin taşıdığı genetik tabanın önemli olduğu ifade edilmiştir. Genotipin sahip olduğu genetik taban ve bazı çevreler çavdar translokasyonunun kalite üzerine olumsuz etkisini dengeleyebilmektedir (Graybosch ve ark., 1990; Pena ve ark., 1990; Lee ve ark., 1995). Genetik tabanın yanı sıra genotiplerin taşıdıkları çavdar translokasyon tiplerinin de kalite ve adaptasyon üzerine etkisi bulunmaktadır. Özellikle çavdarın 1R ve 5R kromozomları biyotik ve abiyotik streslere karşı tolerans sağlayan gen kaynakları içermektedir (Sears, 1972; Friebe ve ark., 2001; Qi ve ark., 2007; Chumanova ve ark., 2014). Çok farklı buğday-çavdar translokasyonları bulunmakla birlikte yaygın olarak literatürde 1AL.1RS ve 1BL.1RS buğday-çavdar translokasyonları, buğday ıslahı çalışmalarında kullanılmıştır (Lukaszewski, 1990; Rabinovich, 1998; Graybosch, 2001).

1AL.1RS buğday-çavdar translokasyonu taşıyan genotiplerin bu translokasyonu taşımayan genotiplere göre kara pasa, küllemeye ve yeşilböcek (greenbug) zararlısına karşı daha dirençli olduğu gözlemlenmiştir (Sebesta ve Wood, 1978; Porter ve ark., 1994; Sebesta ve ark., 1994). Buğdayın 1B kromozomunun kısa kolunda yer alan 1R çavdar translokasyonu sonucu oluşan 1BL.1RS buğday-çavdar translokasyonu ticari buğday çeşitlerinde yaygın olarak kullanılmıştır (Rabinovich, 1998; Belan ve ark., 2012). 1BL.1RS buğday-çavdar translokasyonu taşıyan genotipler *Lr26*, *Sr31*, *Yr9* ve *Pm8* genlerini taşımaktadır. Bu sayede çavdar translokasyonu taşıyan genotipler yaprak, kök ve sarı pas hastalıklarının yanı sıra küllemeye de direnç kazanmaktadır (Singh ve ark., 1990). Diğer taraftan, Villareal ve ark. (1998), çavdar translokasyonu taşıyan çeşitlerin kurak şartlara daha iyi adapte olduğunu ve artan kök biyokütlesi nedeniyle tane veriminin ve tane ağırlığının arttığını saptamışlardır. Diğer bir araştırmada çavdar translokasyonuna sahip buğday genotiplerinin su kullanım kabiliyetinin daha iyi olduğu saptanmıştır (Ehdaie ve ark., 2003).

Çavdar translokasyonunun buğday genotiplerinde bitki biyokütlesini, başaktaki ve bitkideki tohum miktarını artırdığı, öğütme ve pişirmede herhangi bir olumsuz etkisinin olmadığı, olgunlaşmayı geciktirdiği, köklerde farklılaşmalar sağlayarak kuraklığa toleransı artırdığı belirtilmiştir (Ehdaie ve ark., 2003; Sharma ve ark., 2009; Sharma ve ark., 2011). Özellikle 1BL.1RS translokasyonuna sahip olan buğday bitkilerinde ortamdaki nem azaldığında tane verimin arttırabildiğini belirtilmiştir (Singh, 1998). Bununla birlikte çavdar translokasyonlarının kurak şartlarda genotiplerin genetik tabanına bağlı olarak tane veriminde bir avantaj sağlamadığını gösteren araştırmalar da bulunmaktadır (Xue ve ark., 2014).

Diğer taraftan 1BL.1RS translokasyonlarına sahip genotiplerde SDS-sedimentasyon hacim değerleri ve hamur kuvvetinin azaldığı, hamurda yapışkanlığın artışına sebep olduğu daha önceki çalışmalarda rapor edilmiştir (Zeller ve Hsam 1984; Dhaliwal ve ark., 1988; Dhaliwal ve ark., 1990; Graybosch, 1990).

Buğday-çavdar translokasyonunun belirlenmesinde çok farklı yöntemler kullanılmaktadır. Morfolojik analiz yöntemleri translokasyon belirleme analizleri, C-bantlama (Gill ve Kimber, 1977; Fernández ve ark., 1995), in situ hibridizasyonu (Le ve ark., 1989; Fernández ve ark., 1995; Bhat ve ark., 2007), ELISA (Enzyme-Linked Immunoabsorbent Assay) (Moonen ve Zeven, 1984; Graybosch ve ark.; 1993b; Andrews ve ark., 1996) ve DMA gluten alt ünitlerinin SDS-PAGE ile analizleri şeklinde yaygınlaşmıştır (Dhaliwal ve ark., 1990; Graybosch ve ark., 1993a). Son yıllarda yaygın olarak kullanılan ve diğer yöntemlere göre daha hızlı ve maliyeti düşük PZR yöntemleri kullanılmaktadır (Guidet ve ark., 1991; Koebner, 1995; Shimizu ve ark., 1997; Weng ve ark., 2007; Tabibzadeh ve ark., 2013; Bagherikia ve ark., 2014).

Bu tez çalışmasında ekmeklik buğday hatları çavdar translokasyonunun belirlenmesi ile *Glu-A3b*, *Glu-B3b* ve *waxy* genlerinin tespiti amacıyla moleküler olarak taranmıştır.

3. MATERYAL VE METOD

3.1. Materyal

3.1.1. Bitki Materyali

Projede bitki materyali olarak 112O135 nolu TÜBİTAK projesi kapsamında geliştirilen Tosunbey x Tahirova2000 melezlemesi sonucu elde edilen rekombinant kendilenmiş hat popülasyonunda yer alan 145 hat ve beş kontrol çeşit kullanılmıştır. Denemelerde kontrol çeşit olarak Tosunbey, Tahirova2000, Adana99, Nevzatbey ve Altay2000 çeşitleri yer almıştır. Genotiplerin tamamı beyaz tanelidir. Rekombinant kendilenmiş hat popülasyonunun geliştirilmesinde ebeveyn olarak kullanılan çeşitlerin bazı özelliklerine ilişkin bilgilere Çizelge 3.1’de yer verilmiştir.

3.1.2. Tarla Denemelerinin Yürütüldüğü Lokasyon

Verim denemeleri, Eskişehir lokasyonunda 2013, 2014 ve 2015 yıllarında yürütülmüştür. Eskişehir lokasyonu Orta Geçit Kuşağı temsil etmekte ve kış zararının görülebileceği bir lokasyondur. Denemelerde sulama Eskişehir lokasyonunda 2013 ve 2014 yazında bir kez (35-40 mm) yapılmıştır. Denemelerin yürütüldüğü yetiştirme sezonlarında buğday bitkisinin arazide bulunduğu aylarda 2012-13, 2013-14 ve 2014-15 yetiştirme sezonlarında Eskişehir lokasyonunda sırasıyla 332.8 mm, 316.7 mm ve 314.0 mm’dir. Eskişehir lokasyonunda aynı yıl sıralamasıyla 10.7 °C, 10.5 °C ve 9.7 °C gerçekleşmiştir.

3.2. Metod

3.2.1. DNA İzolasyonu

DNA izolasyonu ZR Plant/Seed DNA miniPrep™ Kit (Zymo, D6020) kullanılarak tohumdan yapılmıştır. Metod kit protokolüne göre uygulanmıştır.

3.2.1.1 DNA İzolasyon Protokolü

Yaklaşık 175 mg buğday tohumu (beş adet tohum) porselen havanda parçalanmış ve tohumlar un haline gelene kadar ezilmiştir. Yüzelli mg parçalanmış numune lizis (hücre parçalama) tüpüne aktarılmış ve lizis solüsyonu ile 10 dk 3.000 rpm'de vortekslenmiştir. Lizis tüp 10.000 g'de 1 dk santrifüj edilerek istenmeyen büyük parçalar dibe çöktürülmüş ve DNA süpernatantda eşdeğer ağırlıkta veya DNA'dan daha küçük biyomoleküllerle karışık bir şekilde bulunması sağlanmıştır. Süpernatantdan 400

Çizelge 3.1. Ebeveyn çeşitlerin bazı genotipik ve fenotipik özellikleri

Özellikler	Tosunbey	Tahirova2000
YMA Glutenin alt üniteleri**	1, 17+18, 5+10	2*, 7+9, 5+10
DMA Glutenin alt üniteleri**	<i>Glu A3b, Glu B3b, Glu D3b</i>	<i>Glu A3e</i> (null), <i>Glu B3j</i> (null), <i>Glu D3b</i>
Çavdar translokasyonu varlığı***	Yok	Var (1BL.1RS)
Waxy gen allelleri ***	<i>Wx-7D</i> (+), <i>Wx-7A</i> (+), <i>Wx-4A</i> (-)	<i>Wx-7D</i> (+), <i>Wx-7A</i> (+), <i>Wx-4A</i> (+)
Verim potansiyeli (iyi çevrede) **	500-700 kg/da	600-900 kg/da
Bitki boyu**	95-100	90-95
Başaklanma gün sayısı** (1 Ocaktan itibaren)	Orta erkenci (121 gün)	Orta erkenci (125 gün)
Tane rengi**	Beyaz	Beyaz
Tane sertliği (Fenotipik)**	Sert	Sert
Tane sertliği (Genotipik)*	<i>Pina</i> (<i>Pina-D1a</i> (-), <i>Pina-D1b</i> (-)) <i>Pinb</i> (<i>Pinb-D1a</i> (-), <i>Pinb-D1b</i> (+), <i>Pinb-D1c</i> (-))	<i>Pina</i> (<i>Pina-D1a</i> (-), <i>Pina-D1b</i> (-)) <i>Pinb</i> (<i>Pinb-D1a</i> (-), <i>Pinb-D1b</i> (+), <i>Pinb-D1c</i> (-))
Tane protein oranı (%)	% 12-15	% 11-13
Unda SDS Sedimentasyon hacmi (ml) **	35 ml	19 ml
Gelişme tabiatı	Alternatif	Yazlık

* Özkan H. TÜBİTAK Projesi Sonuç Raporu, 107O207

** Aydın N. TÜBİTAK Projesi, 112O135

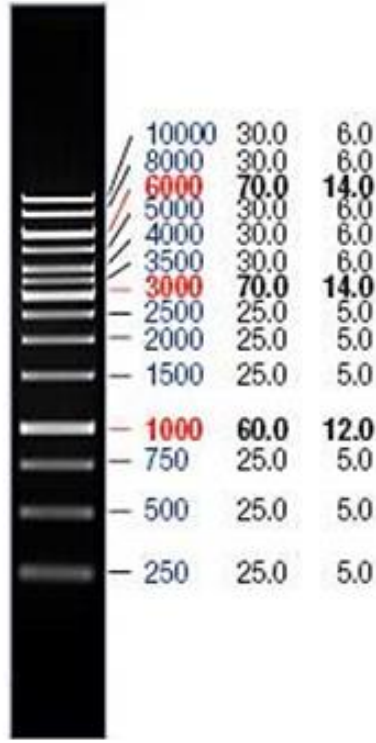
μL filtre t p ne (Zymo-SpinTM IV Spin Filter) aktararak ilk filtreleme 7.000 g'de 1 dk santrif jle gerekleřtirilmiřtir. Filtre edilmiř sol syona 1.200 μL DNA'ya baėlanan tampon ozelti eklenmiř ve pipetlenmiřtir. 800 μL  rnek iinde bu adım tekrarlanarak DNA'lar kolona baėlanmıřtır. Daha sonra DNA'yı yıkama iřlemine geilmiřtir. Bunu takiben sol syonun 800 μL 'si DNA'yı tutacak olan kolona (Zymo-SpinTM IIC Column in a Collection Tube) eklenmiř ve 10.000 g'de 1 dk santifuj yapılmıř ve kalan kolona y kl  DNA'lar 200 μL DNA  n yıkama sol syonu (Pre-Wash Buffer to the Zymo-SpinTM IIC Column) eklenerek 10.000 g'de 1 dk santrif j edilmiřtir. Bu iřlem sonrasında kolona 500 μL yıkama sol syonu eklenmiř 10.000 g'de 1 dk santrif j edilerek DNA yıkama iřlemi tamamlanmıřtır. Kolonda bulunan DNA'ları 1,5 mL'lik mikrosantrif j t p ne aktarabilmek iin el syon sol syonu ile muamele edilmiřtir. Elde edilen DNA saflařtırılmak  zere ikinci bir filtre t p ne aktarılmıř (Zymo-SpinTM IV-HRC Spin Filter) ve 8.000 g'de 1 dk santrif j edilmiřtir.

3.2.2. DNA Konsantrasyonunun Belirlenmesi

Numunelerden elde edilen DNA konsantrasyonunu belirlemek iin kullanılan Thermo Multiskan Go Cihazı ile numunelerden izole edilen DNA miktarları nano gram (ng) cinsinden belirlenmiřtir. İzolasyon sonucu en d ř k 100 ng ve en y ksek yaklařık 600 ng miktarda DNA'lar elde edilmiřtir. PZR reaksiyonu iin yeterli miktarda DNA numunelerden izole edilmiřtir.

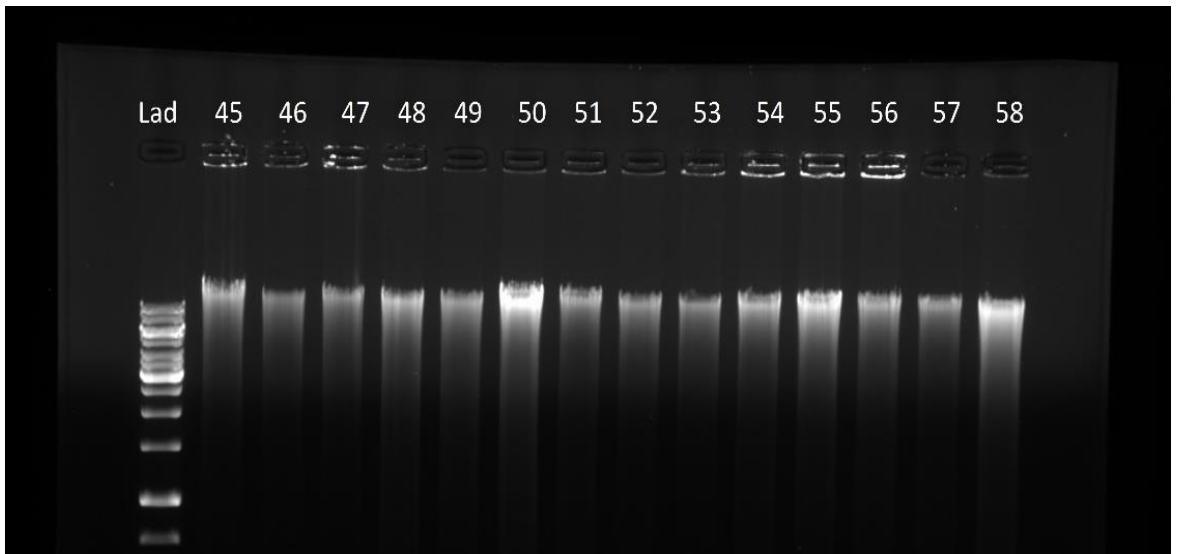
Tohumdan elde edilen DNA izolasyonunun bařarılı bir řekilde yapıldıėını kontrol etmek amacıyla  r n %0,8 (w/v) agaroz jelde kořturulmuřtur. Jeli hazırlamak iin 0,96 g Agaroz, 120 mL 5X TBE ierisinde mikro dalga fırında ısıtılarak oz lm ř ve 3 μL Etidyum Brom r eklenmiřtir. Daha sonra hazırlanan jel elektroforez tepsisine d k lerek katılařması saėlanmıřtır.

İzole edilen DNA  rneklerinden alınan 2 μL DNA 0.5 mL'lik eppendorf t p ne konulmuř, bunun  zerine 4 μL 6X loading buffer (50 mg bromofenol blue + 25 mL glycerol + 20 ml 5X TBE + 5 mL ddH₂O) ve 14 μL ddH₂O eklenmiřtir. Karıřım vorteksle iyice karıřtırılmıřtır. Hazırlanan bu  rnek ierisinden alınan 10 μL  rnek, 5X TBE sol syonu ierisinde bulunan ve %0,8'lik agaroz jele y klenmiř ve bu  rnekler 100 voltta 60 dakika kořturulmuřtur.



Şekil 3.1. ThermoFisher 1 kb ladder

Bant büyüklüklerinin kontrolü ve izolasyon süresince DNA'da kırılmaların olup olmadığını kontrolü için ThermoFisher marka 1kb'lik ladder kullanılmıştır (Şekil 3.1). Kit kullanılarak elde edilen DNA'ların jel görüntülerine ait bir resim Şekil 3.2'de yer almaktadır.

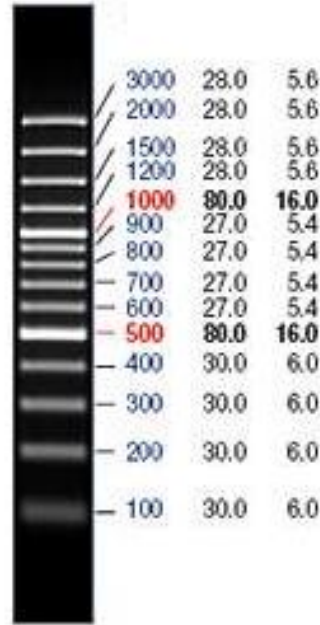


Şekil 3.2. 45-58. numunelerin izole edilen DNA'larının %0,8 lik agaroz jel görüntüleri

3.2.2. Polimeraz Zincir Reaksiyonları (PZR)

3.2.2.1. *Glu-A3b*, *Glu-B3b* ve Waxy Genlerinin Analizi

Proje materyalinin moleküler olarak taranacağı genlere ilişkin primer bilgileri Çizelge 3.2’de verilmiştir. Düşük moleküler ağırlıklı glutenin (DMA) alt ünitelerine ilişkin *Glu A3b* ve *Glu B3b* genleri Çizelge 3.2’de gösterilen primerlerle taranmıştır (Wang ve ark., 2009, 2010). Buğdayda amiloz sentezinden sorumlu olan Waxy protein allelleri için Nakamura ve arkadaşları (2002) tarafından geliştirilen primer kullanılmıştır. 1BL.1RS translokasyonlarının tespiti için *Sec1Gene* primerleri kullanılmıştır (Yamamoto ve Mukai, 2005). *Glu-A3b*, *Glu-B3b* ve Waxy Genlerinin PZR analizi sonucu görüntülenen bant uzunlukları ThermoFisher marka 100 bp ladder aracılığı ile belirlenmiştir (Şekil 3.3). Polimeraz Zincir Reaksiyonları için Biorad C1000 Touch Thermal Cycler marka PZR cihazı kullanılmıştır.



Şekil 3.3. Thermofisher 100 bp ladder

3.2.2.2. *Glu-A3b* ve *Glu-B3b* Genlerinin Moleküler Taramaları

PZR reaksiyon solüsyonunun toplam hacmi 20 µL olarak belirlenmiştir. Bu reaksiyon solüsyonu içerisinde 1X PZR tampon çözeltisi (50 mM KCl, 10 mM Tris-HCl, pH 9.0,

Çizelge 3.2. Araştırmada kullanılan primerlere ilişkin bilgiler

Markörler	Primer Dizisi (5' - 3')	Yapışma Sıcaklığı (°C)	Ürün Büyüklüğü (bp)	Referanslar
<i>Glu-A3b</i>	F: 5'-TTCAGATGCAGCCAAACAA-3' R: 5'-GCTGTGCTTGGATGATACTCTA-3'	58 °C	894	Wang ve ark. (2010)
<i>Glu-B3b</i>	F: 5'-ATCAGGTGTA AAAAGTGATAG-3' R: 5'-TGCTACATCGACATATCCA-3'	56 °C	1570	Wang ve ark. (2009)
<i>Waxy</i>	F: 5'-CTGGCCTGCTACCTCAAGAGCAACT-3' R: 5'-CTGACGTCCATGCCGTTGACGA-3'	65 °C	497, 455, 425	Nakamura ve ark. (2002)
<i>Sec1Gene</i>	F: 5'-AACATGAAGACCTTCCTCATC -3' R: 5'-CGTTACATTGAACACTCCATT -3'	60 °C	1216	Yamamoto ve Mukai (2005)

%0,1 Triton X-100), 0,1 mM dNTPs, 1,5 mM MgCl₂, 1.0 U *Taq polimeraz*, 10 pmol DNA primer (ileri ve geri primer) ve 50 ng DNA örneği konulmuştur.

Glu-A3b allelini tanımlamak için kullanılan PZR döngü koşulu; 94 °C'de 5 dk denatürasyonu takiben, 94 °C'de 45 sn, 58 °C'de 45 sn, 72 °C'de 90 sn 38 döngü ve 72 °C'de 8 dk uzama süresi ile gerçekleştirilmiştir.

Glu-B3b allelini tanımlamak için kullanılan PZR döngü koşulu; 94 °C'de 5 dk denatürasyonu takiben, 94 °C'de 45 sn, 56 °C'de 45 sn, 72 °C'de 90 sn 38 döngü ve 72 °C'de 8 dk uzama süresi ile gerçekleştirilmiştir.

3.2.2.3. Waxy Allellerinin Moleküler Taramaları

PZR solüsyonunun toplam hacmi 25 µL olacak şekilde hazırlanmıştır. Bu reaksiyon solüsyonu içerisinde 5 µL 1X PZR tampon çözeltisi, 0,2 mM dNTPs, 1,5 mM MgCl₂, 1 U *Taq polimeraz*, 0,2 µM DNA primer (ileri ve geri primer) ve 100 ng DNA örneği konulmuştur. PZR reaksiyonu waxy protein allelini tanımlamak için kullanılan PZR döngü koşulu; 95 °C'de 5 dk denatürasyon, 95 °C'de 30 sn, 65 °C'de 30 sn, 72 °C'de 2 dk. 32 döngü ve son olarak 72 °C'de 7 dk uzama süresi ile gerçekleştirilmiştir;

3.2.2.4. Sec1Gene Allelinin Moleküler Taraması

PZR reaksiyon solüsyonunun toplam hacmi 25 µL olacak şekilde hazırlanmıştır. Bu reaksiyon solüsyonu içerisinde 1X PZR tampon çözeltisi, 0,2 mM dNTPs, 2 mM MgCl₂, 0,5 U *Taq polimeraz*, 5 pmol DNA primer (ileri ve geri primer) ve 100 ng DNA örneği konulmuştur. *Sec1Gene* allelini tanımlamak için kullanılan PZR döngü koşulu; 95 °C'de 3 dk denatürasyon, 94 °C'de 45 sn, 60 °C'de 60 sn, 72 °C'de 90 sn 30 döngü ve son olarak 72 °C'de 5 dk uzama süresi ile gerçekleştirilmiştir.

3.2.2.5. Gradient PZR Protokolü

Primerler yapılarında bulunan nükleotit dizilimlerindeki farklılıktan dolayı kalıp DNA'ya farklı sıcaklıklarda bağlanmaktadır. Cihaz kalibrasyonlarından dolayı direkt olarak teorik sıcaklıkla yapılan PZR deneylerinin sonuçları bazı durumlarda verimli olmayabilir. Bundan dolayı, Gradient PZR protokolü uygulanarak farklı sıcaklıklar denenerek optimum bağlanma sıcaklığı bulunmaktadır. Her bir primer için firma

tarafından belirlenen teorik sıcaklığın 5 °C eksiği ve 5 °C fazlası olacak şekilde PZR cihazının Gradient Protokol programı kullanılmış ve her bir primer için optimum bağlanma sıcaklıkları belirlenmiştir.

3.2.2.6. Döngü Optimizasyonu

Araştırmalarda kullanılan her primer için PZR protokolünün en verimli olduğu maksimum döngü sayısını belirlemek amacıyla döngü optimizasyonu yapılmıştır. Bunun için sekiz adet aynı primer ve template DNA'ya sahip master karışımı hazırlanmıştır. PZR ısı prosedürü başlatılmış ve reaksiyonlar boyunca ilk olarak 10. döngüden başlamak kaydıyla 38. döngüye kadar her 4 dakikada bir hazırlanmış olan sekiz adet PZR tüpünden birinde PZR sonlandırılmıştır. Elde edilen PZR ürünleri agaroz jelde karşılaştırılmış ve en uygun döngü sayısı belirlenmiştir.

3.2.2.7. Agaroz Jel Hazırlama

PZR uygulamasından sonra primer amplifikasyonunun kontrolü için %2'lik (w/v) agaroz jel hazırlanmıştır. İki gram Agaroz 100 mL 5X TBE içinde mikro dalga fırında ısıtılarak çözülmüş ve 5 µL etidyum bromür eklenmiştir. Jel kalıbı kullanılarak jelleşmesi sağlanmıştır. Agaroz jeller için Biorad Wide Mini-Sub cell GT DNA elektroforez sistemi kullanılmıştır.

3.2.2.8. PZR Ürünlerinin Jel Elektroforezi

PZR reaksiyonu tamamlandıktan sonra, karışım içerisine 5 µL yükleme boyası (6X blue-dye; 50 mg bromofenol blue + 25 mL glycerol + 20 ml 5X TBE + 5mL ddH₂O) eklenmiş ve bu örnekten 12 µL solüsyon alınarak %2'lik (w/v)'lik agaroz jelde, 130-150 voltta 1,5 saat süreyle koşturulmuştur. Jel koşturma işlemi bittikten sonra Biorad Chemidoc MP jel görüntüleme sistemi kullanılarak jelin görüntüsü alınmıştır.

3.2.3. Fizyolojik ve Agronomik Özelliklerin Belirlenmesi

3.2.3.1. Bitki Boyu

Toprak yüzeyinden başaktaki son başakçığın ucuna kadar olan mesafe ölçülmüş ve değerler cm olarak ifade edilmiştir. Ölçüme kılçıklar dahil edilmeden ve ölçüm yapılan toprak yüzeyinin çukur ya da sırt olmamasına dikkat edilmiştir (Torres ve Pietragalla, 2012).

3.2.3.2. Başaklanma Süresi

Bir Ocak tarihinden itibaren parseldeki bitkilerin yaklaşık olarak %50'si başaklandığı süre gün sayısı olarak ifade edilmiştir (Tavella, 1978).

3.2.3.3. Bin Tane Ağırlığı

Her bir genotipten iki kez 100 adet tohum otomatik tohum sayma makinesi (Chopin - Numigral-I) ile sayılmış ve ortalaması alınarak 10 ile çarpılarak bin tane ağırlıkları (g) hesaplanmıştır. Bin tane ağırlığına ilişkin değerler %14 nem içeriğine göre düzenlenmiştir.

3.2.3.3. Hasat İndeksi

Verim öğeleri, Reynolds ve ark. (2001) tarafından kullanılan yöntemle göre hasat olgunluğuna gelen bitkilerde belirlenmiştir. Bu yöntemde;

- Parseli temsil edecek bir alandan kesilip alınan bitkiler içerisinde 50 adet başaklı bitki (Bb 50) seçilir ve kese kâğıtları içine konularak 75 °C'de 48 saat kurutulur (Ka 50).
- Bu seçilen 50 bitki hasat indeksinin (Hİ) hesaplanabilmesi için harman edilerek, tane ve saplar ayrılır.
- Tane veriminin belirlenmesinde parsel hasat edilmiş ve elde edilen ürün tartılarak dekara çevrilmiştir.
- Tane ağırlığının belirlenmesinde 250 tane sayılarak tartılmıştır.

Bu işlemler sonucunda aşağıdaki formüller kullanılarak değerler elde edilmiştir.

Hasat indeksi (Hİ - %)	= Tane ağırlığı (Bb 50) / Toplam kuru ağırlık (Ka 50)
Biyokütle (g/m ²)	= Verim/Hİ
Bin tane ağırlığı (BTA - g)	= 250 tane ağırlığı x 4
Metrekarede tane sayısı	= Verim/BTA x 1000
Metrekarede başak sayısı	= Biyokütle/Sap kuru ağırlığı (tek bitki)
Başakta tane sayısı	= Tane sayısı (m ²) / Başak sayısı (m ²)

3.2.3.4. Toprak Yüzeyini Erken Kapatma (Vejetasyon İndeksi - NDVI)

Çeşitlerin toprak yüzeyini erken kapatma (NDVI = Normalized Difference Vegetation Index) özelliklerini belirlemek amacıyla, Mart ayının ilk haftası, Nisan ayının ikinci haftası, Mayıs ve Haziran ayının son haftasında NTech, GreenSeeker Model 505, optik el sensörü kullanılarak NDVI değerleri ölçülmüştür. Sistem spektral yansıma prensibine göre çalışmakta olup, bu değerleri değişik dalga boylarındaki yansımalar üzerinden hesaplamaktadır (Peñuelas ve ark., 1994). Okumalarda ışık kaynağı (sensör), bitki örtüsünden 80 cm yukarıda olacak şekilde ayarlanmış ve beş metrelik parsel uzunluğu boyunca sabit bir hızda yürünmüştür.

$$NDVI = (R_{900} - R_{680}) / (R_{900} + R_{680}) \quad R;$$

(Reflectance) yansımayı gösterirken, alt simge rakamlar ışınların dalga boyunu (nm) göstermektedir.

3.2.4. Verilerin Değerlendirilmesi ve İstatistiksel Analiz

Verim denemelerinden elde edilen agronomik ve fizyolojik veriler JUMP istatistik programında kısmi latis deneme desenine göre çavdar translokasyonunun etkisi analiz edilmiştir (Patterson ve Hunter, 1983). Verilerin analizinden önce normalite testi yapılarak normal dağılım kontrol edilmiştir. Normal dağılıma uymayan bazı değerler çok sınırlı sayıda olmak üzere (beşten az) çıkarılmıştır. Latis deneme desenine göre yapılan analizlerde genotiplerin ortalama değerleri düzeltilmiş değerler (Least Sq Mean) olarak elde edilmiştir. Bu değerler aritmetik ortalamalardan farklılık gösterebilmektedir.

4. BULGULAR VE TARTIŞMA

4.1. *Glu-A3b* Allelinin Moleküler Taramaları

Araştırma materyalinde *Glu-A3b* allelinin taşınma durumunun belirlenmesi için Wang ve ark. (2010) tarafından tasarlanan DNA markörleri kullanılmıştır (Çizelge 3.2). PZR yöntemi kullanılarak tarama yapıldığında agaroz jelde 894 bç uzunluğunda bant görüntülenmiştir. Fakat aynı materyalin kullanıldığı TÜBİTAK 112O135 nolu projenin SDS-PAGE yöntemi ile belirlenen *Glu-A3b* taşıyan genotipler ile PZR yöntemi ile çıkan sonuçlar karşılaştırıldığında *Glu-A3b* alleli taşımayan genotiplerde de bağlanma gerçekleşmiştir. Bu sonuçlar, ilgili primer için DNA da ilgili bölgenin var olabileceği fakat transkripsiyon veya translasyon aşamalarında bilinmeyen sebeplerden dolayı protein sentezlenmediği düşünülmektedir. mRNA seviyesinde yapılacak çalışmalar daha sağlıklı karar verilmesini sağlayacaktır. Genotiplerin *Glu-A3b* alleleline ilişkin PZR tarama sonuçları Şekil 4.1’de verilmiştir.



Şekil 4.1. Rekombinant kendilenmiş hatların *Glu-A3b* alleli için jel fotoğrafı

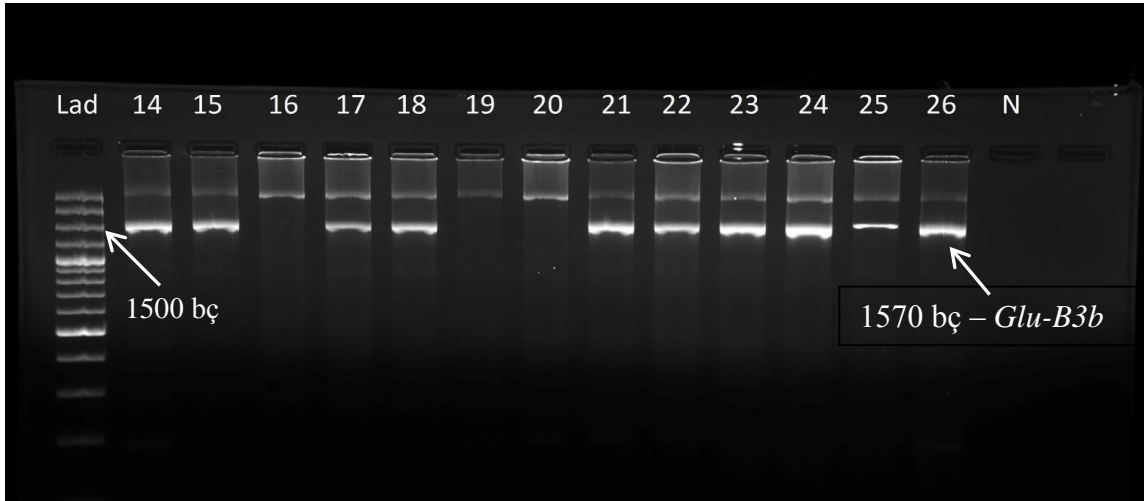
Buğdayda *Glu-A3b* allelinin belirlenmesinde yaygın olarak SDS-PAGE yöntemi kullanılmaktadır (Zhang ve ark., 2004; Bradova ve Stockova; 2010). Son yıllarda yeni DNA markörlerinin geliştirilmesi ile ilgili genin belirlenmesi için DNA tabanlı PZR yöntemi de kullanılmaktadır. Zhen ve ark. (2014) Chinese Spring çeşidinde yaptıkları araştırmada, *Glu-A3* lokusu silinmiş hatlar ile silinmemiş hatlardan elde edilen hamurları karşılaştırdıklarında *Glu-A3* lokusunun hamur kuvvetini artırdığını gözlemlemişlerdir. Yaptığımız araştırmada DNA izolasyonları tekrarlanmış olup Wang ve ark. (2010)’ın geliştirdiği *Glu-A3b* primeri iki farklı firma tarafından sentezlenmiş ve

PZR yöntemiyle elde edilen ürünlerde önceki sonuçlara benzer sonuçlar gözlemlenmiştir.

4.2. *Glu-B3b* Allelinin Moleküler Taramaları

Rekombinant kendilenmiş hat popülasyonunda yer alan hatların *Glu-B3b* allelini taşıma durumunun belirlenmesi amacıyla Wang ve ark. (2009)'ın geliştirdiği DNA markörleri kullanılmıştır (Çizelge 3.2). Rekombinant kendilenmiş hatların *Glu-B3b* alleli taşıma durumunu gösteren jel görüntüsü Şekil 4.2'de, *Glu-B3b* alleli taşıyan ve taşımayan hatların numaraları ise Çizelge 4.1'de verilmiştir. *Glu-B3b* primerleri kullanılarak yapılan moleküler taramalar sonucunda bazı hatlarda tarandığında 1570 bp (baz çifti) uzunluğunda bantlar elde edilmiştir. İlgili alleli taşımayan hatlar ise bant üretmemiştir.

Rekombinant kendilenmiş hat popülasyonunda yer alan hatlardan 85 tanesi Tosunbey çeşidi gibi *Glu-B3b* alleli taşırken, 60 adet hat ilgili alleli taşımamaktadır. Tez çalışmasında kullandığımız hatların yaklaşık olarak %59'u *Glu-B3b* allelini taşımaktadır



Şekil 4.2. Rekombinant kendilenmiş hatların *Glu-B3b* alleli için jel fotoğrafı

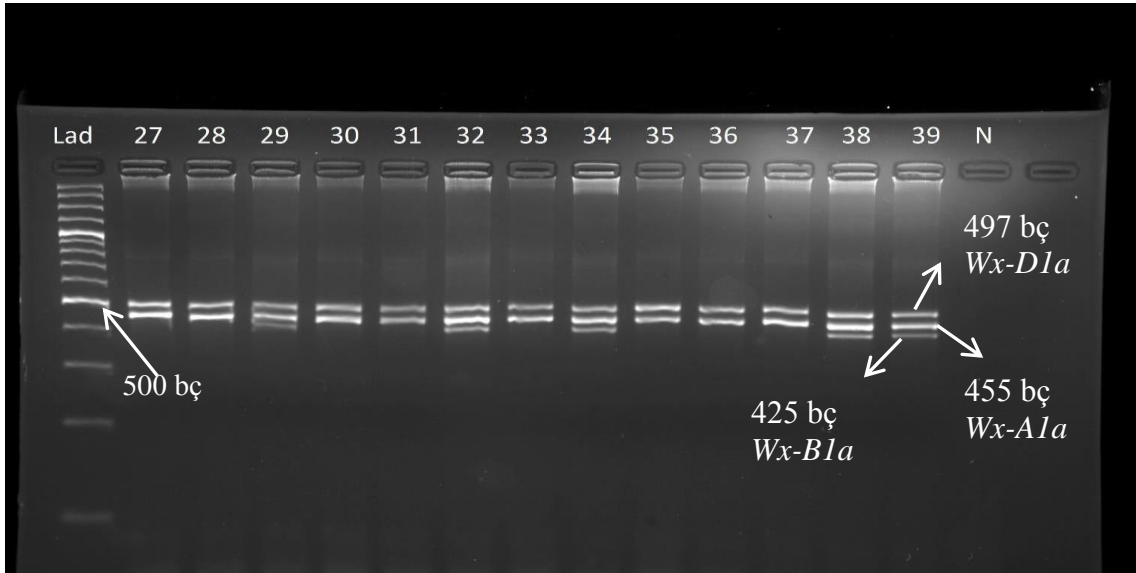
Daha önce yapılan çalışmalarda, *Glu-B3* lokusunda yer alan allellerin ekmek yapım kalitesini ve sedimentasyon değerini artırdığı saptanmıştır (Pena, 1994; Zhao ve ark., 2007).

Çizelge 4.1. Haritalama popülasyonunda yer alan hatların *Glu-B3b* allelini taşıma durumuna ilişkin veriler

<i>Glu-B3b</i> allelini taşıyan genotipler				<i>Glu-B3b</i> allelini taşımayan genotipler		
1	39	75	118	3	57	110
2	40	76	119	4	62	111
6	41	77	120	Tahirova2000	64	115
11	45	79	126	7	65	117
12	46	80	127	8	66	121
13	47	81	129	9	68	122
14	48	83	130	10	74	123
15	49	84	131	16	78	124
17	50	85	132	19	87	125
18	51	86	134	20	88	128
21	52	89	135	22	90	133
23	56	93	136	28	91	139
24	58	95	137	29	92	141
25	60	96	138	30	94	142
26	61	97	140	32	98	143
27	63	99	144	37	101	149
31	67	100	145	42	102	150
33	69	108	146	43	103	
34	70	109	147	44	104	
Tosunbey	71	112	148	53	105	
36	72	114		54	106	
38	73	116		55	107	

4.3. Waxy Protein Allellerinin Moleküler Taramaları

Popülasyonun geliştirildiği ebeveyn çeşitler waxy protein genleri bakımından da farklı kombinasyonlar taşımaktadır. Tahirova2000 çeşidi waxy genleri bakımından wild type yani bütün *waxy* allelleri taşıırken, Tosunbey çeşidi *Wx-A1a* ve *Wx-D1a* allellerini taşımaktadır. Popülasyonda yer alan hatların taşıdıkları waxy genlerinin belirlenmesi için Nakamura ve ark. (2002)'ın geliştirdiği DNA markörleri kullanılmıştır (Çizelge 3.2). Rekombinant kendilenmiş hatların waxy allellerine ilişkin jel görüntüsüne Şekil 4.3'de yer verilmiştir. Waxy alleli PZR yöntemiyle tarandığında *Wx-D1a* alleli için 497 bç, *Wx-A1a* alleli için 455 bç ve *Wx-B1a* alleli için 425 bç uzunluğunda bantlar gözlenmiştir. Genetik prensiplere uygun olarak haritalama popülasyonunda elde edilen hatlar waxy genleri bakımından *Wx-B1* alleli taşıyanlar veya taşımayanlar olarak farklılık göstermiştir. Hatların *Wx-B1a* alleli taşıma durumları Çizelge 4.2'de verilmiştir. Hatlardan 73 adedi *Wx-B1a* alleli taşıırken, 72 adedi ilgili alleli taşımamaktadır. Yaptığımız araştırmada genotiplerin %50,3'sinin *Wx-B1a* alleli taşıdığı tespit edilmiştir. Kontrol çeşitlerinde ise Tahirova200 (5), Nevzatbey (59) ve Altay2000 (113) genotiplerinde *Wx-B1a* alleli taşıdığı, Tosunbey (35) ve Adana99 (82) genotiplerinde *Wx-B1a* alleli taşımadığı belirlenmiştir.



Şekil 4.3. Rekombinant kendilenmiş hatların Wx allellerine ilişkin jel fotoğrafı

Amiloz/amilopektin oranı hamurun kalitesini etkilemekte ve amiloz miktarındaki artışın hamur kalitesini olumsuz yönde etkilediği bilinmektedir. Waxy genlerin amiloz miktarına etkisi kıyaslandığında alleller $Wx-B1 > Wx-D1 > Wx-A1$ şeklinde

sıralanmaktadır (Yamamori ve Quynh, 2000). Amiloz miktarındaki artışa sebep olan *Wx-B1* allelinin ekmeçlik buğday için hamur kalitesini düşürdüğü bildirilmiştir (Graybosch, 1998).

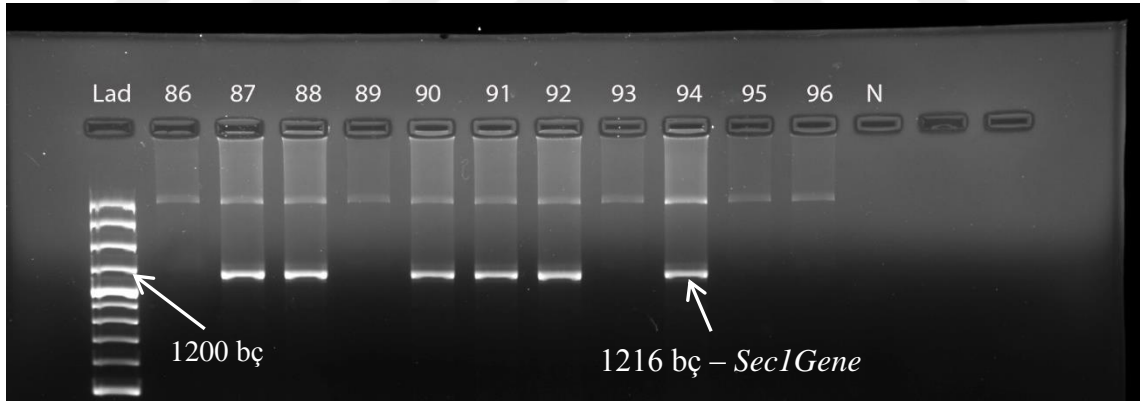
Çizelge 4.2. Populasyonda yer alan hatların *Wx-B1* alleli taşıma durumuna ilişkin veriler

<i>Wx-B1</i> alleli taşıyan genotipler				<i>Wx-B1</i> alleli taşımayan genotipler			
4	46	76	107	1	30	82	122
Tahirova200	47	77	109	2	31	84	124
6	50	78	110	3	33	86	130
8	51	79	112	7	Tosunbey	89	131
9	52	80	113	10	36	90	132
15	53	83	115	11	37	96	133
17	54	85	120	12	42	98	134
19	56	87	123	13	48	100	135
26	57	88	125	14	49	103	136
29	59	91	126	16	55	104	138
32	60	92	127	18	58	106	139
34	61	93	128	20	64	108	140
38	62	94	129	21	67	111	141
39	63	95	137	22	68	114	142
40	65	97	145	23	69	116	143
41	66	99	146	24	70	117	144
43	72	101	147	25	71	118	148
44	73	102	149	27	74	119	
45	75	105	150	28	81	121	

4.4. *Sec1Gene* Allelinin Moleküler Taranmaları

Rekombinant kendilenmiş hat popülasyonunda yer alan hatların *Sec1Gene* allelik durumlarının belirlenmesi için Yamamoto ve Mukai (2005) tarafından geliştirilen DNA markörleri kullanılmıştır. Rekombinant kendilenmiş hatların jel görüntüsüne Şekil 4.4'de, *Sec1Gene* alleli taşıyan ve taşımayan hatların numaralarına ise Çizelge 4.3'de yer verilmiştir. Hatlar *Sec1Gene* primer çifti kullanılarak tarandığında 1216 bç (baz çifti) uzunluğunda bantlar elde edilmiş olup ilgili alleli taşımayan hatlar ise bant üretmemiştir.

Rekombinant kendilenmiş hat popülasyonunda yer alan hatlardan 61 adet hat ve Tahirova2000 çeşidi *Sec1Gene* alleli taşıırken, 87 tanesi ve Tosunbey çeşidi gibi ilgili alleli taşımamaktadır. 122 nolu hatta mekanik karışıklığı önlemek için tek başaktan alınan tohum PZR yönteminde birçok deneme yapmamıza rağmen ikili bant saptanmıştır. Bu hat üzerinde moleküler araştırmalarımız devam edecektir. Bant boylarının ikisi de 1216 bç uzunluğuna yakın boyutlardadır. Bu çalışmada beş kontrol ve 145 numune içerisinde %41 oranında çavdar translokasyonu tespit edilmiştir.



Şekil 4.4. Rekombinant kendilenmiş hatların *Sec1Gene* alleli için jel fotoğrafı

Bazı hastalıklara karşı direnç genleri taşıyan, abiyotik ve biyotik streslere karşı buğdaya tolerans kazandıran çavdar translokasyonunun daha önceki çalışmalarda tespitini yapabilmek için SDS-PAGE, C-bantlama ve genomik in-situ hibridizasyon yöntemleri kullanılmıştır (Gill ve Kimber, 1977; Le ve ark., 1989; Fernández ve ark., 1995). Bu yöntemlere ilaveten uygulaması daha kolay, analiz süresi daha kısa olan ve DNA tabanlı bilgilere ulaşmayı sağlayan PZR yöntemleri çavdar translokasyonunu belirlemede son yıllarda yaygın olarak kullanılmaktadır (Koebner, 1995; Weng ve ark., 2007). Çavdar

translokasyonu taşıyan genotiplerin *Glu-B3b* alleli taşımadığı saptanmıştır. Bu sayede çavdar translokasyonunun tespitinde *Glu-B3b* alleli kontrol olarak da kullanılmıştır.

Çizelge 4.3. Populasyonda yer alan hatların *Sec1Gene* alleli taşıma durumuna ilişkin veriler

<i>Sec1</i> alleli taşıyan genotipler			<i>Sec1</i> alleli taşımayan genotipler			
3	57	110	1	39	75	118
4	62	111	2	40	76	119
Tahirova2000	64	115	6	41	77	120
7	65	117	11	45	79	126
8	66	121	12	46	80	127
9	68	123	13	47	81	129
10	74	122	14	48	83	130
16	78	124	15	49	84	131
19	87	125	17	50	85	132
20	88	128	18	51	86	134
22	90	133	21	52	89	135
28	91	139	23	56	93	136
29	92	141	24	58	95	137
30	94	142	25	60	96	138
32	98	143	26	61	97	140
37	101	149	27	63	99	144
42	102	150	31	67	100	145
43	103		33	69	108	146
44	104		34	70	109	147
53	105		Tosunbey	71	112	148
54	106		36	72	114	
55	107		38	73	116	

4.5. Bazı Agronomik Özellikler Üzerine Çavdar Translokasyonunun Etkilerinin Araştırılması

4.5.1. Bin Tane Ağırlığı

Hatlar ve kontrol çeşitlerinin 2013, 2014 ve 2015 yıllarında ortalama bin tane ağırlığı sırasıyla 45,3 g, 41,7 g ve 38,3 g olarak gerçekleşmiştir (Çizelge 4.6). Bin tane ağırlığı için genel ortalama 41,8 g olarak belirlenmiştir (Çizelge 4.4). En yüksek ortalama bin tane ağırlığı değerleri 2013 yetiştirme sezonunda elde edilmiştir. 2015 hasat yılında bin tane ağırlığı bakımından en düşük ortalamalar elde edilmiştir.

Çavdar translokasyonu taşıyan ve taşımayan genotiplerin ortalama bin tane ağırlıkları arasındaki farkın istatistiki olarak %5 düzeyinde önemli olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.7).

Önemli bir verim komponenti olan bin tane ağırlığı fotosentez ürünü artışına paralel olarak artmaktadır. Yüksek verim şartlarında genotipler genellikle bin tane ağırlığını artırarak bunu verime yansıtmaktadır. Diğer araştırmacılar da bin tane ağırlığının tahıllarda tane verimini etkileyen önemli bir özellik olduğunu bildirmişlerdir (Tosun ve Yurtman, 1973; Gençtan ve ark., 1987; Korkut ve ark., 1993). Yapılan bir araştırmada çevrenin bin tane ağırlığı üzerine etkisinin diğer kalite kriterlerine oranla daha yüksek olduğu bildirilmiştir (Peterson ve ark., 1992).

Çavdar translokasyonu hatların bin tane ağırlığını istatistiki olarak negatif yönde etkilenmiştir. Çavdar translokasyonu taşıyan ve taşımayan hatların ortalama bin tane ağırlıkları sırasıyla 41,4 g ve 42,1 g olarak gerçekleşmiştir (Çizelge 4.4) Çavdar translokasyonu taşıyan hatlarda 1.000 tane ağırlığında azalmalar saptanmıştır. Kurak olmayan bölgelerde yetiştirilen çavdar translokasyonuna sahip hatlarda 1BL.1RS translokasyonu 1000 tane ağırlığının düşürebileceği sonucunu işaret etmektedir.

Çizelge 4.4. Tane Verimi, Biyo-Kütle, 1000 Tane Ağırlığı, Metrekarede Tane Sayısı, Metrekarede Başak Sayısı ve Tane/Başak Oranı verilerine ilişkin ortalamalar, standart hata ve varyasyon katsayısı verileri

	Tane Verimi (kg/da)	Biyo-Kütle (gr/m²)	1.000 Tane Ağırlığı (g)	Metrekarede Tane Sayısı	Metrekarede Başak Sayısı	Tane/Başak Oranı	Hasat İndeksi
Ortalama	473	1.104	41,8	11.407	439,6	26,97	0,43
Çavdar Translokasyonu (-)	483a	1.107	42,1a	11.559a	443,2	27,0	0,44a
Çavdar Translokasyonu (+)	459b	1.099	41,4b	11.175b	434,4	27,0	0,42b
S.H.	91,8	220,6	3,7	2,4	99,8	3,82	0,03
V.K.	19,4	20	8,9	20,6	22,7	14,2	7,21

S.H.: Standart Hata V.K.: Varyasyon Katsayısı

Çizelge 4.5. Başaklanma Süresi, Bitki Boyu ve NDVI verilerine ilişkin ortalamalar, standart hata ve varyasyon katsayısı verileri

	Başaklanma Süresi (Gün)	Bitki Boyu (cm)	NDVI Mart	NDVI Nisan	NDVI Mayıs	NDVI Haziran
Ortalama	137,4	86,6	0,306	0,494	0,661	0,288
Çavdar Translokasyonu (-)	137,1a	86,8	0,311	0,492	0,660	0,285
Çavdar Translokasyonu (+)	138,0b	86,3	0,308	0,496	0,661	0,290
S.H.	2,6	7,6	0,05	0,09	0,06	0,05
V.K.	1,9	8,8	16,7	18,4	9,1	17,2

S.H.: Standart Hata V.K.: Varyasyon Katsayısı

Çizelge 4.6. Tane Verimi, Biyo-Kütle, 1000 Tane Ağırlığı, Metrekarede Tane Sayısı, Metrekarede Başak Sayısı ve Tane/Başak Oranı verilerinin yıllara göre ortalama değerleri

Yıllar	Tane Verimi (kg/da)	Biyo-Kütle (gr/m ²)	1.000 Tane Ağırlığı (g)	Metrekarede Tane Sayısı	Metrekarede Başak Sayısı	Tane/Başak Oranı	Hasat İndeksi
2013	484a	1.120,8b	45,43a	10.709,4b	339,2c	32,13a	0,43a
2014	486a	1.164,3a	41,56b	11.769,6a	513,4a	23,35c	0,42b
2015	443b	1.023,8c	38,28c	11.623,1a	463,8b	25,42b	0,43a

Çizelge 4.7. Tane Verimi, Biyo-Kütle, 1000 Tane Ağırlığı, Metrekarede Tane Sayısı, Metrekarede Başak Sayısı ve Tane/Başak Oranı değerlerine ilişkin varyans analizi

Varyasyon Kaynakları	Tane Verimi (kg/da)		Biyo-Kütle (gr/m ²)		1.000 Tane Ağırlığı		Metrekarede Tane Sayısı		Metrekarede Başak Sayısı		Tane/Başak Oranı		Hasat İndeksi	
	SD	K.O.	SD	K.O.	SD	K.O.	SD	K.O.	SD	K.O.	SD	K.O.	SD	K.O.
Yıl	2	8,88	2	3.056.270	2	7.663	2	197.607.058	2	4.829.728	2	12.633	2	8,24
Tekerrür (Yıl)	3	6,9	3	836.247	3	757	3	40.506.979	3	52.371	3	670	2	16,9
Blok (Yıl, Tekerrür)	30	12,91	30	4.799.480	30	1590	30	522.302.398	30	442.333	30	1.875	30	13,03
Çavdar Translokasyonu	1	109.139,5**	1	12.110	1	80,12*	1	29.581.114	1	15.573	1	0,003	1	0,065**
Hata	828	8.335,60	821	48.547	827	13,9	822	5.480.723	822	9.971	823	14,2	821	0,001

S.D. :Serbestlik Derecesi, K.O. : Kareler ortalaması, **P<0.01 düzeyinde, 0.01 *P<0.05 düzeyinde önemlilik seviyesine sahiptir

Çizelge 4.8. Başaklanma Süresi, Bitki Boyu ve NDVI verilerinin yıllara göre ortalamaları

Yıl	Başaklanma Süresi (Gün)	Bitki Boyu (cm)	NDVI Mart	NDVI Nisan	NDVI Mayıs	NDVI Haziran
2013	135,8b	89,87a	0,227c	0,566a	0,590c	0,173c
2014	134,4c	87,06b	0,309b	0,404c	0,633b	0,371a
2015	142,3a	82,66c	0,394a	0,512b	0,759a	0,317b

Çizelge 4.9. Başaklanma Süresi, Bitki Boyu ve NDVI değerlerine ilişkin varyans analizi

Varyasyon Kaynakları	Başaklanma Süresi (Gün)		Bitki Boyu (cm)		NDVI Mart		NDVI Nisan		NDVI Mayıs		NDVI Haziran	
	S.D.	K. O.	S.D.	K. O.	S.D.	K. O.	S.D.	K. O.	S.D.	K. O.	S.D.	K. O.
Yıl	2	5.344,30	2	3.934,20	2	2,09	2	2,05	2	2,32	2	3,14
Tekerrür (Yıl)	3	159,69	3	1.272,29	3	0,007	3	0,02	3	0,13	3	0,02
Blok (Yıl, Tekerrür)	30	14,56	30	287,23	30	0,03	30	0,04	30	0,016	30	0,02
Çavdar translokasyonu	1	172,78**	1	52,31	1	0,002	1	0,003	1	0,001	1	0,006
Hata	828	6,64	827	57,78	828	0,002	828	0,008	828	0,003	828	0,003

S.D. :Serbestlik Derecesi, K.O. : Kareler ortalaması, **P<0.01 düzeyinde, *P<0.05 düzeyinde önemlilik seviyesine sahiptir

4.5.2. Bitki Boyu

Çavdar translokasyonu taşıyan ve taşımayan genotiplerin ortalama bitki boyları arasındaki fark istatistiki olarak önemli değildir. Ortalama bitki boyları 2013 yılı için 89,9 cm, 2014 yılı için 87,1 cm ve 2015 yılı için 82,7 cm olarak gözlemlenmiştir (Çizelge 4.8). Üç yılın ortalaması alındığında bitki boyu 86,6 cm'dir (Çizelge 4.5).

Bitki boyu hedef bölgelerde yetiştirilecek çeşitlerin seçiminde kullanılan çok önemli bir kriterdir. Özellikle kuraklık riski bulunan ve sulamasız buğday yetiştiriciliği yapılan bölgelerde uzun boylu buğday çeşitleri tercih edilmektedir. Sulanan veya yıllık yağış miktarının yüksek olduğu bölgelerde ise yatma ihtimaline karşı kısa boylu buğday çeşitleri tercih edilmektedir.

Rekombinant kendilenmiş hat popülasyonunda çavdar translokasyonu varlığının bitkilerin boylarına etkileri istatistiki olarak önemsiz bulunmakla birlikte çavdar translokasyonu taşımayan hatların ortalama bitki boyları (86,8 cm), çavdar translokasyonu taşıyan hatlardan (86,3 cm) daha uzundur.

4.5.3. Tane Verimi ve Metrekarede Tane Sayısı

Çavdar translokasyonu taşıyan ve taşımayan genotiplerin ortalama tane verimleri arasındaki farkın istatistiki olarak %1 önemli olduğu fakat metrekarede tane sayısında istatistik olarak çok önemli bir artış olmadığı saptanmıştır (Çizelge 4.7).

Hatlar ve kontrol çeşitlerin 2013, 2014 ve 2015 yıllarında ortalama tane verimi sırasıyla 484, 486 ve 443 kg/da olarak gerçekleşmiştir (Çizelge 4.6). En yüksek ortalama tane verimi 2013 yılında elde edilmiştir. 2015 hasat yılında ise tane verimi bakımından en düşük ortalamalar elde edilmiştir.

Hatlar ve kontrol çeşitlerin 2013, 2014 ve 2015 yıllarında ortalama metrekarede tane sayısı 10.709, 11.770 ve 11.623 adet olarak gerçekleşmiştir (Çizelge 4.6). En yüksek ortalama tane verimi 2014 yılında elde edilmiştir. 2013 hasat yılında ise tane verimi bakımından en düşük ortalamalar elde edilmiştir.

Tane verimi hem genetik yapıdan hem de çevre faktörlerinden etkilenmektedir. Literatürde birçok çalışmada genotip x çevre interaksyonu önemi vurgulanmıştır.

Peterson ve ark. (1992) tane verimini genotip x çevre interaksiyonunun etkilediğini bildirmişlerdir. Çalışmada tane verimi bakımından genotipler arasındaki farklılıklar istatistiki olarak anlamlı sonuçlar saptanmıştır. Çizelge 4.6'da gösterildiği üzere üç yılın ortalaması olarak 473 kg/da olarak belirlenmiş ve Çizelge 4.4'de belirtildiği üzere çavdar translokasyonu taşıyan genotiplerin ortalama tane verimi 459 kg/da olarak belirlenirken, çavdar translokasyonu taşımayan genotiplerde ise ortalama tane verimi 483 kg/da olduğu saptanmıştır. Verilerin incelendiğinde çavdar translokasyonunun tane verimini düşürdüğü gözlemlenmiştir. Denemelerin yürütüldüğü Eskişehir lokasyonunda deneme materyali 2013 ve 2014 yazında birer kez sulama (35-40 mm) yapılmıştır. Araştırma sonuçları çavdar translokasyonunun denemelerin yürütüldüğü şartlarda verim performansı olarak bir avantaj sağlamadığını göstermektedir.

Çavdar translokasyonu taşıyan hatların verim potansiyeli veya kuraklığa tolerans bakımından performansları üzerine genetik tabanın etkisi de önemlidir. Çavdar translokasyonu taşıyan genotiplerin kuraklığa toleransları genellikle kök özellikleriyle ilişkilendirilmiş ve bu ilişkinin moleküler kaynakları belirlenmiştir (Villareal ve ark. 1998; Ehdaie ve ark. 2003; Sharma ve ark. 2009; Sharma ve ark. 2011). Çalışmış olduğumuz lokasyonda nispeten verim potansiyelinin yüksek olması çavdar translokasyonu taşıyan hatların kuraklığa tolerans performanslarının belirlenmesine imkân sağlamamıştır. Bununla birlikte çavdar translokasyonlarının kurak şartlarda genotiplerin genetik tabanına bağlı olarak tane veriminde bir avantaj sağlamadığını gösteren araştırmalar da bulunmaktadır (Xue vd. 2014).

Çavdar translokasyonu taşıyan ve taşımayan genotiplerin metrekaredeki tane sayıları arasındaki fark istatistiksel olarak önemli değildir (Çizelge 4.7). Üç yılın ortalama çavdar translokasyonu taşıyan hatların metrekaredeki ortalama sayısı 11.175 iken taşımayan hatlarda 11.559 tane olarak belirlenmiştir. Metrekaredeki tane sayısı yıllar içerisinde değişiklikler göstermiş fakat bu değişiklikler çavdar translokasyonu ile ilişkilendirilememiştir (Çizelge 4.6).

4.5.4. Başaklanma Süresi

Agronomik olarak buğday için önemli özelliklerden biri de başaklanma gün sayısıdır. Çavdar translokasyonu taşıyan ve taşımayan genotiplerin ortalama başaklanma gün

sayıları arasındaki farkın ve genotip x çevre interaksiyonunun istatistiki olarak %1 düzeyinde önemli olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.9).

Deneme ortalamaları dikkate alındığında en erken başaklanma 2014 yılında olurken, en geç başaklanma 2015 yılında olmuştur. Araştırmanın yürütüldüğü 2013, 2014 ve 2015 yıllarında ortalama başaklanma süreleri sırasıyla 135,8, 134,4 ve 142,3 gün olarak belirlenmiştir (Çizelge 4.8). Başaklanma gün sayısı için yıllar ortalaması 137,4 gündür (Çizelge 4.5).

Başaklanma gün sayısı buğdayda transgressif açılımın en çok gözlemlendiği özelliklerden biridir. Başaklanma gün sayısı fotoperiyoda hassasiyet ve vernalizasyon genleri yanında (Shcherban ve ark., 2015), birçok çevresel faktörün etkisi altındadır. Yetiştirme sezonunda yaşanan stres koşulları genotipler arasındaki başaklanma gün sayısı farklarının azalmasına neden olmaktadır. Bu duruma örnek olarak 2015 yılında Eskişehir’de yürütülen deneme verilebilir. Denemede yer alan genotiplerin tamamı beş günlük bir dönemde başaklanmıştır.

Çavdar translokasyonu taşıyan ve taşımayan hatların ortalama başaklanma süresi sırasıyla 138,0 ve 137,1 gün olarak belirlenmiştir (Çizelge 4.5). Çavdar translokasyonu taşıyan hatlarda başaklanmanın daha geç gerçekleştiği saptanmıştır.

4.5.5. Biyo-Kütle Ağırlığı

Biyo-Kütle ağırlığı (g/m^2) değerleri 2013, 2014 ve 2015 yıllarında sırayla 1.120,8, 1.164,3 ve 1.023,8 g/m^2 olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.6). Üç yılın ortalaması Çizelge 4.4’de gösterildiği üzere 1.104,3 g/m^2 ’dir ve çavdar translokasyonunun biyo-kütle (g/m^2) üzerinde istatistiki olarak önemli bir değişikliğe neden olmadığı saptanmıştır (Çizelge 4.7).

Çavdar translokasyonu taşıyan ve taşımayan hatların ortalama biyokütle değerleri sırasıyla 1.099 g/m^2 ve 1.107 g/m^2 olarak gerçekleşmiştir (Çizelge 4.4). Çavdar translokasyonunun rekombinant kendilenmiş hat popülasyonundaki hatların biyo-kütle değerlerine etkisi istatistiki olarak önemli değildir.

4.5.6. Metrekarede Başak Sayısı ve Tane/Başak Oranı

Metrekaredeki başak sayısı 2013, 2014 ve 2015 yıllarında ortalama değışiklikleri sırayla 339,2, 513,4 ve 463,8 adet olarak saptanmıştır (Çizelge 4.6). Üç yılın ortlaması ise 439 adettir (Çizelge 4.4). Tane/başak oranının üç yıldaki ortalama değeri sırayla 32,1, 23,4 ve 25,4 olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.6). Üç yılın ortlaması ise 27,0 olarak belirlenmiştir (Çizelge 4.4).

Çavdar translokasyonu taşıyan ve taşımayan genotiplerin metrekarede başak sayısı ve tane/başak orana ilişkin değeri Çizelge 4.4'de verilmiştir. Çavdar translokasyonu taşıyan genotiplerin üç yıllık ortalama metrekaredeki başak sayısı 434,4, taşımayan genotiplerin ise 443,2 olarak saptanmıştır. Çavdar translokasyonu taşıyan genotiplerin üç yıllık ortalama tane başak oranı ile taşımayan genotiplerin oranı 27,0 olarak belirlenmiştir. Söz konusu verim komponentleri üzerine çavdar translokasyonunun etkisi istatistiki olarak önemli değildir (Çizelge 4.6).

4.5.7. Hasat İndeksi

Çavdar translokasyonu taşıyan ve taşımayan genotiplerin ortalama hasat indeksi arasındaki farkın istatistiki olarak %1 düzeyinde önemli olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.7). Hasat indeksi çavdar translokasyonu taşıyan genotiplerde ortalama 0,42 taşımayan genotiplerde ise 0,44 olduğu saptanmış ve çavdar translokasyonunun ortalama hasat indeksini düşürdüğü belirlenmiştir (Çizelge 4.4). Elde edilen sonuçlar hasat indeksinin çalışmış olduğumuz haritalama popülasyonunda tane verimi üzerinde etkili bir verim komponenti olduğunu göstermiştir. Budak ve Yıldırım (1995) da hasat indeksinin bitkideki tane veriminin bitkinin toplam külesine oranı alınarak hesaplandığını ve önemli bir verim kriteri olduğunu bildirmişlerdir.

Genotiplerin 2013, 2014 ve 2015 yıllarında ortalama hasat indeksi sırasıyla 0,43, 0,42 ve 0,43 olarak gerçekleşmiştir (Çizelge 4.6). En yüksek ortalama hasat indeksi 2015 yılında elde edilirken, en düşük hasat indeksi ortalaması 2014 hasat yılında elde edilmiştir.

4.5.8. NDVI Değerleri (Mart, Nisan, Mayıs ve Haziran)

Çavdar translokasyonu taşıyan ve taşımayan genotiplerin Mart, Nisan, Mayıs ve Haziran'da alınan NDVI ölçümleri Çizelge 4.5'de verilmiştir. Çavdar translokasyonunun istatistiki olarak hatların NDVI değerlerine etkisinin olmadığı gözlenmiştir (Çizelge 4.9).

NDVI ölçümleri yeşil yaprak alanları belirlemede, ayaktaki biyokütlenin belirlenmesinde, fotosentetik olarak aktif dokuların belirlenmesinde kullanılmaktadır. Gerçek zamanlı olarak bitkinin fizyolojik özellikleri hakkında analizlerin yapılmasını sağlamaktadır (Baret ve Guyot, 1991).

Hatlar ve kontrol çeşitlerin 2013, 2014 ve 2015 yıllarında ortalama Mart aylarındaki NDVI ölçümleri sırasıyla 0,227, 0,309 ve 0,394 olarak belirlenmiştir (Çizelge 4.8). En yüksek ortalama NDVI ölçüm sonucu 2015 yılında elde edilmiştir. Üç yılın ortalama Nisan aylarındaki NDVI ölçümleri sırasıyla 0,566, 0,404 ve 0,512 olarak saptanmıştır (Çizelge 4.8). En yüksek ortalama NDVI ölçüm sonucu 2013 yılında elde edilmiştir. Üç yılın ortalama Mayıs aylarındaki NDVI ölçümleri ise sırasıyla 0,590, 0,633 ve 0,759 olarak saptanmıştır (Çizelge 4.8). Mayıs ayı için en yüksek ortalama NDVI ölçüm sonucu 2015 yılında elde edilmiştir. Üç yılın ortalama Haziran aylarındaki NDVI ölçümleri sırasıyla 0,173, 0,371 ve 0,317 olarak saptanmıştır (Çizelge 4.8). En yüksek ortalama NDVI ölçüm sonucu Haziran ayı için 2014 yılında elde edilmiştir.

5. SONUÇ

Bu çalışmada Tosunbey x Tahirova2000 anaçları kullanılarak elde rekombinant kendilenmiş hat popülasyonunda çavdar translokasyonu, *Glu-A3b*, *Glu-B3b* ve Waxy protein allelleri belirlenmiştir. Çalışmamızda haritalama popülasyondaki hatların moleküler olarak düşük molekül ağırlıklı glutenin alt ünitelerinden olan *Glu-A3b* ve *Glu-B3b* allelleri PZR yöntemi ile taranmıştır. *Glu-A3b* allelini belirleyebilmek için kullanılan primerler ile ilgili allelin protein ve PZR sonuçları benzerlik göstermemiştir. Rekombinant kendilenmiş hat popülasyonunda yer alan hatlardan 85 tanesinin *Glu-B3b* alleli taşıdığı, 60 adet hattın ilgili alleli taşımadığı belirlenmiştir. PZR yöntemi kullanılarak rekombinant kendilenmiş hat popülasyonunda yer alan hatlarda waxy protein allelleri belirlenmiştir. Tüm hatlarda *Wx-D1a* ve *Wx-A1a* allellerinin varlıkları saptanmış ve hatların yaklaşık %50,3'sinin *Wx-B1a* allelini taşıdığı tespit edilmiştir. Çavdar translokasyonunun varlığının belirlenmesinde *Sec1Gene* primerleri kullanılmış ve çalıştığımız haritalama popülasyonunda 60 adet hattın çavdar translokasyonu taşıdığı saptanmıştır. Çavdar translokasyonu taşıyan hatlarda B kromozomundaki translokasyon nedeniyle *Glu-B3b* alleli bulunmamaktadır.

Çavdar translokasyonu taşıyan hatlar ile taşımayan hatların fizyolojik özellikleri karşılaştırılmış olup, bazı özellikler için çavdar translokasyonuna bağlı önemli farklılıklar tespit edilmiştir. Tane verimi üç yılın ortalamasına göre çavdar translokasyonu taşıyan hatlarda 459 kg/da olarak belirlenirken, çavdar translokasyonu taşımayan hatlarda ise 483 kg/da olarak belirlenmiştir. Çavdar translokasyonu taşıyan hatların tane verim ortalamasının çavdar translokasyonu taşıyanlara kıyasla daha düşüktür. Çalıştığımız popülasyonda çavdar translokasyonu taşıyan hatların 1000 tane ağırlığı ve hasat indeksi çavdar translokasyonları taşımayan genotiplere göre daha düşüktür. Hasat indeksi yine üç yılın ortalaması dikkate alındığında çavdar translokasyonu taşıyan genotiplerde 0,42 olarak gerçekleşirken, çavdar translokasyonu taşımayan genotiplerde ise 0,44 olarak gerçekleşmiştir. Araştırmada çavdar translokasyonu taşıyan hatların daha geçici olduğu belirlenmiştir. Başaklanma gün sayısı çavdar translokasyonu taşıyan hatlarda ortalama 138 gün olarak saptanırken, çavdar translokasyonu taşımayan hatlarda ortalama 137 gün olarak saptanmıştır.

Elde edilen sonuçlar arařtırmada kullanılmıř olduėumuz rekombinant kendilenmiř hat popülasyonunun genetik kaynak geliřtirmede ve ekmeklik buėdayda özellikle kuraklıkla iliřkili bazı fizyolojik arařtırmalarda kullanılabileceėini göstermektedir.



6. KAYNAKLAR

- Andrews, J.L., Blundell, M.J. ve Skerritt, J.H., 1996. Differentiation of Wheat-Rye Translocation Lines Using Antibody Probes Forgli-B1 and sec-1. *Journal of Cereal Science*, 23(1), 61-72.
- Anjum, F.M., Khan, M.R., Din, A., Saeed, M., Pasha, I. ve Arshad, M., 2007. Wheat Gluten: High Molecular Weight Glutenin Subunits—Structure, Genetics and Relation to Dough Elasticity. *Journal of Food Science*, 72(3), R56-R63.
- Anonim, 2012. United Nations World Population Prospects: The 2012 Revision *Population Division, Dept. of Economic and Social Affairs, United Nations, New York.*
- Atlı, A., 1999. Buğday ve ürünleri kalitesi. *Orta Anadolu'da Hububat Tarımının Sorunları ve Çözüm Yolları Sempozyumu*, 8-11.
- Bagherikia, S., Karimzadeh, G. ve Naghavi, M.R., 2014. Distribution of 1AL.1RS and 1BL.1RS Wheat-Rye Translocations in *Triticum aestivum* Using Specific PCR. *Biochemical Systematics and Ecology*, 55, 20-26.
- Baret, F. ve Guyot, G. 1991. Potentials and limits of vegetation indices for LAI and APAR assessment. *Remote sensing of environment*, 35(2-3), 161-173.
- Belan, I.A., Rosseeva, L.P. ve Rosseev, V.M., 2012. Examination of Adaptive and Agronomic Characters In Lines of Common Wheat Omskaya 37 Bearing Translocations 1RS.1BL and 7DL-7Ai. *Vavilov J. Genet. Sel.*, 16(1), 178–186.
- Bettge, A.D., Giroux, M.J. ve Morris, C.F., 2000. Susceptibility of Waxy Starch Granules to Mechanical Damage. *Cereal Chemistry*, 77(6), 750-753.
- Bhat, P.R., Lukaszewski, A., Cui, X., Xu, J., Svensson, J.T., Wanamaker, S. ve Close, T.J., 2007. Mapping Translocation Breakpoints Using A Wheat Microarray. *Nucleic Acids Research*, 35(9), 2936-2943.

- Boggini, G., Tusa, P. ve Pogna, N.E., 1995. Bread Making Quality of Durum Wheat Genotypes With Some Novel Glutenin Subunits Compositions. *Journal of Cereal Science*, 22(2), 105-113.
- Bradova, J. ve Stockova, L., 2010. Evaluation of Winter Wheat Collection in Terms of HMW and LMW Glutenin Subunits. *Czech J. Genet. Plant Breed*, 46, 96-99.
- Branlard, G., Dardevet, M., Saccomano, R., Lagoutte, F. ve Gourdon, J., 2001. Genetic Diversity of Wheat Storage Proteins and Bread Wheat Quality. *Wheat In A Global Environment*, 157-169. Springer Netherlands.
- Briney, A., Wilson, R., Potter, R.H., Barclay, I., Crosbie, G., Appels, R., Jones, MGK., 1998. A PCR-Based Marker For Selection of Starch and Potential Noodle Quality in Wheat. *Mol Breeding*, 4, 427-433.
- Brites, C. ve Carrillo, J.M., 2001. Influence of High Molecular Weight (HMW) and Low Molecular Weight (LMW) Glutenin Subunits Controlled by Glu-1 and Glu-3 Loci on Durum Wheat Quality. *Cereal Chemistry*, 78(1), 59-63.
- Budak, N. ve Yıldırım, M.B., 1995. Harvest Index, Biomass Production and Their Relationships With Grain Yield in Wheat. *Ege Ü. Z. F. Dergisi*, 32 (2): 25-28.
- Chumanova, E.V., Efremova, T.T., Trubacheeva, N.V., Arbuzova, V.S. ve Rosseeva, L.P., 2014. Chromosome Composition of Wheat-Rye Lines and the Influence of Rye Chromosomes on Disease Resistance and Agronomic Traits. *Russian Journal of Genetics*, 50(11), 1169-1178.
- Cornish, G.B., Bekes, F., Allen, H.M. ve Martin, D.J., 2001. Flour Proteins Linked to Quality Traits in an Australian Doubled Haploid Wheat Population. *Australian Journal of Agricultural Research*, 52 (12), 1339-1348.
- Crosbie, G.B., 1994. Holding Our Edge In Noodle Wheat. *Western Australian Journal of Agriculture*, 35, 77-79.

- Crosbie, G.B., Miskelly, D.M. ve Dewan, T., 1990. Wheat Quality For The Japanese Flour Milling and Noodle Industries. *Western Australian Journal of Agriculture*, 31, 81-83.
- Dhaliwal, A.S., Mares, D.J., Marshall, D.R. ve Skerritt, J.H., 1988. Protein Composition and Pentosan Content in Relation to Dough Stickiness of 1B.1R Translocation Wheats. *Cereal Chem*, 65,143-149.
- Dhaliwal, A.S. ve MacRitche, F., 1990. Contributions of Protein Fractions to Dough Handling Properties of Wheat-Rye Translocation Cultivars. *Journal of Cereal Science*, 12,113-122.
- Dhaliwal, A.S., Mares, D.J. ve Marshall, D.R., 1990. Measurement of Dough Surface Stickiness Associated With The 1B.1R Chromosome Translocation in Bread Wheats. *Journal of Cereal Science*, 12,165-175.
- D'ovidio, R. ve Stefania M., 2004. The Low-Molecular-Weight Glutenin Subunits of Wheat Gluten. *Journal of Cereal Science*, 39(3), 321-339.
- Ehdaie, B., Whitkus, R.W. ve Waines, J.G., 2003. Root Biomass, Water-Use Efficiency and Performance of Wheat-Rye Translocations of Chromosomes 1 and 2 In Spring Bread Wheat 'Pavon'. *Crop Science*, 43, 710-717.
- Ehdaie B., Layne A.P. ve Waines J.G., 2011. Root system plasticity to drought influences grain yield in bread wheat. *Euphytica*, 186:219-232.
- FAO, 2014. FAOSTAT-FAO Statistical Databases. Food and Agriculture Organization. www.fao.org. (Erişim Tarihi: 16.12.2016).
- Fernández-Calvín, B., Benavente, E. ve Orellana, J., 1995. Meiotic Pairing In Wheat-Rye Derivatives Detected by Genomic In Situ Hybridization and C-Banding A Comparative Analysis. *Chromosoma*, 103(8), 554-558.
- Food and Agriculture Organisation (FAO) AQUASTAT., 2013. <http://www.fao.org/nr/water/aquastat/main/index.stm> (Erişim Tarihi: 16.12.2016).

- Fredriksson, H., Silverio, J., Andersson, R., Eliasson, A.C. ve Aman, P., 1998. The Influence of Amylose and Amylopectin Characteristics on Gelatinization and Retrogradation Properties of Different Starches. *Carbohydr Polym*, 35, 119–134.
- Friebe, B., Raupp, W.J. ve Gill, B.S., 2001. Alien Genes in Wheat Improvement. *In Wheat In A Global Environment*, pp. 709-720. Springer Netherlands.
- Gençtan, T. ve Sağlam, N., 1987. Ekim Zamanı Ve Ekim Sıklığının Üç Ekmeklik Buğday Çeşidinde Verim ve Verim Unsurlarına Etkisi. *Türkiye Tahıl Sempozyumu*, Bursa.
- Gibson, T. S., Al Qalla, H. ve McCleary, B.V., 1992. An Improved Enzymic Method For The Measurement of Starch Damage in Wheat Flour. *Journal of Cereal Science*, 15, 15-27.
- Gill, B.S. ve Kimber, G., 1977. Recognition of Translocations and Alien Chromosome Transfers in Wheat by The Giemsa C-Banding Technique. *Crop Science*, 17, 264-266.
- Graybosch, R.A., Peterson, C.J., Hansen, L.E. ve Mattern, P.J., 1990. Relationships Between Protein Solubility Characteristics, 1BL/1RS, High Molecular Weight Glutenin Composition, and End-Use Quality in Winter Wheat Germ Plasm. *Cereal Chemistry*, 67(4), 342-349.
- Graybosch, R.A., Seo, Y.W. ve Peterson, C.J., 1993a. Detection of Wheat-Rye Chromosomal Translocations Using an Antisecalin Monoclonal Antibody. *Cereal Chemistry*, 70, 458-458.
- Graybosch, R.A., Peterson, C.J., Hansen, L.E., Worrall, D., Shelton, D.R. ve Lukaszewski, A., 1993b. Comparative Flour Quality and Protein Characteristics of 1BL.1RS and 1AL.1RS Wheat-Rye Translocation Lines. *Journal of Cereal Science*, 17(2), 95-106.
- Graybosch, R.A., 1998. Waxy Wheats: Origin, Properties, and Prospects. *Trends in Food Science & Technology*, 9(4), 135-142.

- Graybosch, R.A., 2001. Mini Review: Uneasy Unions: Quality Effects of Rye Chromatin Transfers to Wheat. *Journal of Cereal Science*, 33(1), 3-16.
- Guidet, F., Rogowsky, P., Taylor, C., Song, W. ve Langridge, P., 1991. Cloning and Characterisation of A New Rye-Specific Repeated Sequence. *Genome*, 34(1), 81-87.
- Gupta, R.B., Singh, N.K. ve Shepherd, K.W., 1989. The Cumulative Effects of Allelic Variation in LMW and HMW Glutenin Subunits on Physical Dough Properties in The Progeny of Two Bread Wheats. *Theor Appl Genet*, 77,57–62.
- Gupta, R.B. ve Shepherd, K.W., 1990. Two-Step One-Dimensional SDS-PAGE Analysis of LMW Subunits of Glutelin. *Theoretical and Applied Genetics*, 80(1), 65-74.
- Gupta, R.B., Bekes, F. ve Wrigley, C.W., 1991. Prediction of Physical Dough Properties From Glutenin Subunit Composition in Bread Wheats. *Cereal Chem*, 68, 328–333.
- Gupta, R.B., Paul, J.G., Cornish, G.B., Palmer, G.A., Bekes, F. ve Rathjen, A.J., 1994. Allelic Variation at Glutenin Subunit and Gliadin Loci, Glu-1, Glu-3 And Gli-1, of Common Wheats. 1. Its Additive and Interaction Effects on Dough Properties. *Journal of Cereal Science*, 19, 9-17.
- Hayakawa, K., Tanaka, K., Nakamura, T., Endo, S. ve Hoshino, T., 2004. End Use Quality of Waxy Wheat Flour in Various Grain-Based Foods. *Cereal Chemistry*, 81(5), 666-672.
- Hoffman B., 2008. Alteration of Drought Tolerance Winter Wheat Caused by Translocation of Rye Chromosome Segment 1RS. *Cereal Res Commun*, 36:269-278.
- Huang, X.Q. ve Cloutier, S., 2008. Molecular Characterization and Genomic Organization of Low Molecular Weight Glutenin Subunit Genes At The Glu-3 Loci in Hexaploid Wheat (*Triticum aestivum L.*). *Theoretical and Applied Genetics*, 116(7), 953-966.

- Jackson, E., Holt, L. ve Payne, P., 1983. Characterisation of High Molecular Weight Gliadin and Low-Molecular-Weight Glutenin Subunits of Wheat Endosperm by Two-Dimensional Electrophoresis and The Chromosomal Localisation of Their Controlling Genes. *Theoretical and Applied Genetics*, 66(1), 29-37.
- Kihara, H., 1944. Discovery of the DD-analyzer, one of the ancestors of *Triticum vulgare*. *Agric Horti*, 19, 12-14.
- Kim, W., Johnson, J.W., Baenziger, P.S., Lukaszewski, A.J. ve Gaines, C.S., 2004. Agronomic Effect of Wheat-Rye Translocation Carrying Rye Chromatin (1R) from Different Sources. *Crop Science*, 44(4), 1254-1258.
- Koebner, R.M.D., 1995. Generation Of PCR-Based Markers For The Detection of Rye Chromatin in A Wheat Background. *Theoretical and Applied Genetics*, 90(5), 740-745.
- Korkut, K.Z., Sağlam, N. ve Başer, İ., 1993. Ekmeklik ve Makarnalık Buğdaylarda Verimi Etkileyen Bazı Özellikler Üzerine Araştırmalar. *Trakya Üniv. Tekirdağ Ziraat Fak. Dergisi*, 2 (2), 111-118.
- Lee, H.T., Armstrong, K.C. ve Mild, B., 1989. Detection of Rye DNA in Wheat-Rye Hybrids and Wheat Translocation Stocks Using Total Genomic DNA As A Probe. *Plant Mol. Biol. Rep.*, 7, 150-158.
- Lee, J.H., Graybosch, R.A. ve Peterson, C.J., 1995. Quality and Biochemical Effects Of A IBL/IRS Wheat-Rye Translocation in Wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 90(1), 105-112.
- Li, X., Wang, A., Xiao, Y., Yan, Y., He, Z., Appels, R. ve Zeller, F.J., 2008. Cloning and Characterization of A Novel Low Molecular Weight Glutenin Subunit Gene At The Glu-A3 Locus From Wild Emmer Wheat (*Triticum turgidum* L. Var. *Dicoccoides*). *Euphytica*, 159(1-2), 181-190.
- Li, Y., Huang, C., Sui, X., Fan, Q., Li, G. ve Chu, X., 2009. Genetic Variation of Wheat Glutenin Subunits Between Landraces and Varieties and Their Contributions to Wheat Quality Improvement in China. *Euphytica*, 169(2), 159.

- Lineback, D.R., Rasper, V.F. ve Pomeranz, Y., 1988. Wheat Carbohydrates. *Wheat: Chemistry and Technology*. Volume I, Ed. 3, 277-372.
- Liu, R.H., 2007. Whole Grain Phytochemicals and Health. *Journal of Cereal Science*, 46, 207–219.
- Lukaszewski, A., J., 1990. "Frequency of 1RS.1AL and 1RS.1BL Translocations in United States Wheats." *Crop Science*, 30(5), 1151-1153.
- Luo, C., Griffin, W.B., Branlard, G. ve McNeil, D.L., 2001. Comparison of Low-and High Molecular-Weight Wheat Glutenin Allele Effects on Flour Quality. *Theoretical and Applied Genetics*, 102(6-7), 1088-1098.
- Maruyama-Funatsuki, W., Takata, K., Nishio, Z., Tabiki, T., Yahata, E., Kato, A. ve Yamauchi, H., 2004. Identification of Low-Molecular Weight Glutenin Subunits of Wheat Associated With Bread-Making Quality. *Plant Breeding*, 123(4), 355-360.
- Masci, S., D'Ovidio, R., Lafiandra, D. ve Kasarda, D.D., 1998. "Characterization of A Low-Molecular-Weight Glutenin Subunit Gene From Bread Wheat and The Corresponding Protein That Represents A Major Subunit of The Glutenin Polymer." *Plant Physiology*, 118(4) ,1147-1158.
- McLauchlan, A., Ogonnaya, F.C., Hollingsworth, B., Carter, M., Gale, K.R., Henry, R.J., Holton, T.A., Morell, M.K., Rampling, L.R., Sharp, P.J., Shariflou, M.R., Jones, M.G.K. ve Appels, R., 2001. Development of Robust PCR-Based DNA Markers For Each Homoeo-Allele of Granule-Bound Starch Synthase and Their Application in Wheat Breeding Programs. *Australian Journal of Agricultural Research*, 52, 1409–1416.
- Metakovsky, E.V., Wrigley, C.W., Bekes, F., ve Gupta, R.B., 1990. Gluten Polypeptides As Useful Genetic Markers of Dough Quality in Australian Wheats. *Australian Journal of Agricultural Research*, 41, 289–306.
- Miller, P., 2012. Havalar Çıldırılmış Olmalı. *National Geographic, Eylül Sayısı*, 62-81. National Geographic Society.

- Moiraghi, M., Vanzetti, L., Pflüger, L., Helguera, M. ve Pérez, G.T., 2013. Effect of High Molecular Weight Glutenins and Rye Translocations on Soft Wheat Flour Cookie Quality. *Journal Of Cereal Science*, 58(3), 424-430.
- Moonen, J.H. ve Zeven, A.C., 1984. SDS-PAGE of The High-Molecular-Weight Subunits of Wheat Glutenin and The Characterization of 1R (1B) Substitution and 1BL.1RS Translocation Lines. *Euphytica*, 33(1), 3-8.
- Moreno-Sevilla, B., Baenziger, P.S., Peterson, C.J. ve Graybosch, R., 1992. Comparison of 1B and 1BL/1RS Lines Derived From The Wheat Cultivar 'Rawhide'. *Agron Abstr*, 107.
- Moreno-Sevilla B., Baenziger P.S., Peterson C.J., Graybosch R.A. ve McVey D.V., 1995. The 1BL/1RS Translocation: Agronomic Performance of F3-derived Lines from a Winter Wheat Cross. *Crop Sci*, 35:1051-1055.
- Morris, C.F., Bettge, A.D., Giroux, M.J., Zeng, M. ve King, G.E., 1998. Relationships Between RVA Pasting Characteristics and Amylose Content of Normal, Partially-Waxy, and Waxy Wheat Flours and Starches. *In Cereals '98. Proc. 48th Australian Cereal Chemistry Conf. L. O'Brien, AB Blakeney, AS Ross, and CW Wrigley, eds.* Melbourne, Australia.
- Nagao, S., Ishibashi, S., Imai, S., Sato, T., Kanbe, Y., Kaneko, Y. ve Otsugo, H., 1977. *Quality Characteristics of Soft Wheats and Their Utilization In Japan. II. Evaluation of wheats from the United States, Australia, France, and Japan. Cereal Chemistry*, 54, 198-204.
- Nagao, S., 1981. Soft Wheat Uses in the Orient. *Soft Wheat: Production, Breeding, Milling and Uses*, 267-304.
- Nakamura, T., Yamamori, M., Hidaka, S. ve Hoshino, T., 1992. Expression of HMW WX Protein in Japanese Common Wheat (*Triticum aestivum L.*) Cultivars. *Japanese Journal of Breeding*, 42, 681-685.

- Nakamura, T., Yamamori, M., Hirano, H., Hidaka, S. ve Nagamine, T., 1995. Production of Waxy (Amylose-Free) Wheats. *Molecular and General Genetics MGG*, 248,253–259.
- Nakamura, T., Vrinten, P., Saito, M. ve Konda, M., 2002. Rapid Classification of Partial Waxy Wheats Using PCR-Based Markers. *Genome*, 45(6), 1150-1156.
- Özkan, H., Brandolini, A., Schafer-Pregl, R., ve Salamini, F., 2002. AFLP Analysis of A Collection of Tetraploid Wheats Indicates The Origin of Emmer and Hard Wheat Domestication in Southeast Turkey. *Molecular Biology And Evolution*, 19 (10), 1797-1801.
- Özkan, H., Brandolini, A., Pozzi, C., Effgen, S., Wunder, J. ve Salamini, F., 2005. A Reconsideration of The Domestication Geography of Tetraploid Wheats. *Theoretical and Applied Genetics*, 110 (6), 1052-1060.
- Patterson, H.D. ve Hunter, E.A., 1983. The Efficiency of Incomplete Block Designs in National List and Recommended List Cereal Variety Trials. *The Journal of Agricultural Science*, 101(02), 427-433.
- Pena, R.J., Amaya, A., Rajaram, S. ve Mujeeb-Kazi, A., 1990. Variation in Quality Characteristics Associated With Some Spring IB/1R Translocation Wheats. *Journal of Cereal Science*, 12,105-112.
- Pena, R.J., Zarco, H.J., Amaya, C.A. ve Mujeeb, K.A., 1994. Relationships Between Chromosome 1B Encoded Glutenin Subunits Compositions and Bread Making Quality Characteristics of Some Durum Wheat Cultivars. *Journal of Cereal Science*,19(3), 243-249.
- Peterson, C.J., Graybosch, R.A., Baenziger, P. S. ve Grombacher, A.W., 1992. Genotype and Environment Effects on Quality Characteristics of Hard Red Winter Wheat. *Crop Sci.*, 32, 98-103.
- Pomeranz, Y., 1988. Composition and Functionality of Wheat Flour Components. *Pomeranz Y. (Ed.), Wheat Chemistry and Technology*,1(3), 219-370.

- Porter, D.R., Webster, J.A. ve Friebe, B., 1994. Inheritance of Greenbug Biotype G Resistance in Wheat. *Crop Science*, 34,25-628.
- Qi, L., Friebe, B., Zhang, P. ve Gill, B.S., 2007. Homoeologous Recombination, Chromosome Engineering and Crop Improvement. *Chromosome Research*, 15, 3–19.
- Rabinovich, S.V., 1998. Importance of Wheat-Rye Translocations For Breeding Modern Cultivar of *Triticum aestivum* L. *Euphytica*, 100(1-3), 323-340.
- Rosegrant, M.W., Tokgoz, S. ve Bhandary, P., 2013. The New Normal? A Tighter Global Agricultural Supply and Demand Relation And Its Implications For Food Security. *Am. J. Agric.Econ.*, 95, 303-309.
- Reynolds M.P., Nagarajan S., Razzaque M.A. ve Ageeb O.A.A., 2001. Heat Tolerance. Application of Physioloji in Wheat Breeding, Chapter 10, p.124-135. *International Maize and Wheat Imp. Center, CIMMYT*. Mexico
- Saito, M., Vrinten, P., Ishikawa, G., Graybosch, R. ve Nakamura, T., 2009. A Novel Codominant Marker For Selection of The Null Wx-B1 Allele in Wheat Breeding Programs. *Molecular Breeding*, 23(2), 209-217.
- Salamini, F., Özkan, H., Brandolini, A., Schäfer-Pregl, R. ve Martin, W., 2002. Genetics and Geography of Wild Cereal Domestication in The Near East. *Nature Reviews Genetics*, 3(6), 429-441.
- Sears, E.R., 1972. Chromosome Engineering in Wheat. In Kimber, G.; Redei, GP: *Stadler Genetics Symposia*, 4, 23-38.
- Sebesta, E.E. ve Wood, E.A., 1978. Transfer Of Greenbug Resistance From Rye to Wheat With X-Rays. *In Agron. Abstr*, 70, 61-62.
- Sebesta, E.E., Wood, E.A., Porter, D.R., Webster, J.A. ve Smith, E.L., 1994. Registration of Amigo Wheat Germplasm Resistant to Greenbug. *Crop Science*, 34, 293.

- Seib, P.A., Steele, J.L. ve Chung, O.K., 1997. Wheat Starch As A Quality Determinant. In *Proc. Int. Wheat Quality Conf.*, eds JL Steele and OK Chung , 61-82.
- Seib, P.A., 2000. Reduced-Amylose Wheats and Asian Noodles. *Cereal Foods World*, 45, 504-512.
- Sharma, S., Bhat, P.R., Ehdaie, B., Close, T.J., Lukaszewski, A.J. ve Waines, J.G., 2009. Integrated Genetic Map and Genetic Analysis of A Region Associated With Root Traits on The Short Arm of Rye Chromosome 1 in Bread Wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 119(5), 783-793.
- Sharma, S., Xu, S., Ehdaie, B., Hoops, A., Close, T.J., Lukaszewski, A.J. ve Waines, J.G., 2011. Dissection of QTL Effects For Root Traits Using A Chromosome Arm-Specific Mapping Population in Bread Wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 122(4), 759-769.
- Shcherban, A.B., Börner, A. ve Salina, E.A., 2015. Effect Of VRN-1 and PPD-D1 Genes on Heading Time In European Bread Wheat Cultivars. *Plant Breeding*, 134(1), 49-55.
- Shewry, P.R. ve Tatham, A.S., 1997. "Disulphide Bonds in Wheat Gluten Proteins." *Journal of Cereal Science*, 25(3), 207-227.
- Shimizu, Y., Nasuda, S. ve Endo, T.R., 1997. Detection Of The Sec-1 Locus of Rye by A PCR-Based Method. *Genes ve Genetic Systems*, 72(4), 197-203.
- Singh, N.K., Shepherd, K.W. ve McIntosh, R.A., 1990. Linkage Mapping of Genes For Resistance to Leaf, Stem and Stripe Rusts and Ω -Secalins on The Short Arm of Rye Chromosome 1R. *Theoretical And Applied Genetics*, 80(5), 609-616.
- Singh, R.P., Huerta-Espino, J., Rajaram, S. ve Crossa, J., 1998. Agronomic Effects From Chromosome Translocations 7DL. 7Ag and 1BL.1RS in Spring Wheat. *Crop Science*, 38(1), 27-33.
- Swaminathan, M.S., 1993. From Nature to Crop Production. In Proc. Of The Int. Crop Science Congress. Ames, USA. *Crop Science Society of America*, 385-394.

- Tabibzadeh, N., Karimzadeh, G. ve Naghavi, M., 2013. Distribution Of 1AL.1RS And 1BL.1RS Wheat-Rye Translocations in Iranian Wheat, Using PCR Based Markers and SDS-PAGE. *Cereal Research Communications*, 41(3), 458-467.
- Tavella, C.M., 1978. Date Of Heading and Plant Height of Wheat Varieties, As Related to Septoria Leaf Blotch Damage. *Euphytica*, 27(2), 577-580.
- Torres, A. ve Pietragalla, J., 2012. *Crop morphological traits. Physiological breeding II: a field guide to wheat phenotyping*. CIMMYT, Mexico, 106-112.
- Tosun, O. ve Yurtman, N., 1973. Ekmeklik Buğdaylarda (*Triticum aestivum* L. Em Thell) Verime Etkili Morfolojik ve Fizyolojik Özellikler. *Ankara Üniv. Ziraat Fak. Yıllığı*, 23,418-434.
- Türkiye İstatistik Kurumu (TÜİK), 2015. www.tuik.gov.tr, (Erişim Tarihi: 16.12.2016).
- Villareal, R.L., Rajaram, S., Mujeeb-kazi, A. ve Del Toro, E., 1991. The Effect of Chromosome 1B/1R Translocation on The Yield Potential of Certain Spring Wheats (*Triticum aestivum* L.). *Plant Breed*, 106, 77-81.
- Villareal R.L, Banuelos O, Mujeeb-Kazi A. ve Rajaram S., 1998. Agronomic Performance of Chromosomes 1B and T1BL.1RS Near-isolines in the Spring Bread Wheat Seri M82. *Euphytica*. 103: 195-202.
- Wang, L.H., Zhao, X.L., He, Z.H., Ma, W., Appels, R., Peña, R.J. ve Xia, X.C., 2009. Characterization of Low-Molecular-Weight Glutenin Subunit Glu-B3 Genes and Development of STS Markers in Common Wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 118(3), 525-539.
- Wang, L., Li, G., Peña, R.J., Xia, X. ve He, Z., 2010. "Development Of STS Markers and Establishment of Multiplex PCR For Glu-A3 Alleles in Common Wheat (*Triticum aestivum* L.)." *Journal of Cereal Science*, 51(3),305-312.
- Weng, Y., Azhaguvel, P., Devkota, R.N.. ve Rudd, J.C., 2007. PCR-Based Markers For Detection Of Different Sources of 1AL.1RS and 1BL.1RS Wheat–Rye Translocations in Wheat Background. *Plant Breeding*, 126(5), 482-486.

- Wieser, Herbert, 2007. Chemistry Of Gluten Proteins. *Food Microbiology*, 24(2),115-119.
- Wilkes, G., 1993. Germplasm Collections: Their Use, Potential, Social Responsibility, and Genetic Vulnerability. In Proc. of the Int. Crop Sci. Cong. Ames, USA. *Crop Sci. Soc. of America*, 445-450.
- Xue, Q., Rudd, J.C., Liu, S., Jessup, K.E., Devkota, R.N. ve Mahano, J.R., 2014. Yield Determination and Water-Use Efficiency of Wheat Under Water-Limited Conditions in The US Southern High Plains. *Crop Science*, 54(1), 34-47.
- Yamamori, M., Nakamura, T. ve Kuroda, A., 1992. Variations In The Content of Starch-Granule Bound Protein Among Several Japanese Cultivars of Common Wheat (*Triticum aestivum* L.). *Euphytica*, 64, 215–219.
- Yamamori, M. ve Quynh, N.T., 2000. Differential Effects Of *Wx-A1*, *-B1*, and *-D1* Protein Deficiencies on Apparent Amylasecontent and Starch Pasting Properties in Common Wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 100, 32-38.
- Yamamoto, M. ve Y. Mukai, 2005. High-Resolution Physical Mapping of The Secalin-1 Locus of Rye on Extended DNA Fibers. *Cytogenet. Genome Res.* 109, 79—82.
- Yan, Y., Prodanovic, S., Mladenov, N. ve Milovanovic, M., 1999. Studies on Genetic Control of Low-Molecular-Weight Glutenin Subunits in Wheat Endosperm by A-PAGE Analysis. *Cereal Res Comm*, 27(3), 251-257.
- Zeller, F.J., Hsam, S.L.K., 1984. Broadening The Genetic Variability of Cultivated Wheat by Utilizing Rye Chromatin. *Proc 6th Int Wheat Genet Symp*, Kyoto, Japan.
- Zeng, M., Morris, C.F., Batey, I.L. ve Wrigley, C.W., 1997. Sources of Variation For Starch Gelatinization, Pasting, and Gelation Properties in Wheat. *Cereal Chem*, 74,63–71.
- Zhao, X.L., Ma, W., Gale, K.R., Lei, Z.S., He, Z.H., Sun, Q.X. ve Xia, X.C., 2007. Identification of Snps And Development of Functional Markers For LMW-GS

Genes at Glu-D3 and Glu-B3 Loci in Bread Wheat (*Triticum aestivum L.*). *Molecular Breeding*, 20(3), 223-231.

Zhang, W., Gianibelli, M.C., Rampling, L.R. ve Gale, K.R., 2004. Characterization and Marker Development For Low Molecular Weight Glutenin Genes From Glu-A3 Allelense of Bread Wheat. *Theoretical And Applied Genetics*, 108,1409-1419.

Zheng S., Byrne P.F., Bai G., Shan X., Reid S.D., Haley S.D. Ve Seabourn B.W., 2009. Association Analysis Reveals Effects of Wheat Glutenin Alleles and Rye Translocations on Dough-Mixing Properties. *J Cereal Sci*, 50:283-290.

Zhen, S., Han, C., Ma, C., Gu, A., Zhang, M., Shen, X. ve Yan, Y..., 2014. Deletion of The Low-Molecular-Weight Glutenin Subunit Allele Glu-A3a of Wheat (*Triticum aestivum L.*) Significantly Reduces Dough Strength and Breadmaking Quality. *BMC Plant Biology*, 14(1), 1.

7. ÖZGEÇMİŞ

Kişisel Bilgiler

Adı Soyadı: Mesut Ersin SÖNMEZ
Doğum Tarihi ve Yeri: 10.10.1987 / MERSİN
Medeni Hali: Evli
Telefon: 0 553 443 56 72
e-mail: mesutersinsonmez@kmu.edu.tr

Öğrenim Durumu

Derece	Alan	Üniversite	Yıl
Y. Lisans	Biyomühendislik Anabilim Dalı	Karamanoğlu Mehmetbey Üniversitesi	-
Lisans	Genetik ve Biyomühendislik Kimya (ÇAP)	İstanbul Fatih Üniversitesi	2011

Projeler

BAP 12-YL-15	Araştırmacı	Ekmeklik Buğdayda Geliştirilen Rekombinant Kendilenmiş Hat Populasyonunda Çavdar Translokasyonu, Glu A3b, Glu B3b ve Waxy Protein Alellerinin Belirlenmesi	-
--------------	-------------	------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------	---

Uluslararası bilimsel toplantılarda sunulan bildiriler

1. Sönmez M. E., Aydın N. "Determination of rye translocation in recombinant inbred lines population developed in bread wheat" *1st International Mediterranean Science and Engineering Congress (IMSEC 2016) Çukurova University, Congress Center, October 26-28, 2016, Adana / TURKEY* Pages: 1363-1363, Paper ID:392
2. CELTEK S. A. , SÖNMEZ M. E. , SABANCI K. Image segmentation with background subtraction using FCM - *2nd International Conference on Engineering and Natural Sciences (ICENS 2016)*, ISBN: 978-605-83575-1-8