

**BAZI EKMEKLİK BUĞDAY GENOTİPLERİNİN
KURAKLIĞA TOLERANS BAKIMINDAN DNA
MARKÖRLERİYLE KARAKTERİZASYONU**

Begüm TERZİ

Yüksek Lisans Tezi

Biyomühendislik Anabilim Dalı

Doç. Dr. Özlem ATEŞ SÖNMEZOĞLU

Ocak - 2017

**T.C
KARAMANOĐLU MEHMETBEY ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**BAZI EKMEKLİK BUĐDAY GENOTİPLERİNİN KURAKLIĐA
TOLERANS BAKIMINDAN DNA MARKÖRLERİYLE
KARAKTERİZASYONU**

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Begüm TERZİ

Biyomühendislik Anabilim Dalı

Tez Danışmanı: Doç. Dr. Özlem ATEŞ SÖNMEZOĐLU

KARAMAN-2017

TEZ ONAYI

Begüm TERZİ tarafından hazırlanan “Bazı Ekmeklik Buğday Genotiplerinin Kuraklığa Tolerans Bakımından DNA Markörleriyle Karakterizasyonu” adlı tez çalışması aşağıdaki jüri tarafından oy birliği ile Karamanoğlu Mehmetbey Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyomühendislik Anabilim Dalı’nda Yüksek Lisans Tezi olarak kabul edilmiştir.

Danışman:

Doç Dr. Özlem ATEŞ SÖNMEZOĞLU

Jüri Üyeleri

Prof. Dr. Ahmet YILDIRIM

Doç. Dr. Özlem ATEŞ SÖNMEZOĞLU

Yrd. Doç. Dr. Emine ATALAY

İmza:



Tez Savunma Tarihi: 10/01/2017

Yukarıdaki sonucu onaylarım

Doç. Dr. Ahmet İPEK

Enstitü Müdürü

TEZ ONAYI

Begüm TERZİ tarafından hazırlanan “**Bazı Ekmeklik Buğday Genotiplerinin Kuraklığa Tolerans Bakımından DNA Markörleriyle Karakterizasyonu**” adlı tez çalışması aşağıdaki jüri tarafından oy birliği ile Karamanoğlu Mehmetbey Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyomühendislik Anabilim Dalı’nda **Yüksek Lisans Tezi** olarak kabul edilmiştir.

Danışman:

Doç. Dr. Özlem ATEŞ SÖNMEZOĞLU

Jüri Üyeleri

İmza:

Prof. Dr. Ahmet YILDIRIM

Doç. Dr. Özlem ATEŞ SÖNMEZOĞLU

Yrd. Doç. Dr. Emine ATALAY

Tez Savunma Tarihi: 10/01/2017

Yukarıdaki sonucu onaylarım

Doç. Dr. Ahmet İPEK

Enstitü Müdürü

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.

Begüm TERZİ

ÖZET

Yüksek Lisans Tezi

BAZI EKMEKLİK BUĞDAY GENOTİPLERİNİN KURAKLIĞA TOLERANS BAKIMINDAN DNA MARKÖRLERİYLE KARAKTERİZASYONU

Begüm TERZİ

Karamanoğlu Mehmetbey Üniversitesi

Fen Bilimleri Enstitüsü

Biyomühendislik Anabilim Dalı

Danışman: Doç. Dr. Özlem ATEŞ SÖNMEZOĞLU

Ocak, 2017, 94 Sayfa

İnsan beslenmesindeki önemi ve geniş adaptasyon yeteneği sayesinde, dünyanın en önemli bitkilerinden biri olan buğdayın kuraklığa bağlı olarak veriminin azalması, tarımsal üretimde sürdürülebilirliği ve dünya besin güvencesini tehdit etmektedir. Kuraklığın etkilerini en aza indirebilmek için yapılan kuraklığa dayanıklı çeşit ıslahının birinci aşaması, buğday genotiplerinin kuraklığa tolerans bakımından moleküler ve biyokimyasal karakterizasyonu ve sınıflandırılmasıdır.

Bu çalışmanın amacı; Türkiye’de yaygın olarak yetiştirilen ve farklı bölge koşullarına adapte olmuş ekmeklik buğday çeşitleri ile bazı ekmeklik buğday hatlarının kuraklığa tolerans bakımından karakterizasyonunun yapılmasıdır. Bu amaçla, genotiplere ait DNA’lar, farklı kromozomlarda haritalanmış QTL’lerin varlığı açısından moleküler markörlerle taranmıştır. Kontrol çeşitler arasında yapılan taramalar sonucu incelenen 45 markörden en polimorfik olan ve en net görüntü veren 15 adet DNA markörü (SSR) belirlenerek çalışmada kullanılmıştır. Araştırma sonucunda moleküler markörlerle yapılan taramalara göre kuraklığa dayanıklılık bakımından toleranslı ve hassas kontrol çeşitleri ile genetik benzerlik gösteren ekmeklik buğday genotipleri belirlenmiştir. SSR temelli oluşturulan dendograma göre incelenen genotipler kuraklığa toleranslılık bakımından iki ana gruba ayrılmıştır. SSR primerleri ile yapılan moleküler taramalar sonucunda 0,14 ile 0,71 arasında değişim gösteren genetik benzerlik katsayılarına göre, kuraklığa toleranslı Gerek 79 kontrol çeşidine en yakın genotiplerin 8 ve 11, en uzak genotiplerin ise 16 numaralı genotip ile kuraklığa toleranslı kontrol çeşidi Sultan 95 olduğu belirlenmiştir. Kuraklığa tolerans bakımından gruplandırılan genotiplerin ve çalışmada kullanılan SSR markörlerinin kuraklıkla ilgili moleküler ve ıslah çalışmalarında yararlı bilgiler sağlayacağı beklenmektedir.

Anahtar Kelimeler: Ekmeklik Buğday, Kuraklık, Moleküler Markör, QTL, *Triticum aestivum*.

ABSTRACT

Ms Thesis

CHARACTERIZATION OF SOME BREAD WHEAT GENOTYPES WITH DNA MARKERS FOR DROUGHT TOLERANCE

Begüm TERZİ

Karamanoğlu Mehmetbey University

Graduate School of Natural and Applied Sciences

Department of Bioengineering

Supervisor: Assoc. Prof. Dr. Özlem ATEŞ SÖNMEZOĞLU

January, 2017, 94 pages

Thanks to ability to adapt a wide range of areas and importance in human nutrition, wheat is one of the most important crop in the world but yield of wheat has been reduced by drought stress. It threatens sustainability and world food security in agricultural production. The first stage of drought tolerant variety breeding is molecular and biochemical characterization and classification of wheat genotypes in terms of tolerance to drought.

The aim of the present study was characterization of widely grown bread wheat cultivars and some breeding lines for drought tolerance which adapted to different regions in Turkey. DNAs of the genotypes were screened for the presence of QTLs mapped to different chromosomes. Results of the molecular studies identified and detected 15 polymorphic DNA markers (SSRs) which gave the clearest images among the control genotypes. In the end of the research, bread wheat genotypes which show tolerance or sensitivity to drought and have genetic similarity with control varieties were determined by molecular markers. According to SSR based dendogram, two main groups were obtained for drought tolerance. End of the molecular screening with SSR primers genetic similarity coefficients were obtained that ranging from 0,14 to 0,71. Number of 8 and 11 were the closest genotypes to drought tolerant cultivar Gerek 79 and the furthest genotypes of this cultivar were number of 16 and drought sensitive cultivar Sultan 95. Genotypes that were grouped in terms of tolerance to drought and SSR markers are expected to provide a useful information for drought related molecular breeding studies.

Key words: Bread Wheat, Drought, Molecular Marker, QTL, *Triticum aestivum*.

ÖN SÖZ

Yüksek lisans eğitimim boyunca, üzerimdeki emeklerinin çok olduğunu bildiğim, yanlışlarımda beni yönlendiren, vazgeçmeden tekrar ettirerek doğruya ulaşmamı sağlayan, yorulduğumda, üzüldüğümde, heyecanlandığımda fark eden, bilgi birikimini her zaman benimle paylaşan, başarımda beni cesaretlendiren çok sevdiğim danışman hocam Doç. Dr. Özlem ATEŞ SÖNMEZOĞLU' na teşekkür ederim. Yüksek lisans eğitimimin başından itibaren aldığım teorik derslerin dışında devamlı sormaya, sorgulamaya, merak etmeye teşvik eden tavsiyeleri ve bilgiye ulaşmada öğrenme isteğimi sürekli kılan sayın hocam Prof. Dr. Ahmet YILDIRIM' a teşekkür ederim. Çalışmada kullanılan ekmeklik buğday genotiplerinin temininde yardımcı olan Eskişehir Geçit Kuşağı Tarımsal Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü'nden Savaş BELEN' e teşekkür ederim. Laboratuvar çalışmalarım boyunca her sabah beni gülümseyerek karşılayan, beraber çalışmaktan her zaman keyif aldığım ve çalışmalarım bana yardımcı olan sevgili arkadaşlarım Nimet GENÇ, Zeki Mutlu AKAR, Leyla Nurefşan GÜNDÜZ, Ramazan ÖZBEY ve Elif GÜNDAR' a teşekkür ederim. Çalışmalarım sırasında eve geldiğimde mutlu mırıltılarıyla bütün yorgunluğumu unutturan küçük dostum Pısdak' a ve benimle üzüntümü, mutluluğumu paylaşan, sabah, akşam, erken, geç demeden ne zaman ihtiyacım olsa yanımda olup bana destek olan Hüseyin Orkun YAŞAR' a teşekkür ederim.

Nedeni ve sonucu ne olursa olsun, her zaman yanımda oldukları gibi yüksek lisans eğitimim boyunca da yanımda olan, karşılıksız sevgilerini ne kadar uzakta olurlarsa olsunlar hissettiğim, canım aileme sonsuz teşekkürlerimi borç bilirim.

Bu çalışma 18-M-15 numaralı proje kapsamında Karamanoğlu Mehmetbey Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Komisyonu tarafından destenmiştir.

Begüm TERZİ

Ocak, 2017

İÇİNDEKİLER

Sayfa

ÖZET	i
ABSTRACT	ii
ÖN SÖZ	iii
İÇİNDEKİLER	iv
ÇİZELGELER DİZİNİ	v
ŞEKİLLER DİZİNİ	vi
SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ	viii
1. GİRİŞ	1
2. KURAMSAL TEMEL VE KAYNAK ÖZETLERİ	3
3. MATERYAL VE METOT	23
3.1. Bitki Materyali	23
3.2. DNA İzolasyonu	24
3.3. Polimeraz Zincir Reaksiyonu	27
3.4. Verilerin Değerlendirilmesi	34
4. BULGULAR VE TARTIŞMA	35
5. SONUÇ	64
6. KAYNAKLAR	67
7. ÖZGEÇMİŞ	80

ÇİZELGELER DİZİNİ

<u>Çizelge</u>	<u>Sayfa</u>
Çizelge 3.1: Araştırmada kullanılan ekmeklik buğday çeşit ve hatları	23
Çizelge 3.2: Taramalarda kullanılan SSR primerlerine ait bilgiler	27
Çizelge 3.3: Kontrol çeşitlerin moleküler taramalarında kullanılan SNP ve RAPD markörleri.....	29
Çizelge 3.4: Çalışmada kullanılan polimorfik primerlere ait PZR koşulları	30
Çizelge 3.5: PZR ürünlerinin jele yüklenme sırası.....	32
Çizelge 3.6: Program tarafından skorlanan bir jelin bant büyüklükleri	34
Çizelge 4.1: Moleküler taramalarda kullanılan polimorfik primerler	38
Çizelge 4.2: Genotiplere ait PZR ürünlerinin agaroz jellere yüklenme sırası.....	39
Çizelge 4.3: Ekmeklik buğday genotiplerinin 15 adet SSR primerleri ile amplifikasyonu sonucu elde edilen majör allel frekansı, allel sayısı, allel aralığı, He ve PIC değerleri	48
Çizelge 4.4: SSR primerleri ile yapılan moleküler taramalar sonucunda elde edilen bant profilleri	60
Çizelge 4.5: Ekmeklik buğday genotipleri arasındaki genetik benzerlik katsayıları	62

ŞEKİLLER DİZİNİ

<u>Sekil</u>	<u>Sayfa</u>
Şekil 3.1: DNA izolasyonundan kullanılan buğday örnekleri.....	24
Şekil 3.2: Agaroz jelde görüntülenen DNA'lar.....	26
Şekil 3.3: Çalışmada kullanılan agaroz jel elektroforezi.....	26
Şekil 3.4: UV görüntüleme cihazı	27
Şekil 3.5: Çalışmada kullanılan ısı döngüsü cihazı	31
Şekil 3.6: Kuyucukları işaretlenmiş jel fotoğrafı	32
Şekil 3.7: Bantları işaretlenmiş jel fotoğrafı	33
Şekil 3.8: Ladder'ları işaretlenmiş jel fotoğrafı	33
Şekil 4.1: Xgwm 161, Xgwm 257, Xgwm 192.2, Xgwm 458, Xwmc 177 ve Xgwm 78 primeri ile yapılan moleküler taramalar.....	35
Şekil 4.2: Xgwm 292, Xpsp 3030, Xpsp 3088, Xgwm 540, Xgwm 3, Xgwm 186 ve Xgwm 458 primerlerine ait polimorfizm taramalarının jel görüntüsü	35
Şekil 4.3: Xwmc 73, P22, P25, Xpsp 3123, P20 ve P21 primerine ait taramalar	36
Şekil 4.4: Xgwm 304, Xgwm 192.2 ve Xwmc 89 primerlerine ait jel görüntüsü.....	36
Şekil 4.5: Çeşitler arası polimorfizm göstermeyen P18 primerinin jel görüntüsü	36
Şekil 4.6: P22 SNP markörüne ait moleküler taramalara ilişkin jel görüntüsü.....	37
Şekil 4.7: İncelenen genotiplerin P25 primeri ile yapılan moleküler taramaları sonucu polimorfizm gözlenmeyen jel görüntüsü	37
Şekil 4.8: Xgwm 3 SSR primeri ile yapılan moleküler taramalara ait jel görüntüsü	37
Şekil 4.9: Kontrol çeşitler arası polimorfik bulunmayan Xgwm 540 primeri ile genotiplerin taranması.....	37
Şekil 4.10: Xgwm 78 primeri ile yapılan moleküler taramalar	40
Şekil 4.11: Xgwm 99 primerine ait % 2'lik agaroz jel görüntüsü.....	40
Şekil 4.12: Xgwm 108 primerinin moleküler taramalarına ait jel örneği	41
Şekil 4.13: Xgwm 118 primeri ile yapılan moleküler taramalar	41
Şekil 4.14: Xgwm 186 primerinin moleküler taramalarına ait agaroz jel görüntüsü	42
Şekil 4.15: Xgwm 304 primerine ait moleküler taramalar	42

ŞEKİLLER DİZİNİ

Sekil

Sayfa

Şekil 4.16: İncelenen ekmeklik buğday genotiplerinin Xgwm 337 primeri ile moleküler karakterizasyonu	43
Şekil 4.17: Xgwm 484 primeri ile elde edilen PZR ürünlerinin agaroz jel görüntüsü...	43
Şekil 4.18: Xgwm 603 primeri ile yapılan moleküler taramalar	44
Şekil 4.19: Xgwm 626 primerine ait PZR ürünlerinin moleküler taramaları.....	44
Şekil 4.20: Xpsp 3200 primerinin moleküler taramalarına ait agaroz jel görüntüsü	45
Şekil 4.21: Xwmc 89 primerine ait PZR ürünlerinin yürütüldüğü agaroz jel görüntüsü	45
Şekil 4.22: Xgwm 357 primeri ile yapılan moleküler taramalar	4
Şekil 4.23: Xgwm 389 primerine ait agaroz jel görüntüsü.....	46
Şekil 4.24: Buğday genotiplerinin Xgwm 11 primeri ile moleküler taramaları.....	47
Şekil 4.25: İncelenen ekmeklik buğday genotipleri arasındaki genetik ilişkiyi gösteren dendogram	56

SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

Simgeler

bç	Baz çifti
gr	Gram
M	Molar
mg	Miligram
ml	Mililitre
mM	Milimolar
nM	Nanomolar
µl	Mikrolitre
µM	Mikromolar
V	Volt

Açıklama

Kısaltmalar

BME	β-mercaptoethanol
CTAB	Cetyltrimethylammonium Bromide
dNTP	Deoksi Nükleozin Trifosfat
dk	Dakika
DNA	Deoksiribonükleik Asit
DREB	Dehydration Responsive Element Binding Dehidrasyondan Sorumlu Bağlayıcı Elementler
dsDNA	Double Stranded DNA Çift İplikçikli DNA
EtBr	Ethidium Bromür
EDTA	Etilendiamin Tetra Asetik Asit
g	Relatif Santrifüj Kuvveti
NaCl	Sodyum Klorür
MgCl₂	Magnezyum Klorür
PZR	Polimeraz Zincir Reaksiyonu

RNA	Ribonükleik Asit
RAPD	Random Amplification of Polymorphic DNA Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA
sn	Saniye
SDS	Sodyum Dodesil Sülfat
SNP	Single Nucleotide Polymorphism Tek Nükleotid Polimorfizmi
SSR	Simple Sequence Repeats Basit Dizi Tekrarları
ssDNA	Single Stranded DNA Tek İplikçikli DNA
TBE	Tris/ Borik Asit/ EDTA
Taq	<i>Thermus aquaticus</i>
TE	Tris/EDTA
UPGMA	Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean Aritmetik Ortalamayı Kullanan Ağırlıksız Çift Gruplama Metodu

1. GİRİŞ

Kuraklık, günümüzde bitkisel üretimi ve verimi sınırlayan en önemli çevresel stres faktörlerinden biridir. Bitkiler kuraklık, tuzluluk, aşırı yağış ve sıcaklık gibi abiyotik stres koşullarına maruz kalmakta bu durum bitkinin gelişimini ve büyümesini olumsuz etkilemekte, bunun yanında bitkide metabolik ve fizyolojik değişimlerin oluşmasına neden olmaktadır. Küresel ısınmanın sebep olduğu hava değişimlerinden kaynaklanan kuraklığın etkilerini en aza indirmek için kuraklığa toleranslı bitkilerin üretimine yönelik çalışmaların öncelikli olarak devam ettirilmesi gerekmektedir. Abiyotik stres koşullarının bitkide meydana getirdiği bu etkiler oldukça karmaşık özelliklere sahiptir bu nedenle anlaşılmaları konusunda çok sayıda çalışma yürütülmektedir. Klasik ıslah yaklaşımlarının yanında kuraklığa toleranslı yabancı türlerin genotipik mekanizmalarının aydınlatılması adına genetik mühendisliği çalışmaları ile markör teknolojilerinin birlikte kullanılması gerekmektedir.

Geniş adaptasyon yeteneği ve insan beslenmesindeki önemi nedeniyle dünyanın en önemli bitkilerinden biri olan buğdayda kuraklığa bağlı olarak verimin azalması, tarımsal üretimde sürdürülebilirliği ve dünya besin güvencesini tehdit etmektedir. Küresel buğday üretimi, iklim değişimlerinin artması ile tekrarlanan kuraklık sebebiyle gittikçe azalmaktadır (Li ve ark., 2009; Mwadzingeni ve ark., 2016). Kuraklığa toleranslı çeşitler, esas anlamıyla kuraklığın kötü etkilerine karşı koruyucu mekanizmalara sahip çeşitlerdir. Ancak kuraklık, her biri küçük etkili çok sayıda gen tarafından kontrol edilen kompleks bir özelliktir (Bernardo, 2008). Buğdayda var olan büyük genetik çeşitlilik, buğdayın kökeni ve çeşitlerinden türeyen germplazmaları ile yabancı akrabalardan kültüre alınmış buğday çeşitleri ve ıslah stokları kuraklık toleransı açısından büyük oranda zengin bir genetik çeşitlilik sağlamaktadır (Dodig ve ark., 2010; Nevo ve Chen, 2010; Drovak ve ark., 2011; Yıldırım ve ark., 2011a; Ateş Sönmezoğlu ve ark., 2012). Çünkü bitki aynı çeşitten olsa bile kuraklığa tolerans bakımından farklılıklar göstermektedir. Aynı türün farklı çeşitleri arasında kuraklığa tolerans bakımından farklılık görülebilir. Bu sebeple aynı türün kuraklığa toleranslı çeşidinin kullanılması kuraklık koşullarında daha iyi verim ve daha yüksek üretim sağlayacaktır. Klasik ıslah ile yetiştirilen bitkilerin çoğu verimlerinin arttırılması amacıyla uygun koşullardaki tarım arazilerine ekilmekte ve buna adapte olacak şekilde

yetiştirilmektedir. Bu sebeple tarımsal üretim amacıyla kullanılan çeşitlerin çoğu kuraklığa karşı toleranslı değildir (Öztürk, 2015). Üretimde büyük oranda pay sahibi olan, bölge koşullarına adapte olmuş kuraklığa toleranslı bitkilerin geliştirilmesi amacıyla biyoteknoloji ve ıslah çalışmalarının hızla devam etmesi çok önemlidir.

Kuraklığın etkilerini en aza indirebilmek için yapılan araştırma çalışmalarının başında gelen kuraklığa dayanıklı çeşit ıslahının birinci aşaması buğday çeşit ve hatlarının kuraklığa tolerans bakımından moleküler ve biyokimyasal olarak karakterizasyonu ve sınıflandırılmasıdır.

Bu çalışmanın amacı; Türkiye’de yaygın olarak yetiştirilen ve farklı bölge koşullarına adapte olmuş ekmeklik buğday çeşitleri ile Eskişehir Geçit Kuşağı Tarımsal Araştırma Enstitüsünde geliştirilmiş bazı ekmeklik buğday hatlarının kuraklığa tolerans bakımından genetik karakterizasyonunun yapılmasıdır. Bu amaçla moleküler taramalarda farklı araştırmacılar tarafından geliştirilen ve haritalanan kuraklığa tolerans ile bağlantılı olan mikrosatelit (SSR), tek nükleotid polimorfizmleri (SNP), rastgele çoğaltılmış parça polimorfizmleri (RAPD) markörleri kullanılmıştır. Kontrol genotipler arasında polimorfik olduğu belirlenen 15 adet SSR markörü kullanılarak ekmeklik buğday genotiplerinin kuraklığa tolerans bakımından karakterizasyonu yapılmıştır. Kullanılan SSR primerlerine göre çalışmada incelenen ekmeklik buğday çeşit ve hatlarından birbirine en yakın genotiplerin 0,71 benzerlik katsayısı ile 8 ve 10 numaralı genotipler olduğu, birbirine en uzak genotiplerin ise 0,14’ lük benzerlik oranı ile 9 ve 17 numaralı genotipler olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca kuraklığa hassas ve toleranslı kontrol çeşitleri arasındaki genetik benzerlik oranının % 23,5 olduğu da saptanmıştır. Kuraklığa toleranslı kontrol çeşidi Gerek 79 ile en yakın genotiplerin 8 ve 11 numaralı genotipler olduğu, en uzak genotiplerin ise 16 numaralı genotip ile Sultan 95 kontrol çeşidi olduğu belirlenmiştir. Kontrol çeşitler ile olan genetik benzerlik oranları ve oluşturulan dendrogram ile kuraklığa dayanıklılıkla ilgili ileride yapılacak olan ıslah çalışmaları ve genetik araştırmalara bir ön veri oluşturulmuştur. Ayrıca çalışmada kullanılan SSR markörlerine ait bulguların da kuraklıkla ilgili genetik karakterizasyon araştırmaları ve genetik kaynakların etkin kullanımında faydalı olacağı düşünülmektedir.

2. KURAMSAL TEMELLER ve KAYNAK ÖZETLERİ

Bitkilerde büyüme, gelişme ve metabolizmayı etkileyen ya da engelleyen durumlara stres adı verilmektedir. Stres bitkilerin biyosentetik kapasitelerini azaltır, normal fonksiyonlarını değiştirir ve bitkinin ölümüne yol açabilecek zararlara neden olabilir (Lichtenhaler, 1996; Gürel ve Avcıoğlu, 2001; Yılmaz ve ark., 2011). Fizyolojik ve biyokimyasal nedenli stres etkisi sebebiyle gen ifadesinde modifikasyonlar meydana gelmektedir. Bu genlerin tanımlanması ve tespit edilmesi, toleranslı bitkilerin geliştirilmesi açısından temel oluşturmaktadır. Çevre değişimlerinin organizmada oluşturduğu etkilerin transkripsiyonel seviyede incelenmesi ekspresyon profilinin oluşturulması bakımından oldukça önemlidir (Molina ve ark., 2008; Nemat ve ark., 2015).

Stres faktörleri, kökenlerine göre abiyotik ve biyotik stres faktörleri olmak üzere iki gruba ayrılmaktadır. Virüs, bakteri ve fungusları içeren patojenler, böcekler ve herbivorlar biyotik stres faktörleridir. Abiyotik stres faktörleri ise soğuk, sıcak, kuraklık, tuzluluk, su fazlalığı, radyasyon, çeşitli kimyasallar, rüzgar ve toprakta besin yetersizliği gibi çevresel faktörlerdir (Mahajan ve Tuteja, 2005; Yılmaz ve ark., 2011). Abiyotik stres dünya genelinde bitki kaybına neden olan en önemli etmendir ve önemli kültür bitkilerinin % 50'den fazlasında verimi azaltmaktadır (Boyer, 1982; Esmail ve ark., 2012). Abiyotik stres temel besin maddelerinin başında gelen buğdayda, bitki gelişimini, verimi ve tane kalitesini etkilemektedir. Dört temel abiyotik stres kaynağı içinde (kuraklık, sıcaklık, tuzluluk, metal toksisitesi) kuraklık, tek başına besin güvenliğini oldukça tehdit etmektedir (Dreisigacker ve ark., 2016). Küresel ısınmanın sonucu olarak yağış azalmakta, buharlaşma artmaktadır bu durum dünya genelinde abiyotik stres faktörleri arasında olan kuraklık dönemlerinin artmasına sebep olmaktadır. Abiyotik stres kaynakları içinde kuraklığın bitki verimini % 50 oranında azaltması tarım toplumları açısından büyük bir ekonomik kayba neden olmaktadır (Akpınar ve ark., 2013; Budak ve ark., 2015). Kuraklık dünyanın birçok ülkesinde bitkisel üretimi sınırlayan en etkili abiyotik stres kaynağıdır ve yetersiz yağış ve/veya değişen yağış modellerinden kötü şekilde etkilenen en önemli çevresel stres faktörlerinin başında gelmektedir (Toker ve ark., 2007; Mir ve ark., 2012). Kuraklığın

sebepler olduğu hasar etki süresine, zamanına ve şiddetine bağlıdır (Serraj ve ark., 2005). Yıl içindeki yetersiz ve/veya düzensiz yağış ile yüksek sıcaklık kuraklığa neden olan temel faktörlerdir. Kuraklık bitkinin büyüme koşulları, fizyolojisi, genotipi ve gelişim evresi gibi çeşitli faktörlerden etkilenen çok yönlü bir özellik olması nedeniyle kuraklık toleransı mekanizması çeşitli gen ekspresyon modelleri ve kompleks sinyal sistemlerini içermektedir (Kantar ve ark., 2011; Akpınar ve ark., 2013). Kuraklık çoğunlukla yüksek sıcaklıkla birlikte meydana gelmekte bu durum su kaybını arttırmakta ve fotosentetik kinetiği etkilemektedir (Mir ve ark., 2012). Kuraklık dünya üzerinde ekilebilir alanlarda görülen stres faktörleri arasında % 26'lık payla en büyük orana sahiptir (Blum, 2006; Kutlu, 2010). Kuraklık stresi bitkilerde çok sayıda fizyolojik, biyokimyasal ve moleküler olaya neden olmakta, bunun sonucu olarak bitkiler, sınırlanan çevresel koşullara uyum sağlayacak tolerans mekanizmaları geliştirebilmektedirler (Arora, 2002; Kalefetoğlu ve Ekmekçi, 2005; Kutlu, 2010). Ayrıca bu strese tepki, hücrel gen ifade profilinin değişmesi ve bu tür koşullara maruz kalmış çok sayıda genin indüklenmesi sonucu ortaya çıkmaktadır (Shinozaki ve Yamaguchi-Shinozaki, 2000; Ameen, 2013).

Bitki gelişiminin farklı evrelerinde kuraklık toleransı, hücrel ve organizma düzeyinde çok sayıda fizyokimyasal süreci içeren kompleks bir özelliğe sahiptir (Kadam ve ark., 2012). Kuraklığa dayanıklılık, her biri minör etkiye sahip çok sayıda gen tarafından kontrol edilir, bitki fizyolojisinde farklılıklara yol açabilir ve çevre şartlarının etkisi altında kalabilmesi bakımından kompleks ve kantitatif özelliktedir (Barnabas ve ark., 2008; Fleury ve ark., 2010). Kuraklık toleransı, transkripsiyon faktörleri (TS), mikroRNA (miRNA), hormonlar, proteinler, kofaktörler, iyonlar ve metabolitler ile çeşitli genlerin etkisi ile gerçekleşmektedir. Son zamanlarda, tek nükleotid polimorfizmlerinin (SNP) de aralarında olduğu bazı moleküler markörler ve kantitatif karakter lokuslarının (QTL) kuraklık sinyali mekanizmasından sorumlu genlerle ilişkili olduğu belirtilmiştir (Budak ve ark., 2015). Kuraklıkla ilgili bazı genler genomda, eklemeli ve eklemeli olmayan etkilere sahip kantitatif karakter lokusları (QTLs) olarak yerleşim göstermişlerdir.

Kuraklığa toleransın iyileştirilmesiyle bitki çeşitlerinin geliştirilmesi, artan insan nüfusuna karşı bitki verimi ve gıda güvenliğinin sağlanması açısından sürdürülebilir ve ekonomik olarak uygulanabilir bir yaklaşım olarak düşünülmektedir. Önceleri

geleneksel ıslah yöntemleriyle kuraklığa karşı dayanıklı bitki çeşitleri geliştirme çabaları, kuraklık şartları altında verim gibi özelliklerin genotip x çevre etkileşimleri nedeniyle engellenmekteydi (Blum, 1988; Passioura, 2012; Langridge ve Reynolds, 2015). Ancak son zamanlardaki moleküler ve genomik teknolojilerdeki ilerlemeler, pek çok bitkide kullanılabilen tanımlayıcı moleküler markörlerin geliştirilmesini ve bu sayede kantitatif karakter lokuslarının (QTL) belirlenmesini sağlamıştır (Salvi ve Tuberosa, 2015).

DNA markör teknolojileri uygulamaları, seleksiyon sırasında poligenik özellikler açısından çevre tarafından karışıklığa sebep olan etmenleri elimine etmekte bunun yanında bitkinin herhangi bir dönemdeki gelişim evresine bağlı kalmaksızın seleksiyon yapılabilmesine imkan sağlamaktadır. Bu konuda çok sayıda moleküler markör kullanılmaktadır. Bu markörler arasından en dikkat çekenleri Polimeraz Zincir Reaksiyonuna (PCR) dayalı DNA markörleridir (Mwadingeni ve ark., 2016).

ABA birikimine dayalı kuraklığa toleransla ilgili önemli bir QTL buğdayda 5A kromozomunda bulunmaktadır ve kaynak genotipleri “Ciano 67” ile “SQ1” çeşitleridir (Quarrie ve ark., 1994). Ayrıca çok sayıda transkripsiyon faktörü ailesi de bitkide stres toleransı ile ilişkilidir. Bunlar içinde bZIP, Dreb, WRKY, bHLH, MYB ve NAC transkripsiyon faktörleri buğdayda stres toleransına karşı tespit edilen düzenleyici genlerin bazı önemli gruplarını temsil etmektedir. Bu genler için sınırlı sayıda markör geliştirilebilmiştir.

Wei ve ark. (2009), *Dreb-B1* geni için fonksiyonel bir markör geliştirmiş ardından bu markör CIMMYT ve Chang ve ark. (2013) tarafından da test edilerek *TaSAP-A1* genine yakın bağlı markör olarak tanımlanmıştır. Genomun kapsamlı haritalanmasını sağlayan haritalama yaklaşımları kullanılarak yapılan uluslararası çalışmalarda belirtilen QTL’ler sayesinde kuraklık stresi koşulları altında tahıl veriminde başarılı gelişmeler yaşanmıştır. Fleury ve ark. (2010) yürüttükleri çalışma sonucunda buğdayda kuraklıkla alakalı 20’den fazla QTL özetlemiştir. Örnek verilecek olursa; kromozom 3BL üzerinde sıcaklık ve kuraklık koşulları altında tane verimi ile bitki örtüsü (kanopi) sıcaklığı varyansının % 22’sini açıklayan QTL tespit edilmiştir (Bennett ve ark., 2012).

Aynı kromozom (3B) üzerinde Bonneau ve ark. (2013) ile Sukumaran ve ark. (2015) tarafından da kuraklık stresi altında tane verimi çalışmaları yapılmıştır.

Bölgesel ıslah havuzlarına yeni gen ve gen kombinasyonlarının girmesi çevre açısından geniş ürün adaptasyonu ihtiyacı oluşturmakta iken; dar genetik çeşitlilik kuraklık toleransı gibi abiyotik stres koşullarının iyileştirilmesini kısıtlamaktadır. Bu yüzden, buğday genotip koleksiyonları boyunca gelecekteki buğday ıslah programları için genetik varyasyonu arttırmak adına özellikle kuraklık gibi önemli stres faktörleri ile ilgili genetik çeşitliliğin karakterize edilmesi büyük önem taşımaktadır (Huang ve ark., 2002; Dodig ve ark., 2010).

Markör destekli seleksiyonla buğdayda kuraklık toleransının iyileştirilmesi tam anlamıyla henüz başarılabilmiş değildir. Bunun sebepleri arasında, kuraklıkla ilgili genlerin poligenik özellikleri, buğdayın karmaşık yapısı ve büyük genom boyutu verilebilir (Paux ve ark., 2006; Berkman ve ark., 2012; Mwadzingeni ve ark., 2016). Tohum verim stabilizasyonunda moleküler mekanizmanın anlaşılmasındaki eksiklikler nedeniyle hem klasik ıslah hem de modern genetik yöntemler kullanılarak yapılan kuraklığa toleranslı tahılların geliştirilmesinde sınırlamalar mevcuttur (Passioura, 2010; Sinclair, 2011). Kuraklık tolerans mekanizmasının anlaşılmasındaki eksiklikler ve buğdayın kuraklıkla ilgili gen bölgelerinin kalıtımındaki karmaşıklık sebebiyle kuraklığa dayanıklı çeşit ıslahı kolay değildir. Çünkü, gözlemsel morfolojik verilere dayalı klasik bitki ıslahı yolu ile yapılan seleksiyonun başarısı, mevsimsel yağıştaki değişim, genotipik adaptasyon ile bunların miktar ve dağılımı ile doğrudan ilişkilidir (Cooper ve ark., 2001; Passioura, 2006; Tomar ve ark., 2016).

Fakat, son yıllarda, kuraklığa dayanıklı yabancı türlerden faydalanma ve moleküler biyolojideki hızlı ilerlemeler ile fonksiyonel genomik ve transgenik teknolojiler kuraklıkla ilgili çalışmaları hızlandırmış, moleküler açıdan ilgili genlerin tespiti ve gen bölgelerinin tanımlanmasında önemli ilerlemeler kaydedilmiştir (Budak ve ark., 2013; Yıldırım ve ark., 2013). Kuraklığa dayanıklılıkla ilgili moleküler mekanizmanın da dahil olduğu markör destekli bitki ıslahına ilişkin çok sayıda araştırma yapılmıştır (Patnaik ve Khurana, 2001; Rellegineschi ve ark., 2002; Chen ve Gallie, 2004;

Rampino ve ark., 2006; Zhao ve ark., 2008; Wei ve ark., 2009; Ashraf, 2010; Ateş Sönmezoğlu ve ark., 2010a; Huseynova ve Rustamova, 2010).

İnsan beslenmesinde en önemli temel gıda ürünlerinden biri olan buğday üretimi ve verimi kuraklıktan olumsuz etkilenmektedir. Dünya nüfusunun yaklaşık % 35'inin temel besin maddesi olan buğday, dünyada ve Türkiye'de en fazla yetiştirilen kültür bitkisidir (Ateş Sönmezoğlu ve ark., 2012; Esmail ve ark., 2012). Küresel ısınmanın getirdiği kuraklık ve hızlı nüfus artışı gibi nedenlerden dolayı buğday gibi temel besin maddelerine olan talep her geçen gün artmaktadır. Geniş adaptasyon yeteneği ve insan beslenmesindeki önemi nedeniyle, dünyanın en önemli bitkilerinden biri olan buğdayın kuraklığa bağlı olarak veriminin azalması, tarımsal üretimde sürdürülebilirliği ve artan dünya nüfusunun besin ihtiyacının karşılanmasını tehlikeye sokmaktadır. 2015/16 USDA (Birleşik Devletler Tarım Departmanı) verilerine göre Türkiye dünya buğday üretiminde 19,5 milyon tonla dokuzuncu sırada yer almaktadır. Dünya üretiminde önemli bir yere sahip olan Türkiye, küresel iklim değişimlerinin etkisi ile artan yüksek sıcaklık ve azalan yağışların sebep olduğu kuraklık riski altındadır.

Kuraklığın mevcut etkilerinin azaltılması amacıyla ilk olarak mevcut çeşitlerin kuraklık toleransı bakımından karakterizasyonlarının yapılması gerekmektedir. Kuraklığa dayanımı iyi olan genotiplerin seçimi ve kuraklığa dayanımı iyi olan çeşitlerin geliştirilmesi çalışmalarında etkili seleksiyon kriterlerinin belirlenmesi, üzerinde çok çalışılan bir konu haline gelmiştir. Kuraklığa toleransı yüksek çeşitlerin ortaya çıkarılması için öncelikle genotiplerin sulu ve kuru koşullar altındaki performanslarının belirlenmesi gerekmektedir (Clarke ve ark., 1992; Kutlu, 2010). Ancak kurak koşullar altında sadece verim bakımından yapılacak seleksiyonun başarısı, tane veriminin kalıtım derecesinin düşük olması nedeniyle yetersiz kalmaktadır. Bu nedenle stres koşulları altında verim azalmalarını engelleyen belirli bazı özelliklerin, tane verimiyle kombine edilmesi gerektiği ileri sürülmüştür (Sharma ve Thakur, 2004).

Mardeh ve ark. (2006), değişen çevre koşulları altında kuraklığa dayanıklı genotipleri belirlemek için kuraklık duyarlılık indeksi (KDI), stres tolerans indeksi (STI), ortalama verimlilik (OV), geometrik ortalama verimlilik (GOV), verim indeksi (VI), verim stabilite indeksi (VSI), tolerans (TOL) gibi seleksiyon indekslerinin kullanılabilirlik

düzenini arařtırmıřlardır. Arařtırmacılar 11 ekmeklik buęday hattını iki farklı lokasyonda iki yıl yetiřtirmiřler, alıřma sonucunda yıllar, lokasyonlar ve uygulamalar arasında önemli farklılıklar olduęunu bildirmiřlerdir. Elde ettikleri sonuçlar doęrultusunda ılımlı stres kořulları altında, OV, GOV ve STI'nın etkili birer seleksiyon kriteri olduęunu; řiddetli stres kořulları altında ise KDI'nın kuraklıęa dayanıklılıęı yüksek genotipleri ayırmada daha etkili olduęunu ifade etmiřlerdir.

Bařer ve ark. (2005), sekiz ekmeklik buęday eřidi ve 19 ileri ekmeklik buęday hattı ile, genotiplerin kuraęa dayanıklılık özelliklerindeki deęiřimleri ve bunların tane verimiyle olan basit ve oklu iliřkilerini belirlemek amacıyla iki yıllık bir alıřma yürütmüřler ve buęday genotiplerinin başaklanma gün sayısı, tane dolum süresi, bitki boyu, bayrak yaprak alanı, mumsuluk oranı, stoma sayısı ve yapraęın su tutma yeteneęi gibi özelliklerini incelemiřlerdir. Arařtırmacılar yaptıkları korelasyon ve path analizleri sonucuna göre; yaprak su tutma yeteneęi, tane dolum süresi ve bayrak yaprak alanının kuraklıęa dayanıklılık bakımından yapılacak seleksiyon için önemli ölçütler olduęunu belirlemiřler, mumsuluęun tane verimi üzerinde olumlu bir etkisinin gözlemlenmedięini ifade etmiřlerdir.

Naserian ve ark. (2014), İnan buęday genotiplerinde, abiyotik stres etmeni olarak kuraklık ve tuzluluęun bazı kantitatif özellikler üzerinde etkilerini arařtırmıřlardır. Kuraklık řartlarında hektolitre aęırlıęı, fertil başak, verim ve hasat indeksi bakımından en verimli bitkilerin seilerek tane protein içerięinin arttırılabileceęini bildirmiřlerdir. Morfolojik markörlerin kullanıldıęı fenotipik analizlerin başta evre, kalıtım ve genlerin sayısından etkilenmeleri, yapılan alıřmaların güvenilirlięini kısıtlamaktadır. Biyokimyasal markörlerin ise az sayıda olmaları ve belli gelişme dönemlerinde özel dokularda analiz edilmeleri gibi devavantajları vardır. İslah ve genetik karakterizasyon alıřmalarında moleküler markörlerin kullanımı morfolojik ve biyokimyasal markörlerin bu tür kısıtlamalarını en aza indirmektedir (Ateř Sönmezoęlu ve Balkan, 2014). Moleküler markörlerin evreden etkilenmemeleri sayesinde daha güvenilir fenotip tahmini ve ko-dominant markörlerle genotiplerin daha doęru ve etkili seilimi yapılabilmektedir (Botstein ve ark., 1980; Helentjaris ve ark., 1985; Williams ve ark., 1990). Moleküler markörler; fenotipik ve biyokimyasal markörlere göre; evreden etkilenmemeleri, tekrarlanabilirlik, genomda birden fazla bölgenin belirlenebilmesine

imkan sađlamaları, tek dokuya özđü olmayıp tüm dokularda tanımlanabilmeleri, ko-dominant yapıları ve geniş varyasyon göstermeleri gibi avantajları sayesinde, bitkilerde moleküler karakterizasyon, genetik teşhis ve filogenetik analizlerde yaygın bir şekilde kullanılmaktadır (Yıldırım ve ark., 2011b; Ateş Sönmezođlu ve Balkan, 2014). DNA markörleri kullanılarak türlerin taksonomik tanımlanması yapılabilmekte, filogenetik olarak akrabalık dereceleri belirlenebilmektedir (Rafalski ve ark., 1996; Lowe ve ark., 1996, Ateş Sönmezođlu, 2006; Yıldırım ve ark., 2011a; Ateş Sönmezođlu ve Kütük, 2014).

Günümüzde Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR) temelli moleküler markörler buđdayda genetik karakterizasyon ve moleküler bitki ıslahında yaygın bir şekilde kullanılmaktadır (Williams ve ark., 1990; Wei ve ark., 2009; Ameen, 2013). Moleküler markörler, alışılan örnekler için bitki dokusunun veya çevre etkisinin altında kalmadan, bitki gelişiminin çok erken dönemlerinde çeşit tespiti ve karakterizasyon alışmalarında kullanılmaktadır (Manifesto ve ark., 2001). Buđdayda genetik karakterizasyon alışmalarında; çođaltılmış para uzunluk polimorfizimleri (AFLP) (Barrett ve Kidwell, 1998), dizisi etiketlenmiş mikrosatellit bölgeleri (STMSs) veya genel olarak (SSR) (Prasad ve ark., 2000) ve kloroplast spesifik mikrosatellit markörleri (cpSSR) (Tomar ve ark., 2013) gibi PZR temelli moleküler markörler kullanılmaktadır. Buđdayda yapılan moleküler alışmalarda; genomda çok sayıda bulunmaları, ko-dominat yapıları, lokus spesifik olmaları, tekrarlanabilirlikleri ve yüksek bilgi içeriđi gibi üstün özellikleri nedeniyle SSR markörleri sıka kullanılmaktadır (De Loose ve Gheysen, 1995; Röder ve ark., 1998; Yıldırım ve ark., 2009).

Basit dizi tekrarları (SSR) olarak da bilinen mikrosatellit markörleri, multiallelik dođaları, kromozom spesifikliđi, yüksek polimorfizm oranı ve buđday genomu boyunca geniş dađılımı gibi özellikleri sayesinde buđdayda genetik karakterizasyon alışmaları için en uygun moleküler markörlerdir (Prasad ve ark., 2009; Dodig ve ark., 2010; Ateş Sönmezođlu ve ark., 2010a; Yıldırım ve ark., 2011a; Ateş Sönmezođlu ve ark., 2012).

Ekmeklik buđday, % 90'ı tekrarlı dizilerden meydana gelmiş oldukça karmaşık ve büyük genom boyutuna (ortalama 16×10^9 b) sahip bir bitkidir (Li ve ark., 2004; Nemat ve ark., 2015). Buđdayın bu karmaşık yapısına ek olarak standardize fenotipik

tekniklerin eksikliği de kuraklık toleransı çalışmalarını kısıtlamaktadır. Bu sebeple, ileri fenotipik ve genomik teknolojilerin birlikte kullanılması genomik karakterizasyon, genomik seleksiyon, moleküler markör tespiti, QTL haritalama ve aday genlerin keşfi gibi çalışmalarda başarı şansını arttırmaktadır. Markör teknolojileri uygulamaları, seleksiyon sırasında poligenik özellikler açısından çevre tarafından karışıklığa sebep olan etmenleri elimine etmekte bunun yanında bitkinin herhangi bir dönemdeki gelişim evresine bağlı kalmaksızın seleksiyon yapılabilmesine imkan sağlamaktadır. Bu konuda çok sayıda moleküler markör çeşidi kullanılmaktadır. Bu markörler arasında en dikkat çekenleri dizi temelli DNA markörleridir. Özellikle tek nükleotid polimorfizmleri (SNPs) ve mikrosatellitlerin (SSRs) bu konuda oldukça popüler olmaları ile birlikte, kalıtsal varyasyon ile yüksek bağlantı göstermeleri bakımından kompleks özelliklerin incelenmesinde de avantajlı olacakları beklenmektedir (Gupta ve ark., 2011; Berkman ve ark., 2012; Mwadzingeni ve ark., 2016).

Buğdayda fenotipik olarak kuraklıktan sorumlu çok sayıda özelliğin kromozom üzerindeki QTL bölgelerinin muhtemel yerlerinin belirlenmesi moleküler markörler yardımıyla mümkün olmuştur (İbrahim ve ark., 2012; Ahmad ve ark., 2014). Ancak kuraklık toleransı ile alakalı QTL'lerin tanımlanmasında, bu özelliğe birçok genin etki etmesi, bazı QTL bölgelerinin kararsız olması, buğday genomunun çok büyük olması ve epistatik QTL interaksiyonları gibi kısıtlayıcı etmenler de etki etmektedir (Ashraf ve ark., 2010; Kumar ve ark., 2010; Sharma, 2013). Dahası genin varlığına dair bir bilgi de olmayabilir. Eğer gen ifade edilmiyorsa (non-expressed gen) ekspresyon seviyesi belirlenemeyebilir veya kompleks bir özelliği etkiliyor olabilir, ayrıca başka bir özelliği ilgilendiren diğer genler üzerinde de bir etki gösterebilir. Tüm bu nedenlerden dolayı kuraklık gibi kompleks özelliklerde çok sayıda ve farklı kromozom bölgelerinden moleküler markörler kullanılmalıdır (Mwadzingeni ve ark., 2016).

Markör destekli seleksiyon (MAS) bitki ıslahını hızlandırmak ve güvenilir seleksiyonu sağlamak için kullanılan bir tekniktir (Wei ve ark., 2009; Ateş Sönmezoğlu ve ark., 2010b; Huseynova ve Rustamova, 2010; Yıldırım ve ark., 2013). Geleneksel olarak, çeşitlerin seleksiyonu morfolojik özellikleri temel alınarak yapılmakta ve bunun sonucu olarak poligenik karakterlerin analizi zor olmaktadır. Bu tür kısıtlamalar ilgilenen özellik bakımından markör destekli seleksiyon kullanılarak aşılmaktadır (Ameen,

2013). Markör destekli ıslah yoluyla, daha önce mümkün olmayan, su stresi altındaki bir bitki germplasımının binlerce genomik bölgesinin yararlılığını incelemek mümkün olabilmektedir (Ashraf, 2010; Huseynova ve Rustamova, 2010).

Kuraklığın etkilerini en aza indirmek amacıyla yapılan araştırmalar (sulama ve diğer kültürel işlemler) arasında en önemlilerinden biri kuraklığa dayanıklı çeşit ıslahıdır. Mahsullerin verim stabilitesini artırmak için en umut verici ve ekonomik çözümlerden biri yüksek verimli çeşitlerin kuraklık toleransı ile ilgili genlerinin ve genomik bölgelerinin türler arası melezleme (introgression) ile genetik açıdan iyileştirilmesidir (Blum, 2006; Nevo ve Chen, 2010; Kadam ve ark., 2012). DNA markörlerinin kullanımı ile yüksek yoğunluklu moleküler bağlantı haritasının geliştirilmesi, kantitatif karakter lokusları (QTL) içeren kompleks özelliklerin genomik ilişkilendirme boyunca genetik temellerinin parçalara ayrılarak incelenmesi için olanak sağlamaktadır (Kadam ve ark., 2012).

Buğdayda stres faktörleri ile ilgili dünya genelinde çok sayıda genetik çeşitlilik araştırmaları yapılmaktadır (Dodig ve ark., 2010; Esmail ve ark., 2012; Ameen, 2013). SNP (Tek Nükleotid Polimorfizmi) markörleri moleküler çalışmalarda geniş bir kullanıma sahiptir. Özellikle ekmeklik buğday, hekzaploid genom yapısı sebebiyle diğer tahıllara oranla daha yüksek SNP oranına sahiptir (Ateş Sönmezoğlu ve ark., 2010c; Shavrukov, 2016a). Shavrukov ve ark. (2016b) Kuzey Kazakistan bölgesinin kurak şartlarında kurdukları denemede, 89 bölgesel ticari ekmeklik buğday çeşidini 19 Ampliflour SNP markörü aracılığıyla taramışlar ve kuraklığa duyarlı genler için allelik varyasyonlar elde ettiklerini bildirmişlerdir. SNP markörü Katu 48'in, *Dreb 2* (Dehydration responsive element binding factor 2) tipi gen olan *TaDREB5* geni için kullanılan çeşitler boyunca düzgün bir allelik dağılım gösterdiği, incelenen genotiplerin kuraklık koşulları altında düşük ve yüksek verimli olmak üzere iki ana gruba ayrıldığı ifade edilmiştir.

Kuraklıkla ilişkili gen bölgeleri veya moleküllerin tanımlanması açısından ilgili gen ve proteinlerinklonlanması ve detaylı karakterizasyonu kuraklığa toleranslı bitkilerin geliştirilmesinde temel adımı oluşturmaktadır. Kuraklık çalışmaları genellikle ABA (Absisik asit)-bağımlı ve ABA-bağımsız olan DREB (Dehidrasyondan sorumlu

bağlayıcı elementler) yolakları olmak üzere iki transkripsiyonel düzenleyici döngüyü içermektedir (Budak ve ark., 2013). ABA, dehidrin gen ekspresyonunda önemli bir indükleyici olup, kuraklığa tolerans ve dormansinin korunmasında önemli rollere sahiptir (Busk ve ve ark., 1997; Suakar, 2012). ABA-bağımlı stres ilişkili en temel sınıfı MYB Transkripsiyonu oluşturmaktadır. Son yıllarda ekmeklik buğdayda kuraklığa dayanımla ilişkili açığa çıkarılmış ABA-bağımlı MYB tip bilinen kuraklık sinyalleri; R2R3 ve MYB3R'dir. ABA-bağımsız DREB yolaklarından Dreb-1 TFs genellikle soğuk stresine karşı duyarlı iken, Dreb-2 TFs kuraklık stresine karşı duyarlıdır (Cai ve ark., 2011). Dreb-1B, Dreb-1C ve Dreb-1A proteinleri dehidrasyondan (kurumadan) sorumlu elementi (DRE) taşıyan gen ekspresyonlarında düşük sıcaklıkta indüklenerek aktive olurlar (Shinozaki ve Shinozaki, 2000). DRE elementleri aynı zamanda kuraklığa ve kurumaya spesifik transkripsiyon faktörleri (Dreb-2A ve Dreb-2B) ile ilgili bir aile olarak da tanımlanmaktadır (Liu ve ark., 1998; Suakar, 2012). Buğdayda çok sayıda DREB homoloğu tanımlanmış olsa da, DREB2 kaynaklı kuraklığa tolerans tepkileri henüz tamamen aydınlatılamamıştır.

Huseynova ve Rustamova (2010) çalışmalarında; toleranslı, orta toleranslı ve toleranssız 12 buğday genotipinde kuraklığa dayanıklılığı belirlemek için RAPD ve fonksiyonel primerleri kullanarak kromozom 3A, 3B ve 3D kromozomlarında moleküler markör taramaları yapmışlardır. Yapılan çalışmada buğdayda *Dreb* genleri beş spesifik primer ile incelenmiştir. A genomunda P21F/P21R ve P25F/PR primerleri, B genomunda P18F/P18R primerleri, D genomunda P20F/P20R ile P22F/PR primerleri kullanılmıştır. Kuraklığa yarı dayanıklı Tale-38 genotipi hariç, incelenen kuraklığa dayanıklı ve kuraklığa duyarlı diğer tüm genotiplerde *Dreb1* (Dehydration Responsive Element Binding Proteins) geninin 3A kromozomunda bulunduğu tespit edilmiş, bu bölgeyi çevreleyen primerlerin kuraklığa dayanıklılıkla ilgili taramalarda başarıyla kullanılabileceği ifade edilmiştir (Huseynova ve Rustamova, 2010).

Farklı bir araştırmada (Wei ve ark., 2009) yapılan moleküler taramalarda, SNP S770 *Dreb-B1* için Xfbb 117 ve Xmwg 818 markörleri arasında kromozom 3BL üzerinde tanımlanmıştır. Edae ve ark. (2013) ise sıcaklık stresi, bitki artış indeksi ve biyokütle için *Dreb-1A*, bayrak yaprak genişliği, hasat indeksi, yaprak genişliği için *ERA1-B* ve

ERA1-D, verim ve bin tane ağırlığı için *1-FEH-A* ve *1-FEH-B* olmak üzere 5 sinyal geni içeren kuraklık ve verimle alakalı yollar için tanımlanmıştır.

Tomar ve ark. (2016) kuraklık stresi koşullarında morfolojik ve agronomik karakterlerin korelasyon analizini yapmışlar, 31 buğday genotipi arasındaki filogenetik ilişkiyi SSR markörleri aracılığıyla belirlemişlerdir. Basit dizi tekrarları (SSR) olarak bilinen mikrosatellit markörleri; multi-allelik doğaları, kromozom spesifikliği, yüksek polimorfizm oranı ve buğday genomu boyunca geniş dağılım göstermeleri bakımından buğdayda genetik karakterizasyon ve markör destekli ıslah çalışmaları için tercih edilen moleküler markörlerdir (Prasad ve ark., 2009).

Farklı bir çalışmada, kuraklık bakımından değişiklik gösteren İsrail ve civarındaki bölgelerden 25 popülasyonla temsil edilen 145 yabancı tip buğdaydan oluşan bir koleksiyon içinde, bu yabancı tip buğdayların lokuslarındaki allelik çeşitlilik bakımından 54 mikrosatellit analiz edilmiştir. Popülasyonlarda genotipler boyunca % 56 oranında genetik çeşitlilik bulunurken, popülasyonlar arasında % 44 oranında varyasyon bulunduğu ve SSR'ların buğdayda genetik çeşitlilik çalışmalarında oldukça yararlı ve kullanışlı markörler olduğu bildirilmiştir (Peleg ve ark., 2008).

Buğdayda kuraklığa tolerans için 4B kromozomunun kısa kolundaki genomik ilişkilerin incelendiği bir çalışmada, özellikle kuraklığa dayanıklı aday genler üzerinde durulmuş, farklı şekilde ifade edilmelerinin ve genomik bölgelerdeki yerlerinin tespiti araştırılmıştır (Kadam ve ark., 2012). Buğdayda kuraklığa tolerans için markör destekli ıslahta kullanılmak üzere önemli bölgelerle sıkı bağlantılı markörlerin kullanılabileceği bildirilmiştir.

Kültür buğdaylarında ve yabancı tip buğdaylarda kuraklık toleransının incelendiği bir diğer çalışmada, modern çeşitlerin yabancı akrabalarının, özellikle de *T. dicoccoides*' in kuraklığa toleransı için yüksek potansiyele sahip olduğu belirlenmiştir (Budak ve ark., 2013). Yapılan çalışmada türler arası melezleme aracılığı ile modern buğday çeşitlerinde kuraklıkla ilgili aday genleri karakterize etmişler ve bu genlerin işlevlerini moleküler çalışmalarla teyit etmişlerdir.

Kuraklık toleransı açısından buğday genotiplerinde biyokimyasal ve moleküler markörler kullanılarak yapılan bir genetik karakterizasyon çalışmasında (Esmail ve ark., 2012), buğday genotiplerinin genetik benzerlik ve farklılıklarının tespit edilmesi amacıyla biyokimyasal (SDS-PAGE) ve moleküler markörler kullanılmıştır. Yapılan fenotipik analizler sonucu, 25 buğday genotipinde çimlenme yüzdeleri arasında büyük farklılıklar bulunduğu ve incelenen çeşitlerden yedisinin kuraklığa daha toleranslı olduğu tespit edilmiştir. SDS-PAGE ve RAPD-PCR analizlerinin birlikte değerlendirildiği sonuçlara göre incelenen buğday genotipleri kuraklığa dayanıklılık bakımından üç ana gruba ayrılmıştır (Esmail ve ark., 2012).

Genotip koleksiyonlarında genetik çeşitliliğin araştırılmasında kullanılan moleküler markörler için tüm allel sayısının ve sırasıyla bunların kombinasyonlarındaki PIC (Polymorphism Information Content; Polimorfizm Bilgi İçeriği) verilerinin değerlendirilmesinin daha sonra yapılacak karakterizasyon çalışmaları için faydalı bilgiler sağlayacağı tespit edilmiştir (Hao ve ark., 2006). Hao ve ark. (2006), inceledikleri tüm genotipler için lokus başına PIC sayısının önemli bir bilgi oluşturduğunu ve her lokustaki allellerin sayısı ile pozitif korelasyon gösterdiğini bildirmişler, Huang ve ark. (2002) ile Hai ve ark. (2007) da yaptıkları çalışmalarda ifade edilen bulgularla uyumlu ve birbirini destekler nitelikte sonuçlar elde etmişlerdir. Bu tez çalışmasında da kullanılan markörlerin PIC ve allel sayıları hesaplanmış, böylece daha sonra yapılacak çalışmalara ön veri sağlanmıştır.

Bibi ve ark. (2010) tarafından buğday genotiplerinde kuraklığa toleransı araştırmak için moleküler markör destekli seleksiyonun kullanıldığı bir çalışma yürütülmüştür. Araştırmada toplam 100 allel, % 78 oranında polimorfik ve % 22 oranında monomorfik olarak rastgele 15 primer ile amplifiye edilmiştir. Çalışmada 14 genotip, buğday genomunda kuraklığa tolerans ile ilgili spesifik bölgeler bakımından F2R2 primeri ile 13 genotip ise yine genomda spesifik bölgeler (*Dreb* dizisi) bakımından F3R3 primeri ile işaretlenmiştir.

Ekmeklik buğdayda kuraklığa toleransın moleküler markörlerle incelendiği farklı bir araştırmada, altı buğday genotipi, RAPD primerleri kullanılarak taranmış; dört genotipin kuraklığa toleranslı, iki genotipin ise hassas olduğu belirlenmiştir (Ameen,

2013). Elde edilen sonuçlara göre kuraklığa toleranslı buğday genotiplerinin belirlenmesinde kullanılan RAPD primerlerinden yedisinin başarıyla kullanılabilineceği tespit edilmiştir.

Kışlık ve yazlık ekmeklik buğday çeşitlerinin kuraklığa tolerans bakımından genetik çeşitliliğinin fenotipik gözlemler ve basit dizi tekrarları (SSR) ile incelendiği bir çalışmada, genotipler kuraklık toleransına (yüksek, orta, düşük) ve kaynak bölgelerine göre gruplara ayrılmıştır (Dodig ve ark., 2010). Yapılan moleküler varyans analizleri, kuraklığa tolerans ile coğrafi gruplar (bölgeler) arasındaki bağlantının % 96 oranında toplam varyasyon ile açıklanabileceğini göstermiştir. Yüksek derecede kuraklığa toleranslı genotipler arasındaki genetik çeşitliliğin, kuraklığa toleransı oldukça az olan genotiplerden fazla olduğu görülmüştür. Altı bölgesel grup arasında yapılan karşılaştırmalı SSR analizleri sonucu Kuzey Amerika'daki genotiplerin diğer bölgelerdeki genotiplere oranla daha fazla genetik çeşitlilik gösterdiği saptanmıştır (Dodig ve ark., 2010).

Azaltılmış nem koşullarında 4A kromozomunun tane verimi üzerinde etkili QTL bölgesi SSR ve STS markörleri kullanılarak haritalanmıştır (Kirigwi ve ark., 2006). İncelenen QTL'nin; tane verimi, tane doluluk oranı, başak yoğunluğu, m²'deki tane sayısı, biyokütle verimi, biyokütle verim oranı ve kuraklığa hassaslık indeksi (DSI) ile de ilişkili olduğu ifade edilmiştir. Çalışmada kullanılan bu özelliklerle bağlantılı olan moleküler markörler, kromozom 4A üzerinde sırasıyla % 20, 33, 15, 23, 30, 26 ve 41 oranlarında fenotipik varyasyonla ifade edilmiştir. Xwmc 89 mikrosatellit markörünün incelenen QTL'ye 7,7 cM'lık uzaklıkta olduğu ve fenotipik varyasyonu en net şekilde gösterdiği bildirilmiştir. Çalışma sonucunda Xwmc 89'un kuraklık toleransını arttırmak amacıyla yapılacak ıslah çalışmalarında markör destekli seleksiyonda güvenilir bir şekilde kullanılabilineceği belirtilmiştir. Bu tez çalışmasında da Xwmc 89 primeri moleküler taramalarda kullanılmıştır.

Pakniyat ve Tavakol (2007), kuraklığa tolerans ile ilişkili RAPD markörleri kullanarak 20 ekmeklik buğday çeşidinin genetik çeşitliliğini araştırmışlardır. Araştırmada kullanılan çeşitlerden altı tanesinin kuraklığa toleranslı olduğu bilinmektedir. Kullanılan RAPD primerlerinden P6 ve P7'nin kuraklığa toleranslı çeşitlerde sırasıyla, 920 ve 750

bç (baz çifti) büyüklüklerinde bant verdikleri, kuraklığa toleranslı olmayan çeşitlerde ise bu aralıkta bant vermedikleri görülmüştür. Sonuç olarak bu baz çifti büyüklüklerine dair bulguların ekmeçlik buğdayda kuraklığa toleransla ilişkili olabileceği ileri sürülmüştür.

Al-Kordy ve ark. (2013) tarafından yapılan çalışmada, 109 buğday genotipinin kuraklığa tolerans bakımından incelenmesi amacıyla spesifik iki tip markör (AFLP ve ISSR) kullanılmış, genotipler arasında yüksek oranda polimorfizm tespit edilmiştir. İki tip markör çeşidine ait 49 adet primer kuraklığa tolerans açısından incelenmiştir. Basit tekrarlı diziler arası polimorfizm (ISSR) analizlerinin sonuçlarına göre ekmeçlik buğday çeşitleri arasındaki genetik çeşitliliğin tespitinde bu markör tipinin yararlı ve kullanılabilir olduğu belirlenmiştir. Her iki tip markör analizleri de markör destekli seleksiyonun ekmeçlik buğdayda kuraklığa tolerans açısından ıslah çalışmalarında başarıyla kullanılabilir bir yöntem olduğunu bir kez daha göstermiştir.

Wei ve ark. (2009), Chinese Spring çeşidinde 3A, 3B ve 3D kromozomunda yer alan *Dreb1* genlerini genoma spesifik primerler kullanarak incelemişlerdir. İki adet SNP (S646 and S770) markörü kullanılarak Opata 85 ve W7984 ailelerinde *Dreb-B1* geni açısından polimorfizm belirlenmiş, ancak *Dreb-A1* ve *Dreb-D1* açısından farklılık tespit edilememiştir. Farklı bir çalışmada (Dodig ve ark., 2010), allel spesifik SNP primeri P40 ile 115 adet rekombinant saf hat (RIL) taranmış, 3BL kromozomu üzerindeki *Dreb-B1* geni, Xmwg 818 ve Xfbb 117 markörleri ile haritalanmıştır. 3B kromozomu üzerinde haritalanan *Dreb-B1* geninin, kuraklık toleransının iyileştirilmesi amacıyla yapılacak buğday ıslahı çalışmalarında MAS ile etkin bir şekilde kullanılabilirliği ifade edilmiştir.

Nachit ve ark. (2000), CIMMYT/ICARDA kurak bölge ıslah programı içerisinde, buğdayın yabancı akrabaları arasında moleküler markörler kullanarak kuraklığa tolerans araştırması yapmışlardır. Bu çalışmada tane verimi, tane içeriği ve bazı fizyolojik stres özellikleri moleküler RFLP markörleriyle ilişkilendirilmiştir. Sonuçlar kullanılan markörlerin tane özellikleri, tane içeriği ve fiziksel stres özellikleri ile yakından ilişkili olduğunu göstermiştir. Ayrıca bu markörlerin makarnalık buğdayda kuraklık toleransını geliştirmek için markör destekli seleksiyon aracılığı ile kullanılabilirliği belirtilmiştir.

Diab ve ark. (2008), makarnalık buğday hatlarında 12 bilinen gen ve 103 farklı ifade edilmiş dizi etiketleri (EST) kullanarak 55 adet polimorfizm saptamışlardır. Kuraklık stresi ile ilgili gen bölgelerinin tespiti amacıyla tek nokta analizi ve birleşik aralık haritalaması kullanılmıştır. Kuraklık toleransı özelliği açısından QTL ile ilişkili 6 aday gen ve 19 dEST'yi de içeren 178 markör kullanılmıştır. Sonuçlar makarnalık buğdayda kuraklık toleransının geliştirilmesi için moleküler markörlere dayalı markör destekli seleksiyonun kullanılmasının kuraklığa dayanıklılığın geliştirilmesinde önemli katkılar sağlayacağını göstermiştir.

Kuraklık stresinden farklı oranlarda etkilenen ekmeklik buğday hat ve çeşitleri arasındaki genetik çeşitliliğin çoğaltılmış parça uzunluk polimorfizmi (AFLP) kullanılarak araştırıldığı bir çalışmada çeşitlerin kuraklık stresi altında agronomik performansı da incelenmiştir (Esmailzadeh ve ark., 2004). Toplam 28 genotipin incelendiği çalışmada 14 adet İran çeşidinin fenotipik gözlemleri İran'da, 14 adet CIMMYT'den gelen çeşidin fenotipik verileri ise Meksika'da alınmıştır. On AFLP primer çifti ile 28 çeşidin moleküler taramalarından 335 polimorfik bant tespit edilmiştir. İran'dan alınan materyalin AFLP markörleri ile yapılan genetik çeşitlilik analizine göre kuraklığa toleranslı altı genotip belirlenmiştir. CIMMYT'den alınan materyallerde ise agronomik performans ve AFLP markörleri kullanılarak yapılan taramalar sonucunda genetik çeşitlilik bakımından önemli bir farklılık gözlenmemiştir. Çalışmadan elde edilen sonuçlara göre, genotipler ile benzer agronomik performans ve farklı genetik yapının kombine edilerek incelenmesinin ıslah programında kuraklık stresine toleransın geliştirilmesi açısından avantaj oluşturduğu ifade edilmiştir.

Golabadi ve ark. (2011), mikrosatellit markörlerini kullanarak kantitatif karakter lokuslarını; bin dane ağırlığı, başaktaki dane ağırlığı, başaktaki dane sayısı, m²'deki başak sayısı, başak ağırlığı, başak hasat indeksi ve hasat indeksi gibi verim içerikleriyle ilişkilendirmişlerdir. Çalışmada kuraklığa dayanıklı Oste-Gata arasındaki melezlemelerden üretilen 151 bireyden oluşan F3 ve F4 hat populasyonları ve kuraklığa hassas Massara-1 durum buğdayları kullanılmıştır. Ekmeklik buğdayda A ve B genomlarında belirtilen iki yüz mikrosatellit markör parental polimorfizm analizlerinde kullanılmış ve 30 polimorfik SSR markörü F2:3 ailesinin 151 bireyinde denenmiştir. QTL analizlerinde tek markör regresyon analizi (SMA) ve birleşik aralık haritalaması

(CIM) kullanılmıştır. SMA sonuçlarına göre yaklaşık % 20 fenotipik varyasyon saptanmış, hasat indeksi ve bin dane ağırlığının Xcfd 22-7B ve Xcfa 2114-6A markörleri ile bağlantılı olduğu belirlenmiştir. Benzer şekilde, Xgwm 181-3B, Xwmc 405-7B, Xgwm148-3B ve Xwmc 166-7B markörünün başak hasat indeksi ve başaktaki dane ağırlığı ile bağlantılı olduğu saptanmıştır. İncelenen tüm özellikler ile bağlantılı toplam 20 adet minör ve majör QTL belirlenmiştir. QTL haritası 10 markör ile ilişkilendirilmiştir. Sabit ve sabit olmayan kuraklık stresi altında, QTL' nin % 49,5 oranıyla fenotipik varyasyonla açıklanabileceği ortaya konmuştur (Golabadi ve ark., 2011).

Shaha ve ark. (2009), hekzaploid ve kuraklığa toleranslı 53 buğday genotipi arasında moleküler markörlere dayalı tanımlama çalışması yapmışlar ve bu amaçla moleküler taramalar için farklı RAPD primerleri kullanmışlardır. İncelenen genotipler arasında en yüksek amplifikasyon değerini OpG-2 primeri göstermiştir. Üç set materyal arasındaki genetik uzaklık ve benzerlik katsayısı UPGMA (Unweighted Pair Group of Arithmetic Means) fonksiyonu kullanılarak hesaplanmıştır. İncelenen genotipler ve elit Pakistan ekmeklik buğday çeşitleriyle kıyaslandığında Ulusal Tarım Araştırma Merkezi (NARC) bünyesinde geliştirilen genotipler % 69,70 ile çok daha yüksek polimorfizm göstermiştir. Çalışmada kullanılan genotiplerden NARC'a ait olanlar arasında kuraklığa toleranslılık bakımından yüksek oranda varyasyon bulunduğu tespit edilmiştir.

Rashed ve ark. (2010) DNA markörlerini kullandıkları çalışmalarında, kuraklık şartlarında yetiştirilen 20 ekmeklik buğday çeşidi arasından kuraklığa en dayanıklı (Sahel 1 çeşidi) ve hassas olan (hat 13) genotipleri kuraklık duyarlılık indeksine göre seçmişler, kuraklık stresine karşı zıt özellik gösteren bu iki çeşidin melezlenmesiyle elde edilen F1 bitkilerinin kendilenmesi sonucu F2 bitkilerini elde etmişlerdir. Seçilen iki anaç çeşit ve bunların F1 ile F2 bitkileri kuraklıkla ilişkili özellikleri bakımından değerlendirilmiş, her iki gruptan (F1 ve F2) 5'er bitki 9 adet RAPD primeri ile taranarak buğdayda kuraklıkla ilişkili markörlere dayalı moleküler karakterizasyon gerçekleştirilmiştir. Sonuçlara göre 4 pozitif ve 2 negatif RAPD markörünün ekmeklik buğdayda kuraklık çalışmaları açısından güvenilir bir şekilde kullanılabileceği belirtilmiştir. Ayrıca, elde edilen sonuç ve bulgular Nachit ve ark. (2000) tarafından yapılan buğdayda moleküler markörler aracılığı ile tane verimi, verim içerikleri ile

fizyolojik stres özelliklerinin incelenmesi çalışmasındaki moleküler markörlerin kullanımı ile ilgili sonuçlar bakımından birbirlerini desteklemektedir. Yapılan çok sayıda çalışmada moleküler ıslah aracılığı ile abiyotik strese toleranslı bitkilerin markör destekli seleksiyonu çalışmaları için bu özelliklerle ilgili potansiyel markörlerin kullanılabileceği ifade edilmiştir. Çeltik (Naqvi ve ark., 1995; makarnalık buğday (Penner ve ark., 1996; mısır (Abdel-Tawab ve ark., 1998) ve ekmeklik buğday (Penner ve ark., 1996) gibi pek çok bitki için markör destekli seleksiyonda moleküler markörler ile çalışılmıştır.

Faheem ve ark. (2015), SSR markörlerini kullanarak kuraklığa tolerans bakımından D genom temelli genetik çeşitlilik araştırması yapmışlardır. Toplam 23 SSR markörü kullandıkları çalışmalarında Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) değerlerini ortaya koymuş ve genetik küme analizi oluşturmuşlardır. Sonuç olarak elde ettikleri veriler, çalışmada kullanılan genotiplerin özellikle yarı kurak ve kurak çevre şartları için buğday ıslah programlarında kullanılabilmesi ve SSR markörlerinin bu amaçla kullanılabileceğinin gösterilmesi bakımından bilgi verici olmuştur.

Buğdayda çimlenme özellikleri ve moleküler analizlere dayalı olarak kuraklık ve sıcaklık toleransının değerlendirildiği bir çalışmada (El-Rawy ve Youssef, 2014), 14 buğday hattı arasında kuraklık ve sıcaklık toleransının değerlendirilmesi açısından deneylerde polietilen glikol ve hücre zarı stabilitesi (HYS) kullanmışlardır. İncelenen tüm fide özellikleri için önemli bir varyasyon olduğu gözlenmiştir. Test edilen karakterler arasında, farklı seviyelerde kalıtım ve genetik ilerleme olduğu bulunmuş ve karakterin eklemeli veya eklemesiz gen etkisiyle kontrol edilip edilmediği belirlenmiştir. Kuraklık, kök ve sürgün boylarında önemli bir düşüşe neden olurken, kuraklık stresi altındaki kök ve sürgün çapında artış gözlenmiştir. Kuraklık koşulları altında, kök boyu kuraklığa duyarlılık indeksi (KDI) ile önemli ölçüde negatif korelasyon göstermiştir. Fide özelliklerine göre kümeleme analizi KDI ve HYS ağırlıklı hatlara ayrılmıştır. Bazı hatlar düşük KDI ve yüksek HYS altında kuraklık ve sıcaklık toleransı göstermişlerdir. Moleküler taramalara göre dizi ilişkili çoğaltılmış polimorfizm (SRAP) markörlerinden toplam 135 bant çoğaltılmış, test edilen 30 hat arasında % 86 oranında polimorfizm görülmüştür. SRAP markörleri kümeleme analizinde buğday genotipleri arasında etkili bir ayırım göstermiştir. Tüm yüksek DSI hatları bir alt küme

oluşturmuş, SRAP markörleri sırasıyla yüksek ve düşük KDI'lı hatlar için 10 ve 3 adet spesifik bant oluşturmuştur. Bu sonuçların ve bant büyüklüklerinin ileride yapılabilecek kuraklık toleransı ile ilgili çalışmalarda SRAP markörlerinin başarılı bir şekilde kullanılabilceği bildirilmiştir (El-Rawy ve Youssef, 2014).

Farklı bir araştırmada, kuraklık ve sıcaklığa direncin geliştirilmesi çalışmalarında, yerel buğday genotiplerinin ıslah programlarına dahil edilmesinin önemli olduğu ve moleküler markörlerin her genotipin haplotipini belirlemede kullanılabilceği bildirilmiştir (Quarrie ve ark., 2003). Fenotipteki varyasyonla ilişkili markör ile allelik varyasyon ilişkilendirme testi yapılarak, stres direnci geliştirilmiş karakterlerin etiketlenmesi mümkündür, böylece bu yeni çeşitler daha verimli şekilde ıslah programlarına dahil edilmiş olur. Quarrie ve ark. (2003) çalışmalarında, kuraklığa dayanıklılık dahil olmak üzere çok sayıda özellik bakımından fenotipik olarak gözlenmiş 96 katılımlı geniş bir buğday genetik kaynağı kullanmışlardır. Çalışmada allelik varyasyonları, fenotipik varyasyonla ilişkilendirmek için 47 mikrosatellit (SSR) markörü belirlenmiştir. Önemli allel ilişkilendirmeleri, çiçeklenme zamanı ve sap uzunluğu, fotoperiyot (*Ppd*), vernalizasyon (*Vrn*) ve temel cücelik geni (*Rht-D1*) ile lokus yakınlığı olan SSR markörleri ile tanımlanmıştır. Kromozom 6D'de bulunan çiçeklenme zamanı psp32300 SSR markörü ile de yüksek derecede ilişkilendirilmiştir. Genotiplerin alt grubunda ise 6AL kromozomu üzerindeki psp 3071 markörü, Güneydoğu Sırbistan'da kuraklık altındaki verim denemelerinde önemli derecede ilişki göstermiştir. Bu şartlar altında verimle en çok ilişkilendirilen bileşen tane ağırlığı olmuştur. Çalışma sonucunda kuraklığa direncin geliştirilmesi hedefli ıslah programlarında, bu markörlerin anaç genotiplerinin belirlenmesinde ve markör destekli seleksiyonda güvenilir şekilde kullanılabilceği bildirilmiştir.

Kuraklık toleransının araştırıldığı bir çalışmada, 1960'larda Hindistan'da yetiştirilen kuraklığa en toleranslı ekmeklik buğday çeşidi olan 'C306' kullanılmıştır. Kumar ve ark.(2012) yaptıkları bu çalışmada, çeşitler arası haritalama popülasyonu oluşturmak amacıyla rekombinant kendilenmiş hatları 'C306' ile melezlemiş, 9 adet 'HUW206' kuraklığa tolerans içerikleri, stres altında fotosistemin potansiyel kuantum etkisi (PS) II (Fv/Fm), klorofil içeriği (Chl), bayrak yaprak sıcaklığı (Lt) ve bitki başına tane verimi (Gyp) bakımından değerlendirmişlerdir. İyi sulama ve su stresi şartları Kansas State

Üniversitesi'nin (USA) sera ve büyüme kabinlerinde sağlanarak birbirinden bağımsız üç deney kurulmuştur. Toplam 560 mikrosatellit markörü kullanılarak tüm genom boyunca aileler arasındaki polimorfizm izlenmiştir. Stres altında düşük bayrak yaprak sıcaklığı için QTL (QLt.ksu-1D)'nin 1D kromozomunun kısa kolunda, Xbarc 272 ve Xgwm 337 markörleri arasında, 3,5 LOD, % 37 fenotipik varyasyonla bulunduğu bildirilmiştir. Stres altında Fv/Fm (QFv/Fm.ksu-3B) ve Chl (QChl.ksu-3B) PS II'nin kuantum etki kontrolü ile klorofil içeriği için QTL, kromozom 3B üzerinde birlikte yerleşmiş, Xbarc 68-Xbarc 101 markörleri arasında her özellik için, % 35-40'luk fenotipik varyasyonla açıklanmıştır. Gyp için QTL (QGyp.ksu-4A), 4A kromozomu üzerinde bulunmuş, 3,2 LOD değeri ve % 16,3 fenotipik varyasyonla açıklanmıştır. QTL'ler, Fv/Fm için kromozom 3A, 6A, 2B, 4B ve 4D'de; Chl için 3A, 6A, 2B ve 4B'de ve Lt için ise 1A, 3A, 6A, 3B ve 5B kromozomlarında gözlenmiştir. Çalışma sonuçlarında belirlenen QTL bölgeleri, C306 çeşidinin kuraklık toleransının genetik mekanizmasını anlamak için bilgi verici olmuş ve tarla denemeleri kullanılarak markör-fenotip bağlantısı açıklanabilmiştir (Kumar ve ark., 2012).

Tomar ve ark. (2016) kuraklık stresi koşullarında morfolojik ve agronomik karakterlerin korelasyon analizini yapmışlar, 31 buğday genotipi arasındaki filogenetik ilişkiyi SSR markörleri aracılığıyla belirlemişlerdir. Çalışma sonucunda SSR markörlerinin buğdayda kuraklık toleransı ile ilgili genetik karakterizasyon çalışmalarında başarılı ve etkin bir şekilde kullanılabilceği bildirilmiştir. Bu tez çalışmasında da incelenen buğday genotiplerinin kuraklığa tolerans bakımından genetik karakterizasyonunun yapılması amacıyla SSR markörleri kullanılmıştır.

Ramya ve ark. (2015) kuraklık ve sıcaklık toleransı için ıslah çalışmalarında kullanılmak üzere 24 modern buğday genotipinin fizyolojik ve genetik karakterizasyon çalışmasını yapmışlardır. Popülasyon analizine göre genotipler 7 ana gruba ayrılmış moleküler taramalar sonucu toleranslı ve hassas gruplar arasında yüksek polimorfizm oranı tespit edilmiştir.

Bitki verimi, çeşitli iklimsel olayların gittikçe artması ve değişim göstermesi sebebiyle azalmakta ve bu durum küresel besin güvenliğini tehdit etmektedir (Mickelbart ve ark., 2015).Yirmi birinci yüzyılda küresel ısınma dolayısıyla artan iklim olaylarının sebep

olduğu tarıma elverişli aranan kalite ve yeterlilikte ekilebilir arazilerin azalmasına rağmen, sürekli artan insan popülasyonunun besin ihtiyacını karşılayacak miktarda üretimin yolları aranmaktadır. Bu değişen iklim olaylarının seller, kuraklık ve aşırı sıcaklıkların normal oluş sıklığında artışa sebep olacağı tahmin edilmektedir (Bailey-Serres ve ark., 2012; Boyer ve ark., 2013; Hirabayashi ve ark., 2013; Pryor ve ark., 2013; Bita ve ark., 2013). Tamamlanmış iklim değişimi ve bitki üretim modellerine etkisi mısır, buğday ve pirinç gibi önemli tahıllarda verimi azaltmaktadır. Bu yüzyıl boyunca bu verim azalmalarının küresel besin üretimi içinde diğer bitkisel ürünlerde de dallanması beklenmektedir (Rosenzweig ve ark., 2014; Lizumi ve ark., 2013).

2015-2016 yılı verilerine göre Türkiye 19,5 milyon tonluk üretimle dünya buğday üretiminde dokuzuncu sırada yer almaktadır. Dünya üretiminde önemli bir yere sahip olan Türkiye de küresel iklim değişimlerinin etkisi ile artan yüksek sıcaklık ve azalan yağışların sebep olduğu kuraklık riski altındadır. Kuraklığın mevcut etkilerinin azaltılması yani tarımsal anlamda tarlada ekilmiş olan bitkinin gelişme dönemlerinde köklerinden alabildiği su miktarını arttırmak adına etkin sulama stratejilerinin geliştirilmesi gerekmektedir; ancak, mevcut su kaynaklarının limitli olması ile küresel iklim değişimlerinin sebep olduğu yağış azalmaları nedeniyle mevcut olan su rezervlerinin de düşmesi beklenmektedir (Tuberosa, 2012; Turner ve ark., 2014; Öztürk, 2015).

Markör teknolojileri uygulamaları, seleksiyonda karışıklığa sebep olan çevre etkilerini elimine etmekte, bunun yanında bitkinin gelişim evresine bağlı kalmaksızın seleksiyon yapılabilmesine imkan sağlamaktadır. Bu konuda kullanılan moleküler markörler arasından en dikkat çekenleri dizi temelli DNA markörleridir (Mwadingeni ve ark., 2016).

Bu tez çalışmasında moleküler taramalarda farklı araştırmacılar tarafından geliştirilen kuraklığa tolerans ile bağlantılı basit dizi tekrarları (SSR) kullanılmıştır. SSR markörleri kullanarak çalışmada incelenen ekmeklik buğday çeşit ve hatlarının kuraklığa tolerans bakımından genetik karakterizasyonu yapılmıştır.

3. MATERYAL VE METOT

3.1. Bitki Materyali

Bu çalışmada materyal olarak, kuraklığa toleransla ilgili fizyolojik testler sonucu öne çıkan 9 adet tescilli ekmeklik buğday çeşidi ile Eskişehir Geçit Kuşağı Tarımsal Araştırma Enstitüsünde (GKTAE) geliştirilmiş 10 adet ekmeklik buğday hattı kullanılmıştır (Çizelge 3.1). Kontrol çeşit olarak kuraklığa oldukça toleranslı olduğu bilinen Gerek 79 çeşidi ile hassas Sultan 95 çeşidi kullanılmıştır.

Çizelge 3.1. Araştırmada kullanılan ekmeklik buğday çeşit ve hatları

No	Geliştiren Kurum	Çeşit/ Hat Adı	Fizyolojik Açından Önemli Parametre
1	GKTAE	HAYMANA79/ALTAY2000	Tane Doldurma
2	GKTAE	GRK/CTY//MESA/3/RL6043/4*NAC/4/MNCH	Erken Kapatma, Oransal Su İçeriği
3	GKTAE	T 98-9//VORONA/HD2402	Erken Kapatma, Oransal Su İçeriği
4	GKTAE	ATTILA//AGRI/NAC/3/ESKINA-8	Erken Kapatma, Oransal Su İçeriği
5	GKTAE	SMZ01/BEZ1	Bitki Örtüsü Sıcaklığı, Oransal Su İçeriği
6	GKTAE	PASTOR/DEMIR2000//MUFITBEY	Yeşil Kalma Süresi
7	GKTAE	TRK13 RESEL//TRAP#1/BOW/4/EKG15//TAST/SPRW/3/2*ID800994.W/VEE/5/SOYER02	Biyokütle, Metrekarede Tane
8	GKTAE	CALIBASAN/MUFITBEY	Biyokütle, Metrekarede Tane
9	GKTAE	PM ME1 IRR_S-5/2*YAKAR99	Biyokütle, Metrekarede Tane
10	GKTAE	PM ME1 IRR_S-32//TMP64/YY305/3/MUFITBEY	Yeşil Kalma Süresi
11	BDUTAE	KARAHAN	Biyokütle, Erken Kapatma
12	GKTAE	SÖNMEZ 2001	Erkencilik, Biyokütle
13	TTAE	KATE-1	Erkencilik, Membran Stabilitesi
14	GKTAE	ALTAY 2000	Biyokütle, Sap Özelliği
15	TARM	BAYRAKTAR	Erkencilik, Biyokütle
16	GKTAE	HARMANKAYA 99	Yüksek Klorofil Oranı
17	GKTAE	İZGİ 2001	Biyokütle, Erken Kapatma, Erkencilik
18	GKTAE	GEREK 79	Yüksek Kardeşlenme Kapasitesi, Erkencilik
19	GKTAE	SULTAN 95	

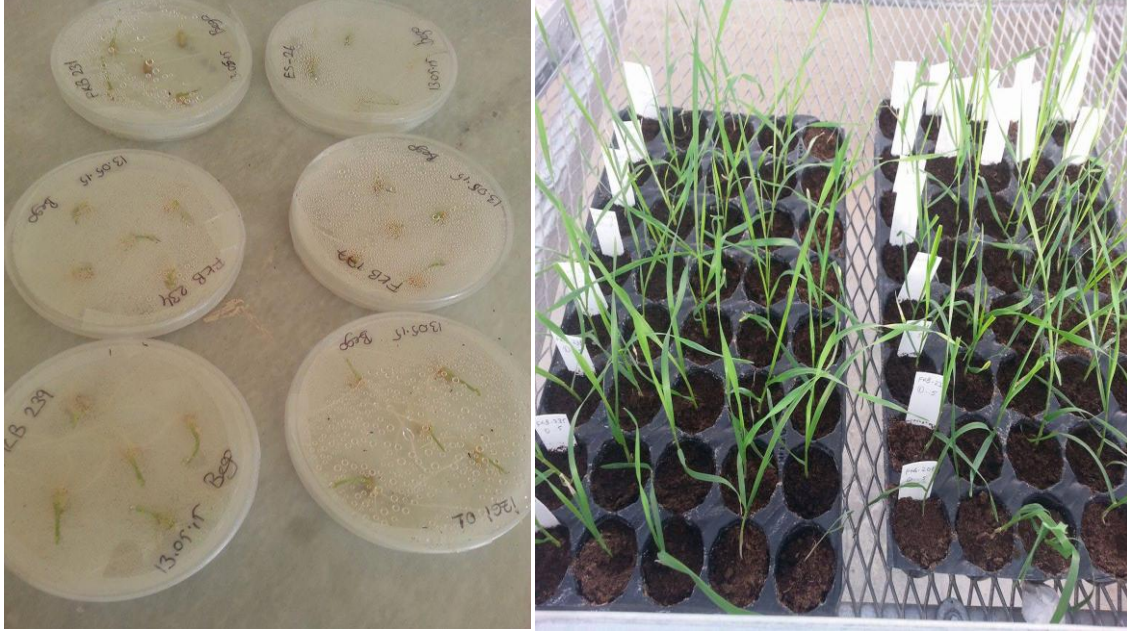
GKTAE: Eskişehir Geçit Kuşağı Tarımsal Araştırma Enstitüsü

BDUTAE: Bahri Dağdaş Uluslararası Tarımsal Araştırma Enstitüsü

TTAE: Trakya Tarımsal Araştırma Enstitüsü

TARM: Ankara Tarla Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsü

Buğday tohumları petrilere çimlendirilerek iki yapraklı döneme gelen bitkiler viyollere şaşırtılmıştır (Şekil 3.1). DNA izolasyonu için uygun büyüklükteki en genç yapraklardan örnekler alınmış ve DNA ekstraksiyonu gerçekleştirilmiştir.



Şekil 3.1. DNA izolasyonundan kullanılan buğday örnekleri

Çalışmada incelenen buğday genotiplerinin DNA markörleriyle genetik karakterizasyonu her bir çeşitte üç farklı bitkide üç tekerrürlü olarak yapılmıştır.

3.2. DNA İzolasyonu

İki-üç yapraklı döneme gelen çeşitlerden alınan yaprak örneklerinde DNA izolasyonu yapılmıştır. Bazı değişikliklerle standardize edilerek modifiye edilen DNA ekstraksiyon metodu aşağıda verilmiştir (Doyle ve Doyle, 1990).

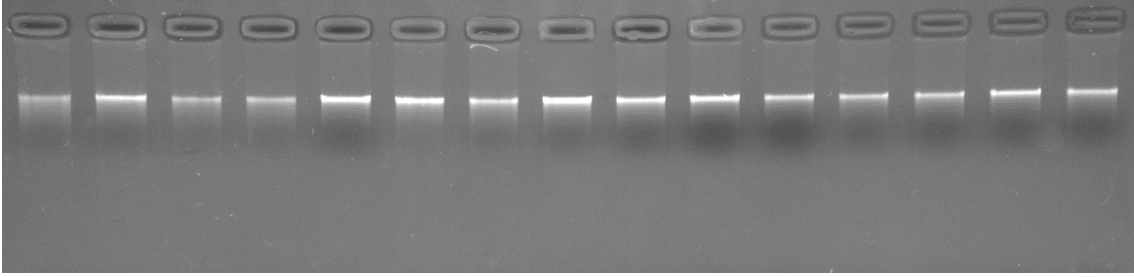
a) 1,5 cm boyundaki (100 mg) buğday yaprağı likit nitrojen içinde öğütülür ve üzerine 500 µL buffer ilave edilir.

* 100 ml buffer hazırlamak için;

- 65 ml ddH₂O,
- 10 ml 1 M Tris (pH: 7.5),
- 14 ml 5 M NaCl

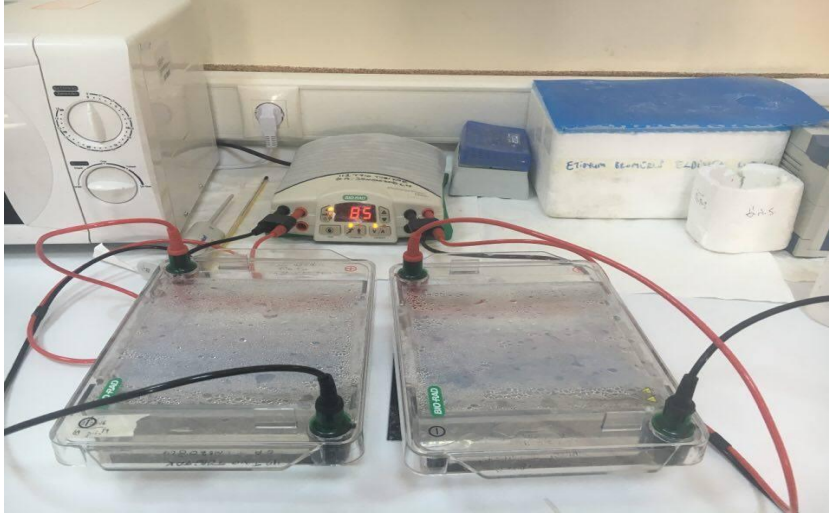
- 10 ml 0,5 M EDTA (pH: 8.0) karıştırılarak 65 °C'de ısıtılır.
 - 1 gr CTAB ile
 - 1 ml 14 M Beta Merkaptto Etanol (BME) eklenir.
- b) Bir ünite Proteinase K eklendikten sonra (bir ünite 20 µl) vortekste karıştırılır.
- c) 40 µl % 20 SDS (veya 80 µl % 10 SDS) eklenerek 65 °C'de su banyosunda 1 saat tutulur ve ara sıra alt üst ederek karıştırılır.
- d) Su banyosundan çıkarılan tüplere 2 / 3 hacim (400 µl) kloroform:isoamil alkol (24:1) eklenir. 5-10 dakika alt üst edilerek karıştırılır.
- e) 10.000 g'de 15 dakika santrifüj edilir.
- f) Süpernatant 2 / 3 hacim yani 300 µl 2-propanol içeren yeni bir tüpe alınır. Alt üst edilerek DNA gözle görülür hale getirilir.
- g) 15 dakika 10.000 g'de santrifüj edilir.
- h) Sıvı dökülür. Pelet kuruduktan sonra 500 µl 1 x TE eklenir. Su banyosunda 65 °C'de 2 saat tutulur.
- i) Her bir tüpe 10 mg / ml RNase çözeltisinden 1 µl eklenir. DNA 65 °C'de su banyosunda 1 saat bekletilir.
- j) 400 µl kloroform: isoamil alkol (24:1) eklenir. Tüpler 10-15 dakika alt üst edilerek karıştırılır.
- k) 15 dakika 10.000 g'de santrifüj edilir.
- l) Süpernatant 80 µl 1,2 M NaCl (veya 26 µl 5 M NaCl) içeren yeni bir tüpe alınır ve hafifçe karıştırılır.
- m) Tüplere 800 µl % 96'lık soğuk etil alkol ilave edilir. Alt üst edilip karıştırılarak DNA çökeltilir.
- n) 10.000 g'de 20 dakika santrifüj edilir ve sıvı dökülür.
- o) Pelet 1.200 µl % 70 soğuk etil alkol ile dikkatlice yıkanır. Tüpler ters çevrilmiş halde 2 saat kurutulur.
- p) Kuruyan pelet 100 µl 1 x TE'de çözülür. Sonuçta toplam 20 µg civarında DNA elde edilebilir.

İzole edilen DNA'lar agaroz jelde koşulmuş ve görüntülenmiştir (Şekil 3.2). DNA miktarı yetersiz olan çeşitlerde izolasyon işlemi tekrarlanmıştır.



Şekil 3.2. Agaroz jelde görüntülenmiş DNA'lar

DNA örnekleri 24 ml 5 x TBE, 96 ml ddH₂O, 1,2 gr Agaroz (Sigma, Lot# SLBN6401V) ve 8 µl Etidyum Bromür (10 mg/ml) içeren 120 ml % 1' lik Agaroz jellerde koşulmuştur. DNA ve PZR örneklerinin yürütülmesinde Thermo Scientific EC 1000 XL Power Supply Elektroforez Sistemi, DNA ve PZR ürünlerinin yürütüldüğü jellerin görüntülenmesinde ise BIO-RAD ChemiDOC MP Görüntüleme Sistemi kullanılmıştır (Şekil 3.3 ve 3.4).



Şekil 3.3. Çalışmada kullanılan agaroz jel elektroforezi



Şekil 3.4. UV görüntüleme cihazı

3.3. Polimeraz Zincir Reaksiyonu

Kontrol genotiplere ait DNA'lar, farklı kromozomlara haritalanmış QTL varlığı açısından taranmıştır. Bu amaçla, birçok araştırmacı tarafından haritalanan ve kuraklığa toleranslılık ile bağlantılı olan mikrosatelit (SSR) (Çizelge 3.2), tek nükleotid farklılıkları (SNP) verastgele çoğaltılmış polimorfik DNA (RAPD) markörleri (Çizelge 3.3) kullanılmıştır.

Çizelge 3.2. Taramalarda kullanılan SSR primerlerine ait bilgiler

SSR Primerleri	Kromozom	Primer Dizisi (5'→3')	Genetik Harita Kaynağı
Xgwm 550	1B	F- CCCACAAGAACCTTTGAAGA R- CATTGTGTGTGCAAGGCAC	Somers ve Isaac, 2004
Xwmc 105	6B	F- AATGTCATGCGTGTAGTAGCCA R- AAGCGCACTTAACAGAAGAGGG	Somers ve Isaac, 2004
Xwmc 78	3B	F- AGTAAATCCTCCCTTCGGCTTC R- AGCTTCTTTGCTAGTCCGTTGC	Somers ve Isaac, 2004
Xwmc 304	2A	F- CGATACAAGGAAGACCAGCC R- GGTTTCGTCTGGTTCGCAAGT	Somers ve Isaac, 2004
Xgwm 108	3B	F- CGACAATGGGGTCTTAGCAT R- TGCACACTTAAATTACATCCGC	Röder ve ark., 1998
Xwmc 118	5B	F- AGAATTAGCCCTTGAGTTGGTC R- CTCCATCGCTAAAGATGGTAT	Somers ve Isaac, 2004
Xgwm 99	1A	F- AAGATGGACGTATGCATCACA R- GCCATATTTGATGACGCATA	Röder ve ark., 1998

Çizelge 3.2. Taramalarda kullanılan SSR primerlerine ait bilgiler (devam)

SSR Primerleri	Kromozom	Primer Dizisi (5'→3')	Genetik Harita Kaynağı
Xgwm 357	1A	F- TATGGTCAAAGTTGGACCTCG R- AGGCTGCAGCTCTTCTTCAG	Röder ve ark., 1998
Xgwm 11	1B	F- GGATAGTCAGACAATTCTTGTG R- GTGAATTGTGTCTTGTATGCTTCC	Röder ve ark., 1998
Xgwm 337	1D	F- CCTCTTCCCTCCCTCACTTAGC R- TGCTAACTGGCCTTTGCC	Korzun ve ark., 1997
Xgwm 458	1D	F- AATGGCAATTGGAAGACATAGC R- TTCGCAATGTTGATTGGC	Röder ve ark., 1998
Xpsp 3088	2A	F- GTGGTGTTACTTTGTAGGTTTCTCC R- GGACCATTGGTATGTTTTCTAGTC	Bryan ve ark., 1997
Xgwm 257	2B	F- AGAGTGCATGGTGGGACG R- CCAAGACGATGCTGAAGTCA	Röder ve ark., 1998
Xgwm 484	2D	F- ACATCGCTCTTCACAAACCC R- AGTTCGGTTCATGGCTAGG	Röder ve ark., 1998
Xgwm 155	3A	F- CAATCATTCCCCCTCCC R- AATCATTGGAAATCCATATGCC	Dodig ve ark., 2010
Xgwm 369	3A	F- CTGCAGGCCATGATGATG R- ACCGTGGGTGTTGTGAGC	Dodig ve ark., 2010
Xgwm 389	3B	F- ATCATGTCGATCTCCTTGACG R- TGCCATGCACATTAGCAGAT	Röder ve ark., 1998
Xwmc 56	3B	F- TTCGTCCCCATCCCAGACTAAC R- AGAGATATCGATTCCGGGGTGC	Dodig ve ark., 2010
Xwmc 89	4A	F- ATGTCCACGTGCTAGGGAGGTA R- TTGCCTCCCAAGACGAAATAAC	Somers ve Isaac, 2004
Xgwm 3	3D	F- GCAGCGGCACTGGTACATTT R- AATATCGCATCACTATCCCA	Fu ve ark., 2007
Xgwm 161	3D	F- GATCGAGTGATGGCAGATGG R- TGTGAATTACTTGGACGTGG	Röder ve ark., 1998
Xgwm 165.2	4B	F- TGCAGTGGTCAGATGTTTCC R- CTTTTCTTTCAGATTGCGCC	Korzun ve ark., 1997
Xgwm 192.2	4B	F- GGTTTTCTTTCAGATTGCGC R- CGTTGTCTAATCTTGCCTTGC	Röder ve ark., 1998
Xpsp 3078	4B	F- TTTGCAGCTTGACATATAGGTAG R- AAAAGCGCAAGATGCACCTTG	Bryan ve ark., 1997
Xgwm 603	7A	F-ACAAACGGTGACAATGCAAGGA R-CGCCTCTCTCGTAAGCCTCAAC	Röder ve ark., 1998
Xgwm 186	5A	F- GCAGAGCCTGGTTCAAAAAG R- CGCCTCTAGCGAGAGCTATG	Dodig ve ark., 2010
Xgwm 540	5B	F- TCTCGCTGTGAAATCCTATTTT R- AGGCATGGATAGAGGGGC	Dodig ve ark., 2010
Xwmc 73	5B	F- TTGTGCACCGCACTTACGTCTC R- ACACCCGGTCTCCGATCCTTAG	Somers ve Isaac, 2004
Xgwm 190	5D	F- GTGCTTGTGAGCTATGAGTC R- GTGCCACGTGGTACCTTTG	Röder ve ark., 1998
Xgwm 292	5D	F- TCACCGTGGTCACCGAC R- CCACCGAGCCGATAAATGTAC	Röder ve ark., 1998
Xpsp 3071	6A	F- CGTGCCCTACACCTCCTTTTCTCTC R- TCCGTACATACTCCGGGAGACC	Bryan ve ark., 1997
Xgwm 626	6B	F- GATCTAAAATGTTATTTTCTCTC R- TGACTATCAGCTAAACGTGT	Röder ve ark., 1998
Xgwm 325	6D	F- TTTTCTTCTGTCGTTCTTCCC R- TTTTACGCGTCAACGACG	Korzun ve ark., 1997
Xpsp 3200	6D	F- GTTCTGAAGACATTACGGATG R- GAGAATAGCTGGTTTTGTGG	Bryan ve ark., 1997

Çizelge 3.2. Taramalarda kullanılan SSR primerlerine ait bilgiler (devam)

SSR Primerleri	Kromozom	Primer Dizisi (5'→3')	Genetik Harita Kaynağı
Xwmc 177	2A	F-AGGGCTCTCTTTAATTCTTGCT R-GGTCTATCGTAATCCACCTGTA	Somers ve Isaac, 2004
XPsp 3030	7B	F- GATCGGCTGAGAAAAGAGGC R- TTGTTGACTTGGTCAGTCGG	Bryan ve ark., 1997
Xgwm 295	7D	F- GTGAAGCAGACCCACAACAC R- GACGGCTGCGACGTAGAG	Röder ve ark., 1998
Xpsp 3123	7D	F-AGATTAGATGGCATAAGCAAAGAGC R-GATTAATCACCGCCCTTGGTCC	Bryan ve ark., 1997

F: Forward, R: Reverse

Çizelge 3.3. Kontrol çeşitlerinin moleküler taramalarında kullanılan SNP ve RAPD markörleri

SNP ve RAPD Markörleri	Kromozom	Primer Dizisi (5'→3')	Genetik Harita Kaynağı
P6	1A	TCGGCGGTTC	Huseynova ve Rustamova, 2010
P7	1A	CTGCATCGTG	Huseynova ve Rustamova, 2010
P18F	3B	CCCAACCCAAGTGATAATAATCT	Huseynova ve Rustamova, 2010
P18R	3B	TTGTGCTCTCATGGTACTT	Huseynova ve Rustamova, 2010
P40	3B	ATATGGATTGCCTTGATGCA	Wei ve ark., 2009
P20F	3D	TCGTCCCTCTTCTCGCTCCAT	Huseynova ve Rustamova, 2010
P20R	3D	GCGGTTGCCCCATTAGACATAG	Huseynova ve Rustamova, 2010
P21F	3A	CGGAACCACTCCCTCCATCTC	Huseynova ve Rustamova, 2010
P21R	3A	CGGTTGCCCCATTAGACGTAA	Huseynova ve Rustamova, 2010
P22F	3D	CTGGCACCTCCATTGCCGCT	Huseynova ve Rustamova, 2010
P25F	3A	CTGGCACCTCCATTGCTGCC	Huseynova ve Rustamova, 2010
PRa	3A	AGTACATGAACTCAACGCACAGG ACAAC	Huseynova ve Rustamova, 2010

Polimeraz Zincir Reaksiyonları (PZR), her bir primer için kaynak makalelerinde gösterilen şartlarda yapılmıştır. Her bir reaksiyonda; 250 nM primer, deoksiniükleotidlerin her birinden 0,2 mM, 2 mM MgCl₂ bir ünite *Taq* Polimeraz enzimi ve 50-100 ng kalıp DNA kullanılmıştır.

Bir PZR işlemi; 94 °C’ de 5 dakika ön denatürasyondan sonra; 37 döngüden (cycle) oluşan 94 °C’ de bir dakika denatürasyon, primere bağlı olarak 50 - 60 °C’ de bir dakika bağlanma (yapışma), 72 °C’ de bir dakika uzatma (sentez) basamağını takiben 72 °C’ de beş dakika son uzatma aşamalarından oluşmuştur.

Toplam 45 adet primer (Çizelge 3.2 ve 3.3) ile kontrol çeşitler arasında moleküler taramalar yapılarak en polimorfik olan ve en net görüntü veren 15 adet SSR markörü belirlenmiş ve çalışmada kullanılmıştır. Bu primerlere ait 37 döngüden oluşan PZR koşulları Çizelge 3.4’de verilmiştir.

Çizelge 3.4. Çalışmada kullanılan polimorfik primerlere ait PZR koşulları

Primer	Bağlanma Sıcaklığı	PZR Koşulları
Xgwm 99 Xgwm 389 Xgwm 626	50 °C	Denatürasyon: 94 °C 1dk Bağlanma: 50 °C 1 dk Uzama: 72 °C 1 dk
Xgwm 484	52 °C	Denatürasyon: 94 °C 1dk Bağlanma: 52 °C 1 dk Uzama: 72 °C 1 dk
Xgwm 357 Xpsp 3200	54 °C	Denatürasyon: 94 °C 1dk Bağlanma: 54 °C 1 dk Uzama: 72 °C 1 dk
Xwmc 89 Xgwm 186 Xgwm 337	55 °C	Denatürasyon: 94 °C 1dk Bağlanma: 55 °C 1 dk Uzama: 72 °C 1 dk
Xgwm 118 Xgwm 304	58 °C	Denatürasyon: 94 °C 1dk Bağlanma: 58 °C 1 dk Uzama: 72 °C 1 dk
Xgwm 11 Xgwm 78 Xgwm 603	61 °C	Denatürasyon: 94 °C 1dk Bağlanma: 61 °C 1 dk Uzama: 72 °C 1 dk
Xgwm 108	63 °C	Denatürasyon: 94 °C 1dk Bağlanma: 63 °C 1 dk Uzama: 72 °C 1 dk

Elde edilen PZR ürünleri % 2' lik agaroz jellerde [220 ml % 2'lik agaroz jel; 2,2 gr agaroz (Lonza SeaKem® LE Agarose, 50004), 44 ml 5 x TBE, 176 ml ddH₂O ve 16 µl Etidyum Bromür (10 mg/ml)] veya % 4'lük ultra saf agarose jellerde [120 ml % 4'lük ultra saf agaroz jel; 4,8 gr ultra pure agaroz (Invitrogen Ultra Pure™ Agarose, 16500-100), 24 ml 5 x TBE, 96 ml ddH₂O ve 10 µl Etidyum Bromür (10 mg/ml)] koşulmuştur. PZR işlemi, BIO-RAD C1000 Touch Thermal Cycler kullanılarak gerçekleştirilmiştir (Şekil 3.5).



Şekil 3.5. Çalışmada kullanılan ısı döngüsü cihazı

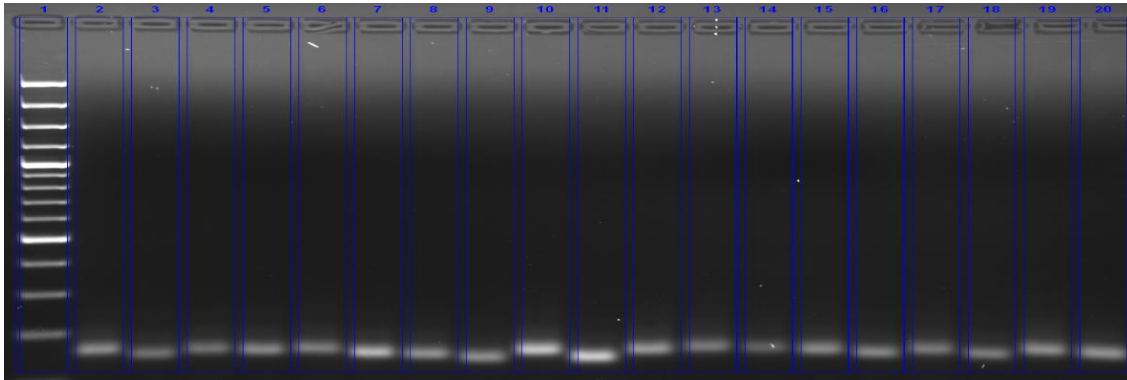
Araştırmada kullanılan ekmeklik buğday genotiplerine ait PZR ürünlerinin tüm jellerde yürütülme sırası Çizelge 3.5'deki gibidüzenlenmiştir.

Çizelge 3.5. PZR ürünlerinin jele yüklenme sırası

Sıra No	Çeşit Adı
1	Ladder
2	Sultan 95*
3	Gerek 79*
4	Karahan
5	Sönmez 2001
6	Kate-1
7	Altay 2000
8	Bayraktar
9	Harmankaya
10	İzgi 2001
11	HAYMANA79/ALTAY2000
12	GRK/CTY//MESA/3/RL6043/4*NAC/4/MNCH
13	T 98-9//VORONA/HD2402
14	ATTILA//AGRI/NAC/3/ESKINA-8
15	SMZ01/BEZ1
16	PASTOR/DEMIR2000//MUFITBEY
17	TRK13 RESEL//TRAP#1/BOW/4/EKG15// TAST/SPRW/3/2*ID800994.W/VEE/5/SOYER02
18	CALIBASAN/MUFITBEY
19	PM ME1 IRR_S-5/2*YAKAR99
20	PM ME1 IRR_S 32//TMP64/YY305/3/MUFITBEY

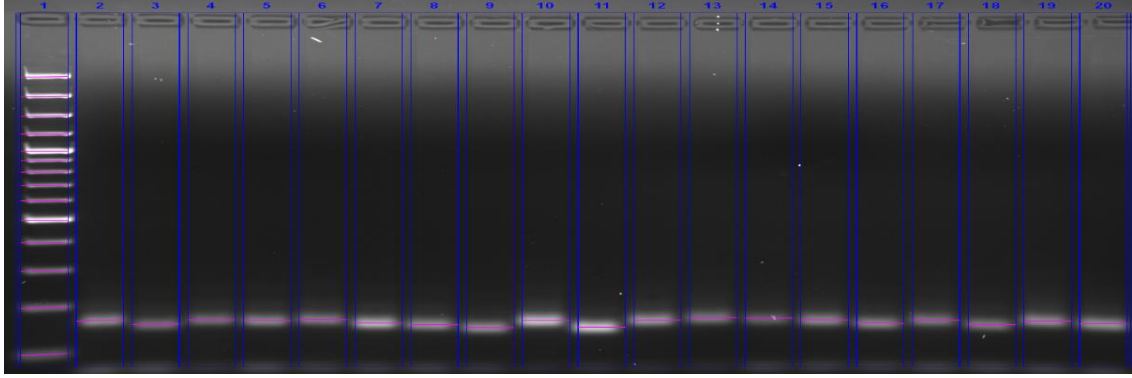
*Kontrol Çeşit

Jel imaj sisteminde görüntülenen jellere ait fotoğraflar Biorad ChemiDoc MP programında açıldıktan sonra kuyucuklar (lane) işaretlenmiştir (Şekil 3.6).



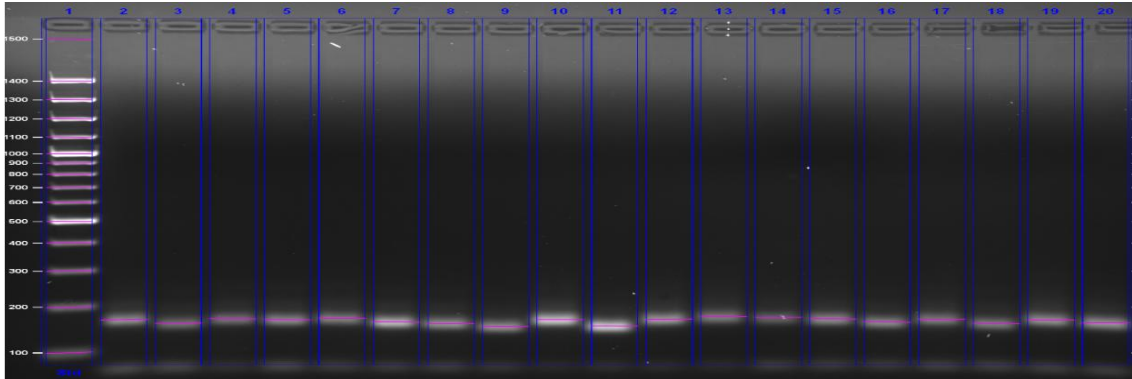
Şekil 3.6. Kuyucukları işaretlenmiş jel fotoğrafı

“Detect bants” imgesi ile bantlar otomatik olarak işaretlenmiştir (Şekil 3.7).



Şekil 3.7. Bantları işaretlenmiş jel fotoğrafı

Ladder'ın baz çifti (bç) bakımından bant büyüklükleri ve bulunduğu kuyucuk numarası girilmiştir (Şekil 3.8). Çalışmada 100 bç ve 50 bçLadder (Thermo Scientific, SM0321 veSM0371) kullanılmıştır.



Şekil 3.8. Ladder'ları işaretlenmiş jel fotoğrafı

Programın “Reports” imgesi kullanılarak bantların gruplandırıldığı tablo kaydedilmiştir (Çizelge 3.6). Bant büyüklüklerinin belirlenmesinde jelden kaynaklanan hataların önüne geçebilmek için bütün jeller ayrıca resimler üzerinde manuel olarak farklı araştırmacılar tarafından gözle de skorlanmıştır. Tüm skorlamalar karşılaştırılarak yanlış okumaların önüne geçilmeye çalışılmıştır. Analizler bant büyüklükleri tüm primerlerin bantlarını içeren tabloya yazıldıktan sonra yapılmıştır. Bant büyüklükleri tabloya yazılırken, polimorfik olup olmamasına bağlı olarak bant yoksa 0 varsa 1 yazılarak matris oluşturulmuştur.

Çizelge 3.6. Program tarafından skorlanan bir jelin bant büyüklükleri

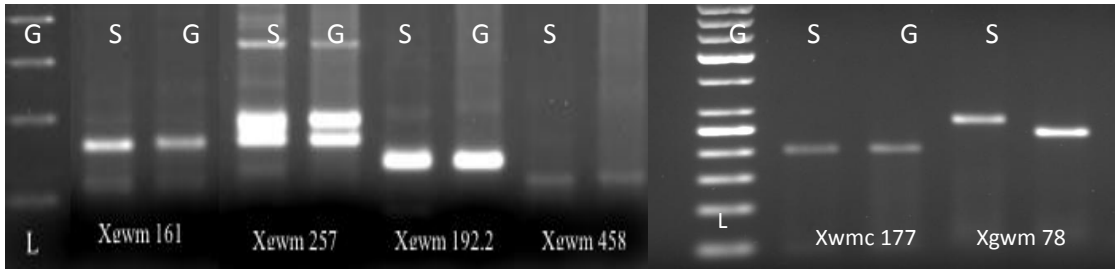
Bant No	Lane 1	Lane 2	Lane 3	Lane 4	Lane 5
	Baz çifti (bç)	Baz çifti (bç)	Baz çifti (bç)	Baz çifti (bç)	Baz çifti (bç)
1	50.0	165	155	165	170
2	100.0				
3	150.0				
4	200.0				
5	250.0				

3.4. Verilerin Değerlendirilmesi

Çalışmada kontrol çeşitler arasında polimorfik olduğu belirlenen 15 adet primerlerin tüm bantlarını içeren tabloya skorlamalar sonucu elde edilen baz çifti birimindeki bant büyüklükleri yazılmıştır. Dendogram tablosu hazırlanırken olan bant büyüklükleri yerine 1, olmayan bant büyüklükleri yerine 0 yazılarak oluşturulan matrisler kullanılmıştır (Nei ve Li, 1979). Genotip analizlerde UPGMA dendogramının oluşturulmasında DendroUPGMA programı (D-UPGMA) kullanılmıştır (Anonim, 2016a). İncelenen genotipler arasındaki genetik benzerlik ve uzaklıklar Jaccard (1908)'ın genetik benzerlik katsayısına göre hesaplanmıştır. Polimorfizm bilgi içeriği (PIC) Botstein ve ark. (1980)'a göre, heterozigotluk değeri (He) ise Liu (1997)'ya göre hesaplanmıştır. PIC ve He değerlerinin hesaplanmasında PICCalc programı kullanılmıştır (Nagy ve ark., 2012, Anonim 2016b).

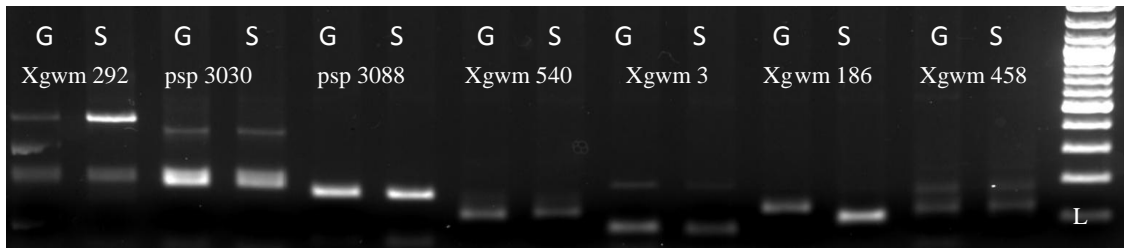
4. BULGULAR ve TARTIŞMA

Çalışmada kullanılan 17 adet ekmeklik buğday genotipi ve iki kontrol çeşit, farklı araştırmalar tarafından geliştirilen ve farklı kromozom bölgelerine haritalanan kuraklık toleransı ile bağlantılı toplam 45 adet SSR, SNP ve RAPD markörleri ile taranmıştır. Bu amaçla 45 adet markör kullanılarak kontrol çeşitler arasında polimorfizm taramaları yapılmıştır (Şekil 4.1 – 4.4). Taramalarda incelenen genotiplerin kuraklığa tolerans bakımından genetik karakterizasyonunun yapılması amacıyla kontrol çeşit olarak kullanılan Gerek 79 ve Sultan 95 arasında en polimorfik özellik gösteren 15 markör (Xgwm 11, Xgwm 78, Xgwm 99, Xgwm 108, Xgwm 118, Xgwm 186, Xgwm 304, Xgwm 337, Xgwm 357, Xgwm 389, Xgwm 484, Xgwm 603, Xgwm 626, Xpsp 3200, Xwmc 89) seçilerek genotiplerin moleküler karakterizasyonunda kullanılmıştır.

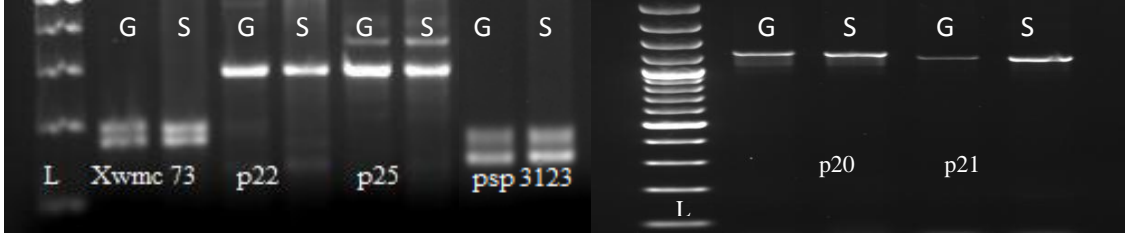


Şekil 4.1. Xgwm 161, Xgwm 257, Xgwm 192.2, Xgwm 458, Xwmc 177 ve Xgwm 78 primeri ile yapılan moleküler taramalar

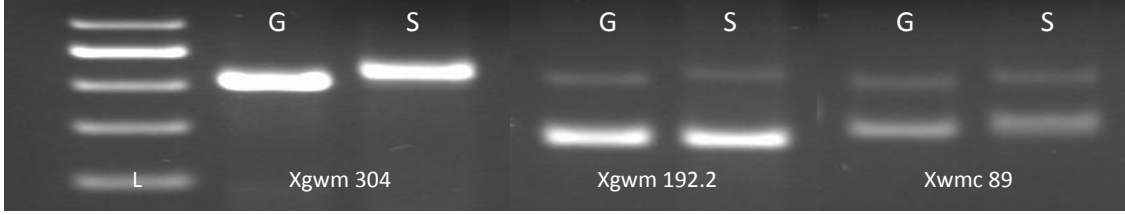
(G: Kuraklığa dayanıklı Gerek 79, S: Kuraklığa hassas Sultan 95 çeşidi)



Şekil 4.2. Xgwm 292, Xpsp 3030, Xpsp 3088, Xgwm 540, Xgwm 3, Xgwm 186 ve Xgwm 458 primerlerine ait polimorfizm taramaları



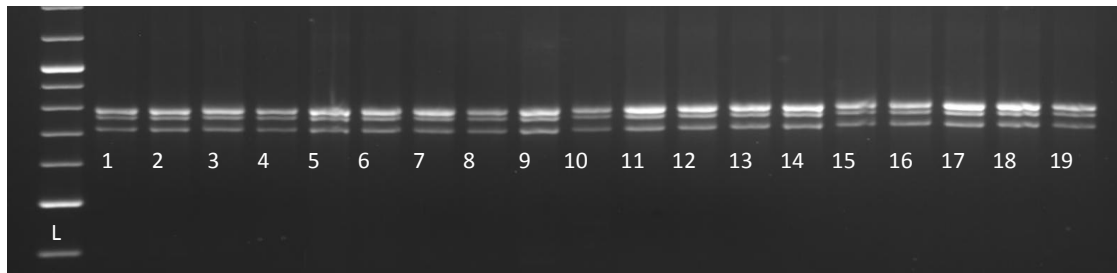
Şekil 4.3. Xwmc 73, P22, P25, Xpsp 3123, P20 ve P21 primerlerine ait taramalar



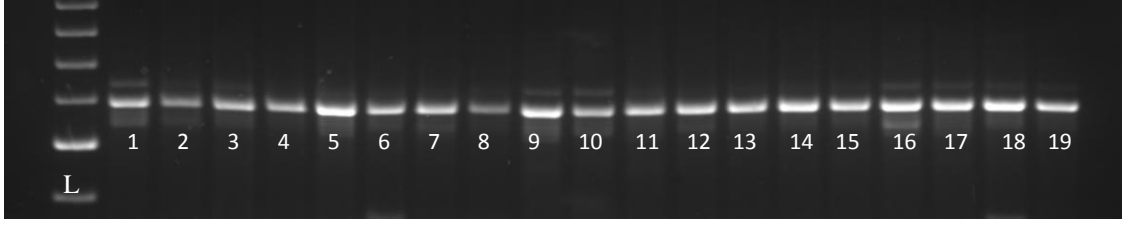
Şekil 4.4. Xgwm 304, Xgwm 192.2 ve Xwmc 89 primerlerine ait jel görüntüsü

Gerek 79 ve Sultan 95 kontrol çeşitleri arasında polimorfizm göstermeyen primerler (Xgwm 3, Xgwm 155, Xgwm 161, Xgwm 465.2, Xwmc 177, Xgwm 190, Xgwm 193.2, Xgwm 257, Xgwm 292, Xgwm 295, Xgwm 325, Xgwm 357, Xgwm 369, Xgwm 458, Xgwm 540, Xgwm550, Xpsp 3030, Xpsp 3088, Xpsp 3123, Xwmc 56, Xwmc 73, Xwmc 105, Xpsp 3071, Xpsp 3078, P6, P7, P18, P20, P21, P22, P25) ekmeklik buğday genotiplerinin kuraklık toleransı açısından yapılan taramalarda kullanılamamıştır. Moleküler taramalarda polimorfizm göstermeyen P18, P22, P25, Xgwm 3 ve Xgwm 540 primerlerine ait jel görüntüleri Şekil 4.5 – 4.9’da verilmiştir.

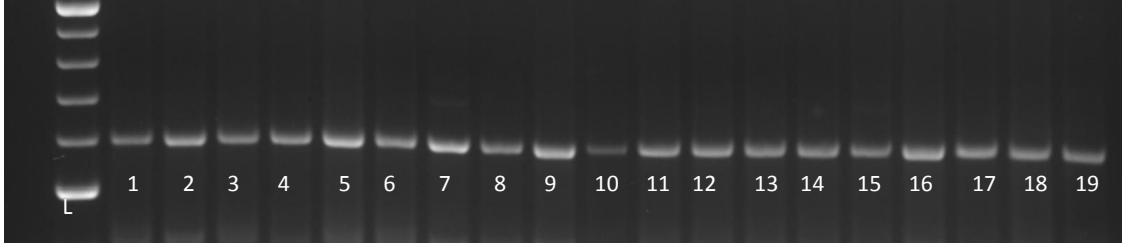
Kontrol çeşitler arası polimorfizm göstermediği belirlenen P18, P22 ve P25 SNP markörlerinin incelenen tüm genotiplerde yapılan moleküler taramalarında da farklı büyüklükte bantlara rastlanmamış, sırasıyla her bir genotipte beklenen bant büyüklüklerine ait bantlar (717, 596 bp) göstermiştir (Şekil 4.5 – 4.7)



Şekil 4.5. Çeşitler arası polimorfizm göstermeyen P18 primerinin agaroz jel görüntüsü

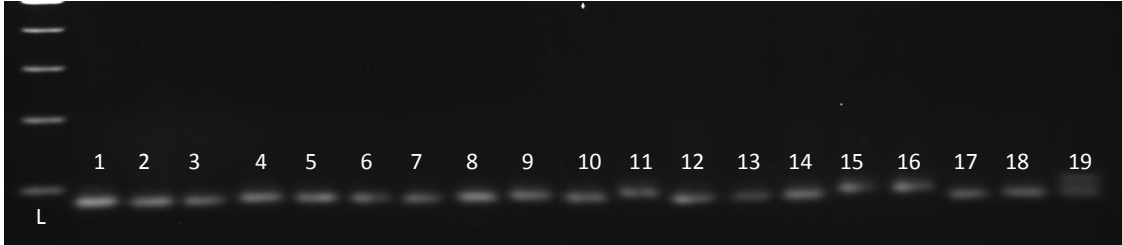


Şekil 4.6. P22 SNP markörüne ait moleküler taramalara ilişkin jel görüntüsü

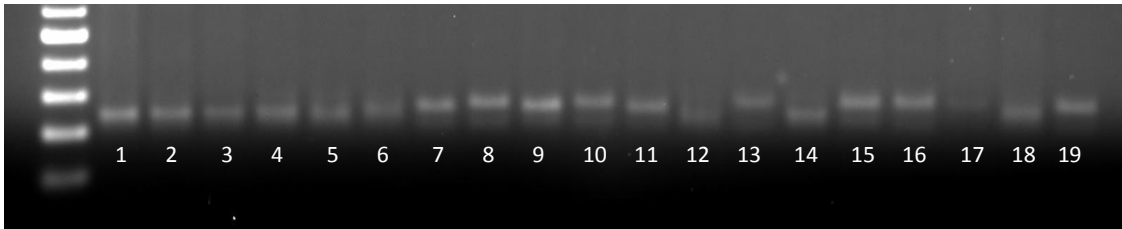


Şekil 4.7. İncelenen genotiplerin P25 primeri ile yapılan moleküler taramaları sonucu polimorfizm gözlenmeyen jel görüntüsü

Xgwm 3 ve Xgwm 540 SSR markörleri bazı çeşitler arasında farklı baz çifti büyüklüklerinde bantlar vermiş olsa da çalışmalarda kullanılan ve kuraklığa tolerans bakımından farklı özellikler gösteren kontrol çeşitler arası polimorfik bulunmadığı için çalışmada kullanılmamıştır (Şekil 4.8 ve 4.9).



Şekil 4.8. Xgwm 3 SSR primeri ile yapılan moleküler taramalara ait jel görüntüsü



Şekil 4.9. Kontrol çeşitler arası polimorfik bulunmayan Xgwm 540 primeri ile genotiplerin taranması

Kontrol çeşitler arasında polimorfizm gösteren ve bu tez çalışmasında incelenen ekmeçlik buğday genotiplerinin moleküler karakterizasyonunda kullanılan 15 adet SSR primerlerinden (Xgwm 11, Xgwm 78, Xgwm 99, Xgwm 108, Xgwm 118, Xgwm 186, Xgwm 304, Xgwm 337, Xgwm 357, Xgwm 389, Xgwm 484, Xgwm 603, Xgwm 626, Xpsp 3200, Xwmc 89) elde edilen PZR ürünlerinin % 2'lik agaroz jelde yürütülmesine ait jel görüntüleri Şekil 4.10 – 4.24'de verilmiştir.

Çalışmada kullanılan 15 adet polimorfik primerin isimleri buldukları kromozom bölgeleri ve baz dizileri Çizelge 4.1'de verilmiştir.

Çizelge 4.1. Moleküler taramalarda kullanılan polimorfik primerler

Primer	Kromozom	Primer Dizisi (5' → 3')
Xgwm 11	1B	F- GGATAGTCAGACAATTCTTGTG R- GTGAATTGTGTCTTGTATGCTTCC
Xgwm 78	3B	F- AGTAAATCCTCCCTTCGGCTTC R- AGCTTCTTTGCTAGTCCGTTGC
Xgwm 99	1A	F- AAGATGGACGTATGCATCACA R- GCCATATTTGATGACGCATA
Xgwm 108	3B	F- CGACAATGGGGTCTTAGCAT R- TGCACACTTAAATTACATCCGC
Xwmc 118	5B	F- AGAATTAGCCCTTGAGTTGGTC R- CTCCCATCGCTAAAGATGGTAT
Xgwm 186	5A	F- GCAGAGCCTGGTTCAAAAAG R- CGCCTCTAGCGAGAGCTATG
Xwmc 304	2A	F- CGATACAAGGAAGACCAGCC R- GGTTCGCTCTGGTTCGCAAGT
Xgwm 337	1D	F- CCTCTTCCCTCCCTCACTTAGC R- TGCTAACTGGCCTTTGCC
Xgwm 389	3B	F- ATCATGTTCGATCTCCTTGACG R- TGCCATGCACATTAGCAGAT
Xgwm 484	2D	F- ACATCGCTCTTCAAAACCC R- AGTTCCGGTCATGGCTAGG
Xgwm 603	7A	F- ACAAACGGTGACAATGCAAGGA R- CGCCTCTCTCGTAAGCCTCAAC
Xgwm 626	6B	F- GATCTAAAATGTTATTTTCTCTC R- TGACTATCAGCTAAACGTGT
Xpsp 3200	6D	F- GTTCTGAAGACATTACGGATG R- GAGAATAGCTGGTTTTGTGG
Xwmc 89	4A	F- ATGTCCACGTGCTAGGGAGGTA R- TTGCCTCCCAAGACGAAATAAC

Genotiplerin polimorfik primerlerle moleküler taramalarına ait PZR ürünlerinin agaroz jellere yüklenme sıraları Çizelge 4.2’de verilmiştir.

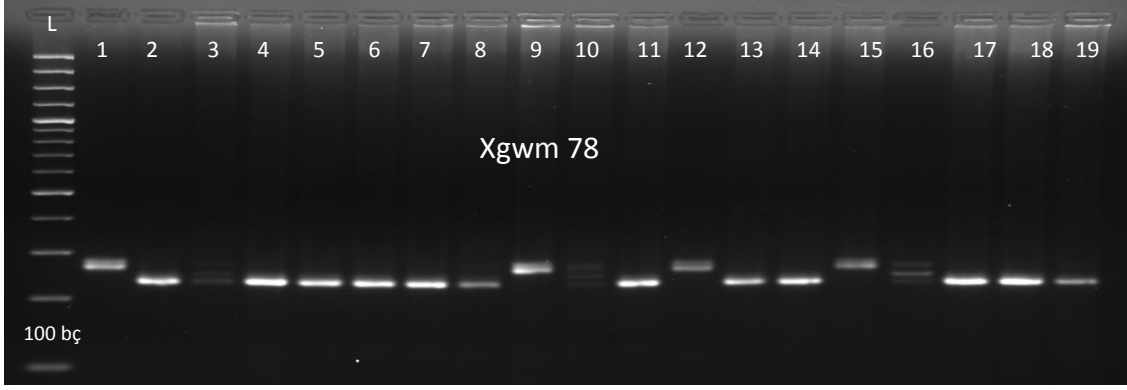
Çizelge 4.2.Genotiplere ait PZR ürünlerinin agaroz jellere yüklenme sırası

Sıra No	Çeşit Adı
1	Sultan 95*
2	Gerek 79*
3	Karahan
4	Sönmez 2001
5	Kate-1
6	Altay 2000
7	Bayraktar
8	Harmankaya
9	İzgi 2001
10	HAYMANA79/ALTAY2000
11	GRK/CTY//MESA/3/RL6043/4*NAC/4/MNCH
12	T 98-9//VORONA/HD2402
13	ATTILA//AGRI/NAC/3/ESKINA-8
14	SMZ01/BEZ1
15	PASTOR/DEMIR2000//MUFITBEY
16	TRK13 RESEL//TRAP#1/BOW/4/EKG15// TAST/SPRW/3/2*ID800994.W/VEE/5/SOYER02
17	CALIBASAN/MUFITBEY
18	PM ME1 IRR_S-5/2*YAKAR99
19	PM ME1 IRR_S 32//TMP64/YY305/3/MUFITBEY

*: Kontrol çeşit

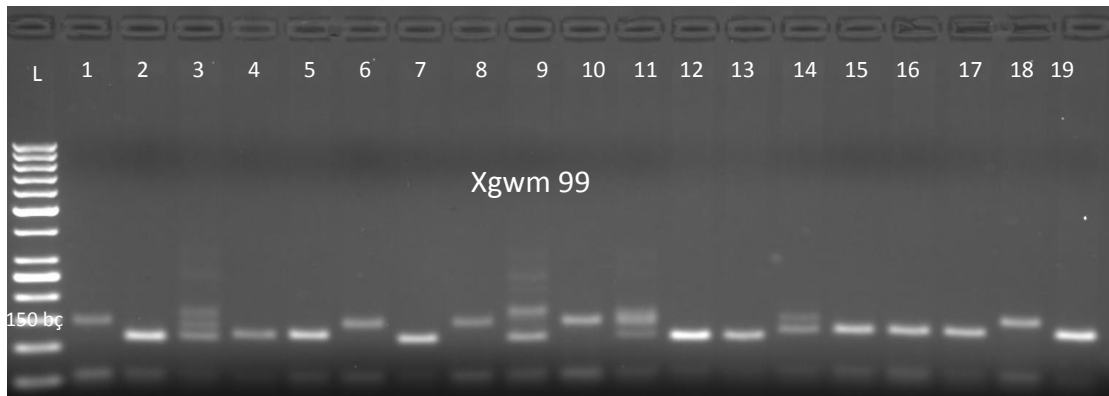
Kontrol çeşitler arasında polimorfizm gösteren Xgwm 78 primeri ile yapılan PZR ürünlerinin % 2’lik agaroz jeldeki görüntülerine göre (Şekil 4.10), 9, 12 ve 15 numaralı genotipler kuraklığa hassas olduğu bilinen Sultan 95 kontrol çeşidi ile benzer büyüklükte ve çift bant profilindebant verirken, 4, 5, 6, 7, 8,11, 13, 14, 17, 18 ve 19

numaralı genotipler kuraklığa toleranslı kontrol çeşit Gerek 79 ile benzer bant büyüklükleri göstermiştir. Ayrıca 3, 10 ve 16 genotipleri agaroz jelde 3'lü bant profili göstermişlerdir. Xgwm 78 ile elde edilen PZR ürünleri 130 ile 175 bp arasında değişen bant profili ile yedi ana gruba ayrılmıştır.



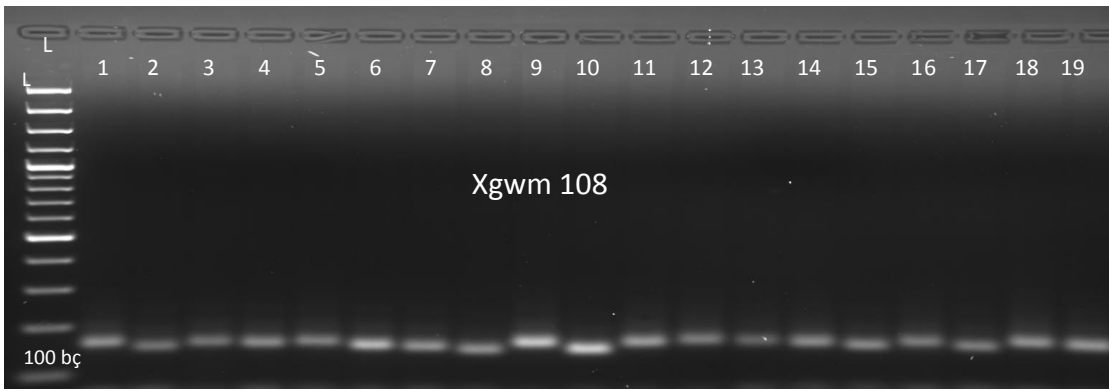
Şekil 4.10. Xgwm 78 primeri ile yapılan moleküler taramalar

Xgwm 99 polimorfik SSR primeri ile yapılan PZR ürünlerine göre 6, 8, 10 ve 18 numaralı çeşit ve hatlar kuraklığa karşı hassas kontrol çeşidi Sultan 95 ile benzer büyüklüklerde bant verirken, 4, 5, 7, 12, 13, 15 ve 19 numaralı genotipler kuraklığa toleranslı Gerek 79 kontrol çeşidi ile benzer bant aralıkları göstermiştir (Şekil 4.11). İncelenen genotiplerden 9, 11 ve 14 genotipleri benzer büyüklüklerde 2'li bant göstermiştir. Xgwm 99 primeri kontrol çeşitler ve incelenen genotipler açısından 120 ile 165 bp arasında değişen bant profili ile altı gruba ayrılmıştır.



Şekil 4.11. Xgwm 99 primerine ait % 2'lik agaroz jel görüntüsü

Xgwm 108 primeri ile yapılan PZR ürünlerinin agaroz jelde yürütülmesi sonucu tüm çeşit ve hatlar 150 ve 170 bç arasında değişen tek bant profili göstermiştir (Şekil 4.12). İncelenen genotiplerden 6, 7, 8, 10, 15 ve 17 numaralı hat ve çeşitler kuraklığa toleranslı kontrol çeşidi Gerek 79 ile benzer bantlar verirken, 9 ve 12 numaralı genotip hariç diğer çeşit ve hatlar (3, 4, 5, 11, 13, 14, 16, 18) Sultan 95 kontrol çeşidi ile benzer büyüklüklerde bant dağılımı göstermiştir. Kontrol çeşitler de dahil olmak üzere bütün genotipler yakın baz çifti aralığında dağılım gösterirken (~10 bç), 9 ve 12 numaralı genotipler bu primer için jelde diğer tüm genotiplere oranla en yüksek baz çifti değerini (170 bç) vermişlerdir.



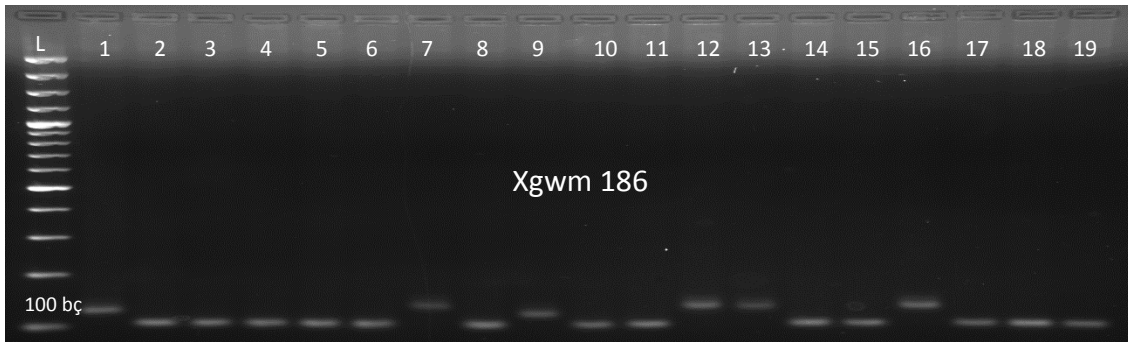
Şekil 4.12. Xgwm 108 primerinin moleküler taramalarına ait jel örneği

Xgwm 118 polimorfik SSR primeri, PZR amplifikasyonu sonucu 110 ve 130 bç arasında değişen bant büyüklükleri göstermiştir (Şekil 4.13). Elde edilen % 2'lik agaroz jel görüntülerine göre, 6, 12 ve 18 nolu genotipler kuraklığa hassas kontrol çeşidi Sultan 95 ile benzer bant profili verirken, diğer buğday çeşit ve hatları kuraklığa toleranslı Gerek 79 çeşidi ile benzer büyüklüklere sahip bant dağılımı göstermiştir.



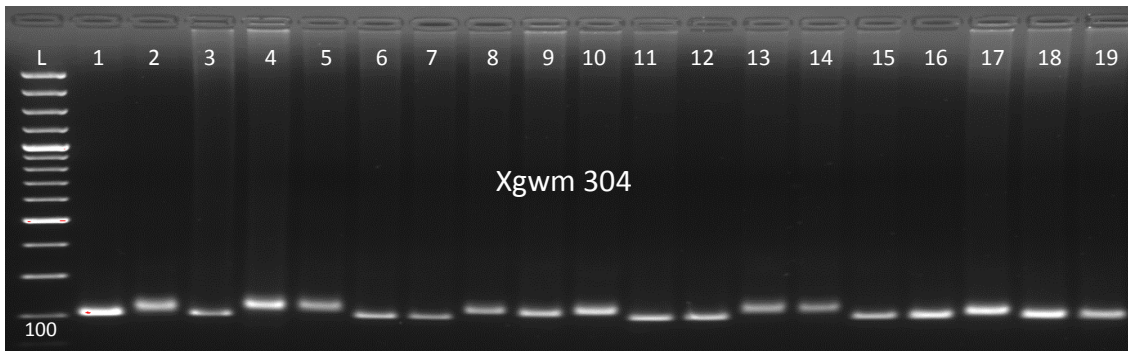
Şekil 4.13. Xgwm 118 primeri ile yapılan moleküler taramalar

Xgwm 186 primeri ile yapılan moleküler taramalarda genotipler tekli bant profiline sahip olup, 3, 4, 5, 6, 8, 10, 11, 17, 18 ve 19 genotipleri kuraklığa toleranslı kontrol çeşidi Gerek 79 ile aynı bant aralıkları göstermiştir (Şekil 4.14). İncelenen ekmeklik buğday çeşit ve hatları arasından 7, 12, 13 ve 16 numaralı genotipler bu primerle yapılan moleküler taramalar için en yüksek baz çifti değerinde (140 bç) bant verirken, hatlar (14, 15) benzer büyüklüklerde (110 bç) bant dağılımı gösterirken, 9 numaralı genotip ise diğerlerinden farklı (125 bç) bir büyüklükte bant göstermiştir. Bu primerle taranan çeşit ve hatlar ile kontrol genotipler 105 ve 140 bç arasında değişen bant profilivermiştir.



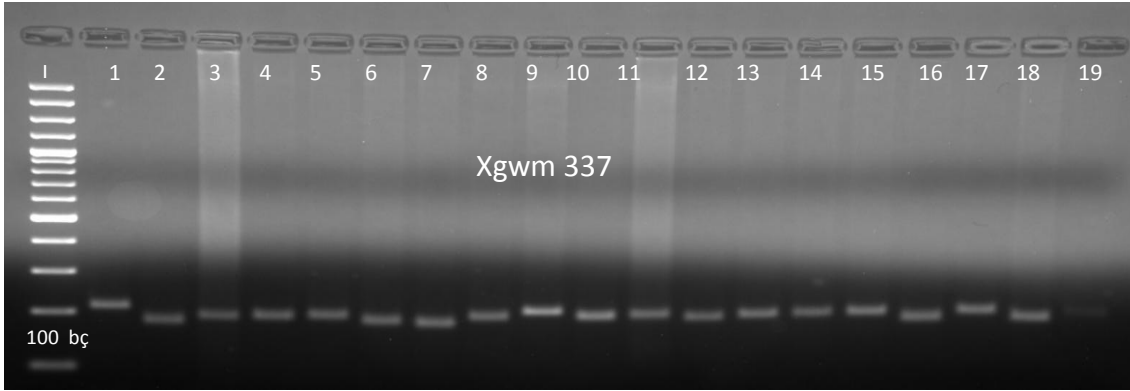
Şekil 4.14 Xgwm 186 primerinin moleküler taramalarına ait agaroz jel görüntüsü

Bir diğer polimorfik SSR primeri olan Xgwm 304 ile yapılan moleküler taramalarda tüm genotipler tekli bant profili göstermiş, elde edilen bant aralığının 200 ile 230 bç arasında dağılım gösterdiği belirlenmiştir (Şekil 4.15). İncelenen çeşit ve hatlardan 3 ve 9 numaralı genotiplerin hassas kontrol çeşidi Sultan 95 ile benzer baz çifti aralıklarında bant profili verdiği, 6, 7, 11, 12, 15, 16, 18 ve 19 genotiplerinin kendi aralarında benzer bant büyüklüğüne sahip oldukları, 8, 13 ve 14 numaralı genotiplerin kuraklığa toleranslı kontrol çeşidi Gerek 79 ile benzer bant aralıklarında dağılım gösterdiği gözlemlenmiştir.



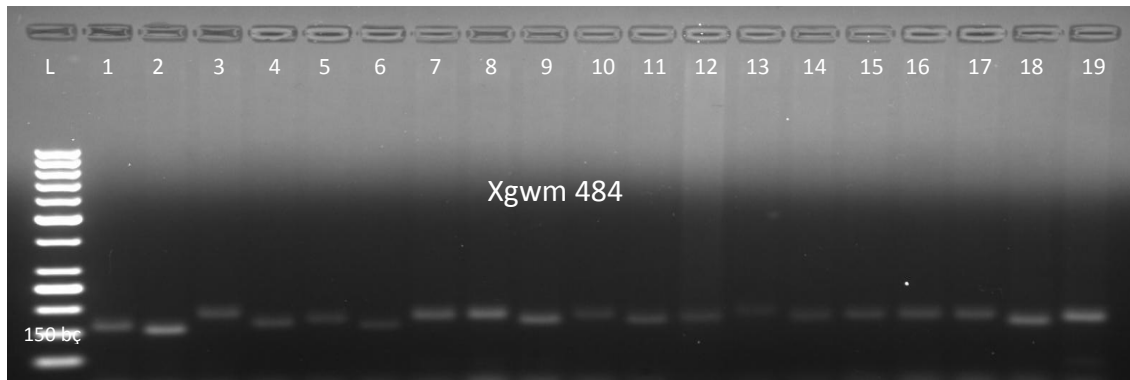
Şekil 4.15. Xgwm 304 primerine ait moleküler taramalar

Xgwm 337 primeri ise tüm genotipler için 180 ile 210 bç arasında değişen geniş aralıklı baz çifti büyüklüklerinde dağılım göstermiştir (Şekil 4.16). Elde edilen PZR ürünlerinin yüklendiği agaroz jel görüntülerine göre 6 ve 7 numaralı genotiplerin kuraklığa toleranslılık bakımından Gerek 79 kontrol çeşidi ile benzer aralıklarda bant dağılımı gösterdiği belirlenmiştir. 9, 13 ve 17 numaralı genotipler Sultan 95 kontrol çeşidi ile benzer büyüklüklerde bant verirken diğer çeşit ve hatlar 180 ve 210 bç arasında değişen bant profilleri göstermişlerdir.



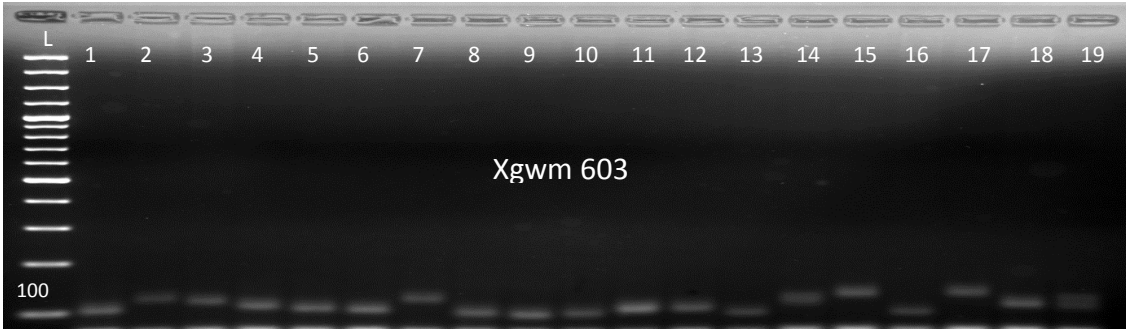
Şekil 4.16. İncelenen ekmeklik buğday genotiplerinin Xgwm 337 primeri ile moleküler karakterizasyonu

Xgwm 484 primeri ile yapılan moleküler taramalara göre tüm genotipler 155 ve 190 bç arasında değişen bant profilleri ile altı ana grupta toplanmıştır. Bu primer için yapılan moleküler taramalara göre incelenen genotipler çeşitli ve değişken büyüklüklerde bant profili göstermiştir (Şekil 4.17). İncelenen çeşit ve hatlardan 4, 6 ve 18 numaralı genotiplerin Sultan 95 kontrol çeşidi ile benzer bant aralığına sahip oldukları belirlenmiştir.



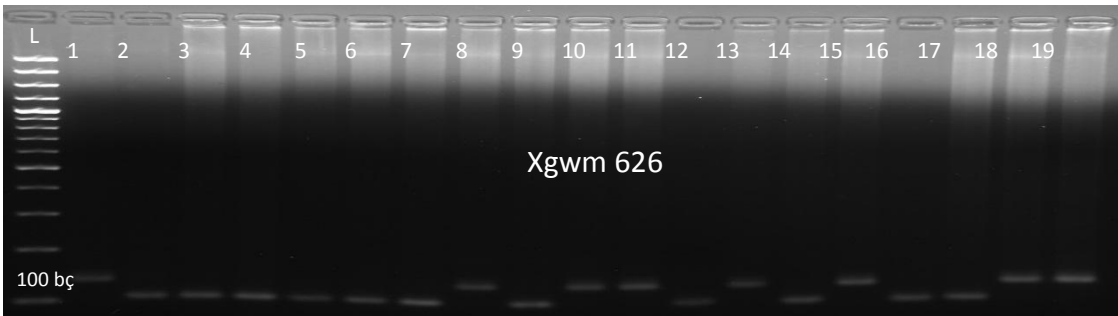
Şekil 4.17. Xgwm 484 primeri ile elde edilen PZR ürünlerinin agaroz jel görüntüsü

Xgwm 603 primeri ile yapılan moleküler taramalarda tüm genotipler tekli bant profili göstermiş, elde edilen bant aralığının 100 ile 130 bç arasında dağılım gösterdiği belirlenmiştir (Şekil 4.18). Çalışmada incelenen çeşit ve hatlardan 5, 6, 11 ve 12 numaralı genotiplerin hassas kontrol çeşidi Sultan 95 ile benzer bant aralıkları gösterirken 3 ve 7 numaralı genotiplerin kuraklığa toleranslı kontrol çeşidi (Gerek 79) ile benzer bant profillerindedağılım gösterdiği tespit edilmiştir. İncelenen ekmeklik buğday genotipleri arasında 15 ve 17 numaralı genotipler bu primer için en yüksek baz çifti değerinde (130 bç) bant verirken, 8, 9, 10, 13, 14 ve 16 numaralı genotipler çalışmada kullanılan bütün moleküler taramalar içinde en düşük baz çifti aralığında (100 bç) bant profili göstermişlerdir.



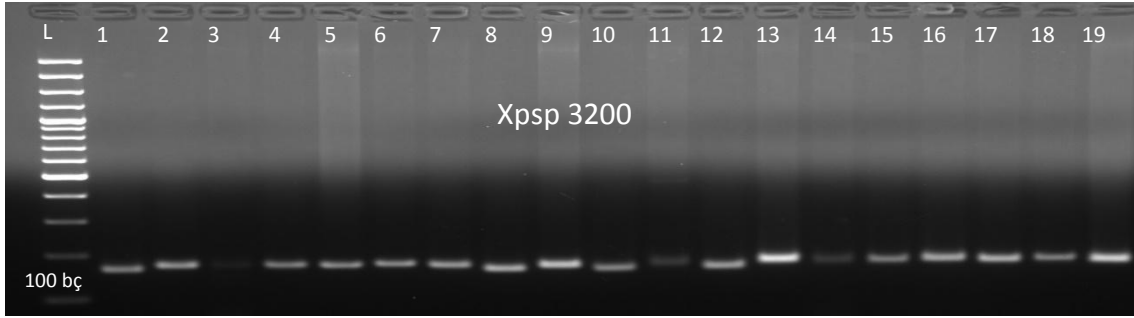
Şekil 4.18. Xgwm 603 primeri ile yapılan moleküler taramalar

Xgwm 626 primeri ile yapılan moleküler taramalarda incelenen tüm genotiplerden 110-140 bç arasında değişen tekli bant profilielde etmiştir (Şekil 4.19). İncelenen genotiplerden, 15, 18 ve 19 numaralı ekmeklik buğday çeşit ve hatları hassas kontrol çeşidi Sultan 95 ile 3, 4, 16 ve 17 çeşit ve hatları ise toleranslı kontrol çeşidi Gerek 79 ile benzer bant desenleri göstermiştir. Bu primer açısından incelenen diğer çeşit ve hatlar % 2'lik agaroz jelde 100 ve 135 bç arasında değişen bant görüntüleri vermiştir.



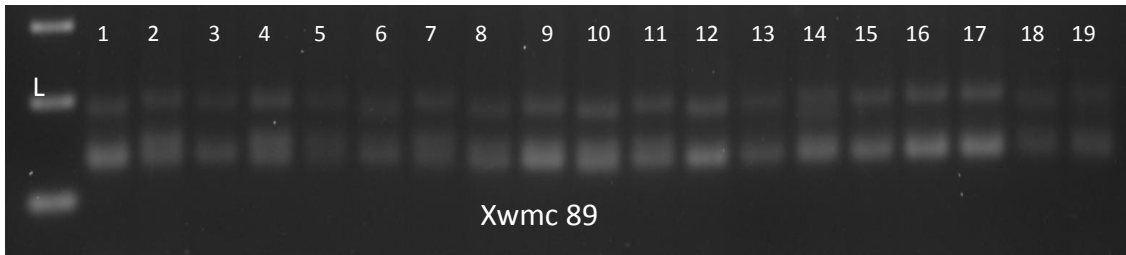
Şekil 4.19. Xgwm 626 primerine ait PZR ürünlerinin moleküler taramaları

Xpsp 3200 primeri ile yapılan moleküler taramalarda 165 ve 195 bç arasında deęişen tekli bant profilleri gözlenmiştir (Şekil 4.20). Çalışmada kullanılan ekmeçlik buęday hat çeşitlerinden 8, 10 ve 12 numaralı genotiplerin kuraklığa tolerans bakımından Sultan 95 kontrol çeşidi ile benzer bant profiline sahip oldukları belirlenmiştir. Bu üç genotipin dışındaki 3, 4, 5, 6, 7, 9 ve 11 genotipleri ise Gerek 79 kontrol çeşidi ile benzerlik göstermiştir. İncelenen dięer genotipler Xpsp 3200 primeri için 190-195 bç arasında deęişen bantlar vermişlerdir.



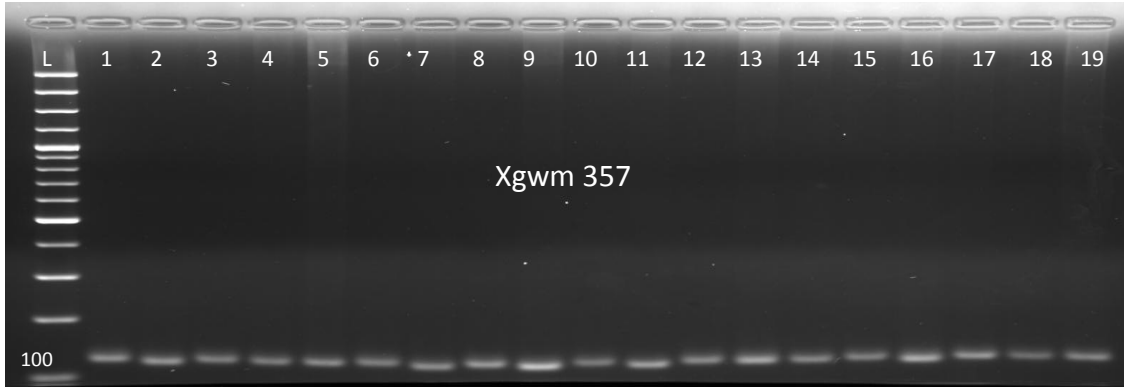
Şekil 4.20. Xpsp 3200 primerinin moleküler taramalarına ait agaroz jel görüntüsü

Genotiplerin Xwmc 89 primeri ile taramalarına ait PZR ürünlerinin yürütüldüğüjel görüntülerinde çift bantprofili gözlenmiştir (Şekil 4.21). Elde edilen bantların yakın baz çifti büyüklüğünden dolayı jeller uzun süreli koşturulmuş, bu nedenle bantlar biraz silikleşse de otomasyon sisteminde net okumalar yapılabilmıştır. Genotiplerin baz çifti dağılımına göre, 3, 6, 12, 13, 15, 16 ve 17 numaralı hat ve çeşitlerin kuraklığa hassas kontrol çeşidi (Sultan 95) ile benzer bant profiline sahip oldukları belirlenmiştir. Otomasyon sisteminde kontrollü olarak yapılan okumalar sonucu 8, 9, 10, 11, 18 ve 19 numaralı genotiplerin kuraklığa toleranslı kontrol çeşidi Gerek 79 ile benzer bant profiligösterdikleri belirlenmiştir. Xwmc 89 primeri, incelenen genotipler bakımından 155 ile 205 bç arasında bant profili ile sekiz gruba ayrılmıştır.



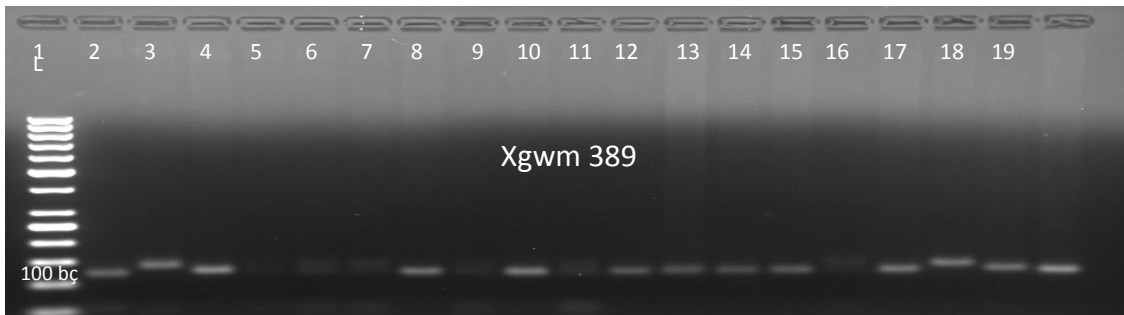
Şekil 4.21. Xwmc 89 primerine ait PZR ürünlerinin yürütüldüğü agaroz jel görüntüsü

Xgwm 357 primeri ile yapılan moleküler taramalar sonucu 120 ve 135 bç arasında dağılım gösteren bant profili elde edilmiştir. Kontrol çeşitler arasında çok küçük baz çifti (5 bç) aralığında bir polimorfizm olduğu görülmüştür. Elde edilen sonuçlara göre 5, 7, 8, 9 ve 11 numaralı genotiplerin kuraklığa toleranslı kontrol çeşidi Gerek 79 ile benzer büyüklükteki baz çifti aralığında bant verdikleri belirlenmiştir. İncelenen 3, 10, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18 ve 19 numaralı genotiplerin ise Sultan 95 ile benzer büyüklükte bant deseni gösterdikleri saptanmıştır.



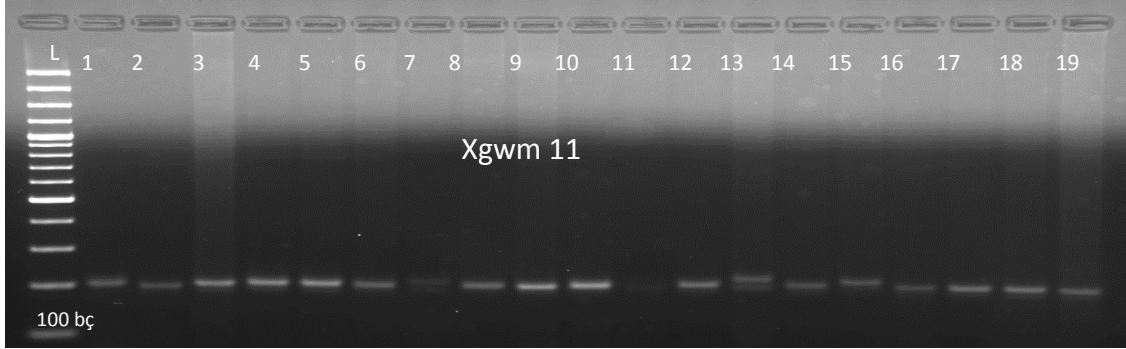
Şekil 4.22. Xgwm 357 primeri ile yapılan moleküler taramalar

İncelenen genotiplerin Xgwm 389 primeri ile yapılan moleküler taramalarına göre 130 ve 145 bç arasında değişen bant profilleri gözlenmiştir (Şekil 4.23). Bu primere göre 17 numaralı genotipe ait bantın kuraklığa toleranslı kontrol çeşidi (Gerek 79) ile benzer büyüklükte olduğu belirlenmiştir. Çalışmada incelenen 3, 7, 9, 11, 12, 13, 14 ve 16 numaralı genotip hassas kontrol çeşidi Sultan 95 ile benzer aralıkta bant verirken, 4, 5, 6, 8, 10 ve 15 nolu genotipler benzer büyüklüklerde çiftli bant profili göstermişlerdir.



Şekil 4.23. Xgwm 389 primerine ait agaroz jel görüntüsü

Genotiplerin Xgwm 11 primeri ile taranmasında elde edilen PZR ürünlerinin agaroz jel görüntülerine göre 180 ve 209 bç aralığında amplifikasyon ürünleri belirlenmiştir (Şekil 4.24). Kontrol çeşitler arasında birbirlerine yakın büyüklükte bant aralığı (5 bç) gözlenirken, 7 ve 15 numaralı genotipler çiftli ve birbirine benzer bantlar vermiş, 13 nolu genotip için de çift bant profili gözlenmiştir.



Şekil 4.24. Buğday genotiplerinin Xgwm 11 primeri ile moleküler taramaları

Her bir primerden elde edilen bant büyüklüklerinin tespiti için UV transilatör sisteminde görüntülenen jeller Biorad ChemiDoc MP programında skorlanmıştır. Çalışmadaki moleküler taramalar üç tekerrürlü olarak yapılmıştır. İncelenen 19 adet buğday genotipi için her bir primerden elde edilen ve okumalar sonucu belirlenen bant büyüklüklerine ait 100-230 bç arasındaki baz çifti dağılımları Çizelge 4.3'te verilmiştir. Kullanılan SSR markörleri ile yapılan moleküler taramalar sonucu her bir primerden elde edilen allel sayısı, majör allel sayısı, belirlenen bant aralıkları, heterozigotluk değerleri (He) ve polimorfizm bilgi içerikleri (PIC) de Çizelge 4.3'de verilmiştir.

Çizelge 4.3. Ekmeklik buğday genotiplerinin 15 adet SSR primerleri ile amplifikasyonu sonucu elde edilen majör allel frekansı, allel sayısı, allel aralığı, He ve PIC değerleri

Primer Adı	Majör Allel Frekansı	Allel Sayısı	Allel Aralıkları (bç)	Heterezigotluk (He) Değeri	PIC Değeri
Xgwm 11	0,23	8	180 - 209	0,84	0,82
Xgwm 78	0,31	7	130 - 175	0,81	0,79
Xgwm 99	0,29	6	120 - 165	0,78	0,75
Xgwm 108	0,47	5	150 - 170	0,68	0,64
Xgwm 118	0,37	4	110 - 130	0,73	0,68
Xgwm 186	0,58	5	105 - 140	0,60	0,56
Xgwm 304	0,42	5	200 - 230	0,71	0,68
Xgwm 337	0,30	6	180 - 210	0,80	0,78
Xgwm 357	0,37	5	120 - 135	0,75	0,72
Xgwm 389	0,56	5	130 - 145	0,58	0,51
Xgwm 484	0,31	6	155 - 190	0,78	0,75
Xgwm 603	0,31	6	100 - 130	0,78	0,75
Xgwm 626	0,26	7	100 - 135	0,80	0,78
Xpsp 3200	0,37	6	165 - 195	0,76	0,73
Xwmc 89	0,30	7	155 - 205	0,80	0,77
Toplam	-	88	100 - 230	-	-
Ortalama	0,34	5,9	-	0,75	0,71

Çalışmada incelenen 19 adet ekmeklik buğday genotipinin 15 adet polimorfik SSR primeri ile moleküler taramaları sonucu toplam 88 allel tespit edilmiştir. SSR primerleri ile elde edilen PZR amplifikasyon ürünlerinin agaroz jelde gözlenen allel sayılarının primere göre farklılık göstermekle birlikte 4-8 arasında olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.3). Ortalama allel sayısının ise 5,9 olduğu hesaplanmıştır. Allel sayıları bakımından incelendiğinde Xgwm 11 primeri 8 allel ile en fazla allel sayısı verirken, Xgwm 118 primerinden 4 allel ile en az sayıda allel elde edilmiştir. İncelenen genotipler için Xgwm 78, Xgwm 626 ve Xwmc 89 primerlerinde 7 allel, Xgwm 99, 337, 484, 603 ve Xpsp 3200 primerlerinde ise 6 allel gözlenmiştir. Geriye kalan primerlerden Xgwm 108, 186, 304, 357 ve 389'dan elde edilen amplifikasyon ürünlerine göre farklı büyüklükte 5 adet allel tespit edilmiştir.

Allellerin incelenen lokuslardaki dağılımlarına bakıldığında, her bir primer için en yüksek allel frekansları; Xgwm 603 ve Xgwm 626 için 100 baz çiftinde, Xgwm 186 primeri için 105 baz çiftinde, Xgwm 99 primerinde 120 baz çiftinde, Xgwm 118'de 125 baz çiftinde, Xgwm 78, Xgwm 357 ve Xgwm 389 için 130 baz çiftinde, Xgwm 106 için 165 baz çiftinde, Xpsp 3200 için 175 baz çiftinde, Xgwm 484 primeri için 185 baz çiftinde, Xgwm 11, Xwmc 89 ve Xgwm 304 primerlerinde 200 baz çiftinde ve Xgwm 337 primerinde ise 210 baz çiftinde elde edilmiştir.

Moleküler markörlerle yapılan taramalara ait sonuçlara göre; Xgwm 11 lokusu için 180-209 baz çifti arasında amplifikasyon gözlenirken, bu primer için sekiz allel belirlenmiş olup, majör allel frekansı 0,23 ile 200 bç'lik allelden elde edilmiştir. Xgwm 78 primeri için 130-175 baz çifti arasında değişen ürün büyüklüğündeyedi adet allel belirlenmiş, en yüksek allel frekansı (0,31) 130 bç'lik allelde tespit edilmiştir.

Xgwm 99 markörünün incelenen genotipler için 120-165 baz çifti arasında değişen ürün büyüklüklerinde bant verdiği görülmüştür. Bu primer için 0,29'luk majör allel frekansı 120 bç'lik allelden elde edilmiştir.

Xgwm 108 lokusunda 150-170 baz çifti arasında gözlenenbeş farklı amplikon büyüklüğü ile en yüksek allel frekansı 0,47ile 165 bç'lik allelden elde edilmiştir. Bousba ve ark. (2012), aynı lokus için 135-137 arasında amplifikasyon ürünü belirlemişlerdir. Bu çalışmada elde edilen baz çifti büyüklük farklılığının incelenen genotiplerin farklı olmasından kaynaklandığı düşünülmektedir.

Xgwm 118 lokusuna bakıldığında çalışmada kullanılan her genotip için 110 ve130baz çifti arasında değişen ürün büyüklüğü gözlenmiş olup, gözlenen dört farklı allelden en yüksek allel frekansının (0,37) 125 bç'lik allelden elde edildiği belirlenmiştir. Xgwm 186 lokusu için baz çifti aralıkları 105-140 arasında değişmekle birlikte, beş adet allelden en yüksek allel frekansının 0,58 ile 105 bç'likallelde olduğu saptanmıştır.

Xgwm 304 primeri ile yapılan moleküler taramalardan elde edilen sonuçlar incelendiğinde, 200-230 baz çifti aralığında değişen bant profili gözlenmiştir. Bu primer için beş adet allel belirlenmiş ve en yüksek allel frekansının 200 baz çifti için 0,42olduğu tespit edilmiştir.

Xgwm 337 primeri için 180 ile 210 baz çifti arasında değişen ürün büyüklüğü tespit edilmiştir. Xgwm 337 lokusunda majör allel frekansı 0,30 ile 210 bç'lik allele aittir. Xgwm 357 lokusu için elde edilen baz aralıkları 120-135 arasında gözlenirken, bu lokus için majör allel frekansı (0,37) 130 bç'lik allelde tespit edilmiştir.

Xgwm 389 primeri ile yapılan moleküler taramalar sonucu 130-145 bç arasında değişen bant aralığı tespit edilmiştir. Xgwm 389 için majör allel frekansı 0,56 değeri ile 130 bç'lik allelden elde edilmiştir. Xgwm 484 lokusuna ait sonuçlara bakıldığında elde edilen ürün büyüklükleri 155-190 bç arasında değişim göstermektedir. Bu primerin majör allel frekansı 0,31 olup, 185 bç'lik allele aittir.

Xgwm 603 primerine bakıldığında majör allel frekansının (0,31) 100 bç'lik allelde tespit edildiği belirlenmiştir. Xgwm 603 primeri için elde edilen ürün büyüklükleri 100-130 bç arasında değişmektedir. Xgwm 626 lokusunun ekmeklik buğday genotipleri ile moleküler taramaları sonucu elde edilen amplifikasyon ürünleri 100-135 bç arasında gözlenmiş olup, 100 bç'lik allelde en yüksek allel frekansı (0,26) belirlenmiştir.

Xpsp 3200 primerine ait moleküler taramaların sonuçlarına göre bu lokus için gözlenen ürün büyüklüğü 165-195 baz çifti aralıklarında değişmektedir. Majör allel frekansı ise 0,37 değeri ile 175 bç'lik allele aittir. Xwmc 89 primeri için 155-205 arasında değişen ürün büyüklüğü tespit edilmiştir. Xgwm 89 için en yüksek allel frekansı (0,30) 200 bç'lik allelde gözlenmiştir.

Polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değerleri dikkate alındığında, en yüksek PIC değerinin 0,82 ile Xgwm 11 primerine ait olduğu bunu sırasıyla 0,79 ile Xgwm 78 primerinin ve 0,78 ile Xgwm 337 ve Xgwm 626 primerlerinin takip ettiği görülmüştür. En düşük PIC değerleri ise, 0,51 ile Xgwm 389'a ait iken bunu 0,56 PIC değeri ile Xgwm 186 primeri takip etmiştir (Çizelge 4.3).

Bir lokusun heterozigotluğu, bireyin popülasyondaki lokus için heterozigot olabilme ihtimali olarak hesaplanır (Liu, 1998). Bu çalışmada elde edilen bulgulara göre, en yüksek He değerleri sırasıyla Xgwm 11 lokusu için 0,84, Xgwm 78 için 0,81, Xgwm 337, Xgwm 626 ve Xwmc 89 lokusları için 0,80, Xgwm 99, Xgwm 484 ve Xgwm 603 lokusları için 0,78, Xpsp 3200 lokusu için 0,76, Xgwm 357 için 0,75, Xgwm 118 lokusu

için 0,73, Xgwm 304 için 0,71, Xgwm 108 için 0,68 ve Xgwm 186 için 0,60 olarak saptanmış, en düşük He değerinin ise Xgwm 389 lokusu için 0,58 olduğu belirlenmiştir.

Bousba ve ark. (2012) yaptıkları çalışmada Xwmc 78, Xwmc 304, Xwmc 108 ve Xwmc 118 lokusları için He değerini sırasıyla 0,50, 0,38, 0,39 ve 0,86 olarak bulmuşlar, toplam 40 buğday genotipi için moleküler taramalarda kullanılan 26 SSR primerine ait ortalama He değerini 0,32 olarak hesaplanmıştır. Bir popülasyonda genetik varyasyonun en yaygın kullanılan ölçütü heterozigotluktur (Nei, 1978). Bu tez çalışmasında kullanılan SSR markörlerinin ortalama 0,75 He değeri ile yüksek heterozigotluk göstermesi incelenen ekmeçlik buğday genotiplerinin geniş genetik varyasyon gösterdiğine işaret etmektedir.

Genetik çeşitlilik polimorfik bilgi içeriğine (PIC) göre ölçülmektedir. Vaiman ve ark. (1994), polimorfizm oranının elde edilen PIC değerlerinin 0,5'den büyük ($PIC > 0,5$) ise yüksek, $0,5 > PIC > 0,25$ arasında ise orta, 0,25'den küçük ($PIC < 0,25$) ise düşük olarak değerlendirilmesi gerektiğini bildirmişlerdir. Bu tez çalışmasında kullanılan primerlerin PIC değerleri 0,82-0,51 arasında dağılım göstermiş olup, ortalama PIC değerinin 0,71 ile 0,5 değerinden yüksek olduğu saptanmıştır. Bu bağlamda kullanılan primerlerin ortalama PIC değerlerine göre (0,71) yüksek polimorfizm özelliği gösterdikleri ifade edilebilir. Buna göre yapılan çalışmada, elde edilen PIC değerlerinin sonuçlarına göre 0,51 ile bu çalışma için en düşük polimorfizm bilgi içeriği değerine sahip Xgwm 389 primeri de dahil olmak üzere sırasıyla 0,56, 0,64, 0,68, 0,72, 0,73, 0,75, 0,77, 0,78, 0,79 ve 0,82 PIC değerlerine sahip Xgwm 186, Xgwm 108, Xgwm 118, Xgwm 304, Xgwm 357, Xgwm 3200, Xgwm 99, Xgwm 484, Xgwm 603, Xwmc 89, Xgwm 337, Xgwm 626, Xgwm 78 ve Xgwm 11 primerlerinin yüksek polimorfizm özelliğine sahip oldukları saptanmıştır. Ortalama PIC değeri 0,71 olarak hesaplanmış olup incelenen 15 SSR primerinden 10 tanesi (Xgwm 11, Xgwm 78, Xgwm 99, Xgwm 337, Xgwm 357, Xgwm 484, Xgwm 603, Xgwm 626, Xgwm 3200, Xwmc 89) ortalama PIC değerinin üstünde iken, 5 tanesinin (Xgwm 108, Xgwm 118, Xgwm 186, Xgwm 304, Xgwm 389) ortalama PIC değerinin altında olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.3).

Bousba ve ark. (2012) tarafından yapılan kuraklık toleransı açısından genetik çeşitliliğin araştırılmasında 40 makarnalık buğday genotipi için moleküler markörler kullanılmış,

toplam 26 SSR primeri incelenen genotipler açısından polimorfik bulunmuştur. Elde edilen sonuçlara göre 0,38–0,94 arasında değişen PIC değerleri bu çalışma için ortalama 0,74 olarak hesaplanmıştır. Dokuz mikrosatellit primerinin (Xwms 30, Xwmc 105, Xwmc 177, Xwmc 78, Xwms 304, Xwmc 179, Xwmc 118, Xwmc 149 ve Xwms 375) incelenen buğday genotipleri arasında en yüksek allel sayısı ve PIC değerleri gösterdiği bildirilmiştir. Çalışmada kullanılan SSR markörlerinden Xgwm 78, Xgwm 108, Xgwm 118 ve Xgwm 304 bu tez çalışmasında da genotiplerin moleküler karakterizasyonu için kullanılmıştır. Bousba ve ark. (2012)'ın araştırmalarında Xgwm 78, Xgwm 108, Xgwm 118 ve Xgwm 304 primerleri sırasıyla 0,93, 0,80, 0,86 ve 0,91 PIC değerleri ile yüksek polimorfizm gösterirken, bu tez çalışmasında hesaplanan PIC değerleri aynı markörler için sırasıyla 0,79, 0,64, 0,68 ve 0,68 olarak belirlenmiştir. Her iki çalışmada da kullanılan bu primerlerden elde edilen PIC değerlerine göre, yüksek polimorfik bilgi içeriğine sahip oldukları görülmüştür. PIC değerlerindeki değişimin ise kullanılan makarnalık ve ekmeklik buğday genotiplerinin farklı olmasından kaynaklandığı düşünülmektedir.

Dreb genleri kuraklık, tuzluluk, düşük sıcaklık gibi abiyotik stres toleransını içerdiği için kuraklıkla ilgili çalışmalarda moleküler markörlerle incelenmektedir. Wei ve ark. (2009), ekmeklik buğday (*Triticum aestivum* L.) genotipinde *Dreb1* genlerinin gen haritalamasında SNP markörlerini kullanmışlardır. P18, P20, P21, P22 ve P25 SNP markörlerinin *Dreb1* geni varlığı açısından kuraklıkla ilgili çalışmalarda kullanılabileceğini belirtmişlerdir. Huseynova ve Rustamova (2010) tarafından yapılan çalışmada da, P18, P20, P21, P22 ve P25 SNP markörleri kullanılarak kuraklığa karşı toleranslı, yarı toleranslı ve tolerant olmayan genotiplerin bulunduğu 12 ekmeklik buğday genotipinde kuraklık stresi incelenmiştir. Ancak Wei ve ark. (2009) tarafından hekzaploid buğdayın (*Triticum aestivum* L.) D genomu için spesifik olduğu belirtilen P22/PR ve P20F/P20R primerleriyle yapılan PZR sonucu kullanılan genotipler anlamlı bir bant vermemiştir. Bu tez çalışmasında da *Dreb1* genlerinin tespitinde kullanılabileceği belirtilen SNP markörleri (P18, P20, P21, P22 ve P25) ile elde edilen PZR ürünlerinin değerlendirilmesi sonucu incelenen genotipler açısından polimorfik özellik göstermemiş, ayrıca Wei ve ark. (2009) ile Huseynova ve Rustamova (2010) tarafından belirlenen baz çifti büyüklüğünde (P18: 717 bç, P20: 1193 bç, P21: 1113, P22: 596 bç, P25: 596 bç) bantlar elde edilmiştir (Şekil 4.3, 4.5, 4.6 ve 4.7).

Hao ve ark. (2006), genotip koleksiyonlarının genetik çeşitliliğinin objektif değerlendirmesinde her lokustaki allel sayıları ve bunların hesaplanan PIC değerlerinin beraber değerlendirilmesi gerektiğini savunmaktadır. Çünkü PIC değeri, tüm genotipler için allel sayısı ile pozitif korelasyon göstermektedir.

Tomar ve ark. (2016), aralarında kuraklığa dayanıklı ve hassas genotiplerin bulunduğu ekmeçlik ve makarnalık olmak üzere 31 buğday genotipinin kuraklık koşullarındaki morfolojik ve agronomik karakterizasyonunu yaptıkları çalışmalarında toplam 96 SSR markörü kullanmışlardır. Elde edilen sonuçlara göre kullanılan SSR markörleri ile yüksek miktarda genetik çeşitlilik gözlenmiş, her lokus 2 ile 6 arasında değişen, lokus başına ortalama 3,43 allel olmak üzere toplamda 103 allel belirlenmiştir. SSR lokusları için allel sıklığı en düşük 0,32 (Xgwm 437) ve en yüksek 0,94 (Xgwm 124) arasında değişim gösterirken ortalama allel sıklığı değerinin 0,54, ortalama PIC değerinin ise tüm genotipler açısından her SSR markörü başına 0,51 olduğu hesaplanmıştır. Bu tez çalışmasında da buğday genotiplerinin genetik karakterizasyonunda SSR markörleri kullanılmış ve ortalama PIC değeri 0,71 ile yüksek bir oran göstermiştir. Ayrıca 4-8 arasında değişen lokus sayısı ve alleller arasında en düşük 0,51 ile en yüksek 0,82 arasında değişen allel frekansı dağılımı belirlenmiştir. Tüm bu sonuçlar SSR primerlerinin buğday genotiplerinin genetik çeşitlilik ve karakterizasyon çalışmalarında yararlı ve bilgi verici olduğunu teyit etmiştir. Jaccard'ın genetik uzaklık metoduna göre elde edilen dendogram buğday genotiplerini kuraklığa hassas, dayanıklı, kısmen hassas ve kısmen dayanıklı olmak üzere dört ana gruba ayırmıştır (Tomar ve ark., 2016). Bu tez çalışmasından elde edilen dendograma göre incelenen genotipler iki ana grup altındaki dört alt gruba ayrılmıştır.

Ramya ve ark. (2015), 24 adet buğday çeşidinin 194 SSR markörleri ile moleküler taramalarında, 162 tanesini temel alan amplifikasyon profiline göre moleküler taramalar yapmışlardır. Her lokus için ortalama 4,07 olmak üzere toplam 660 allel tespit edilmiştir. SSR markörlerinin 0,11 ile 0,77 arasında gözlenen PIC değerlerinin belirlenen allel sayısı ve allel frekansına bağlı olarak değişmekle birlikte ortalama PIC değerinin 0,58 olduğu görülmüştür. Genetik yapı analizi genetik olarak benzer ailelerin aynı grupta toplanmasını sağlamıştır.

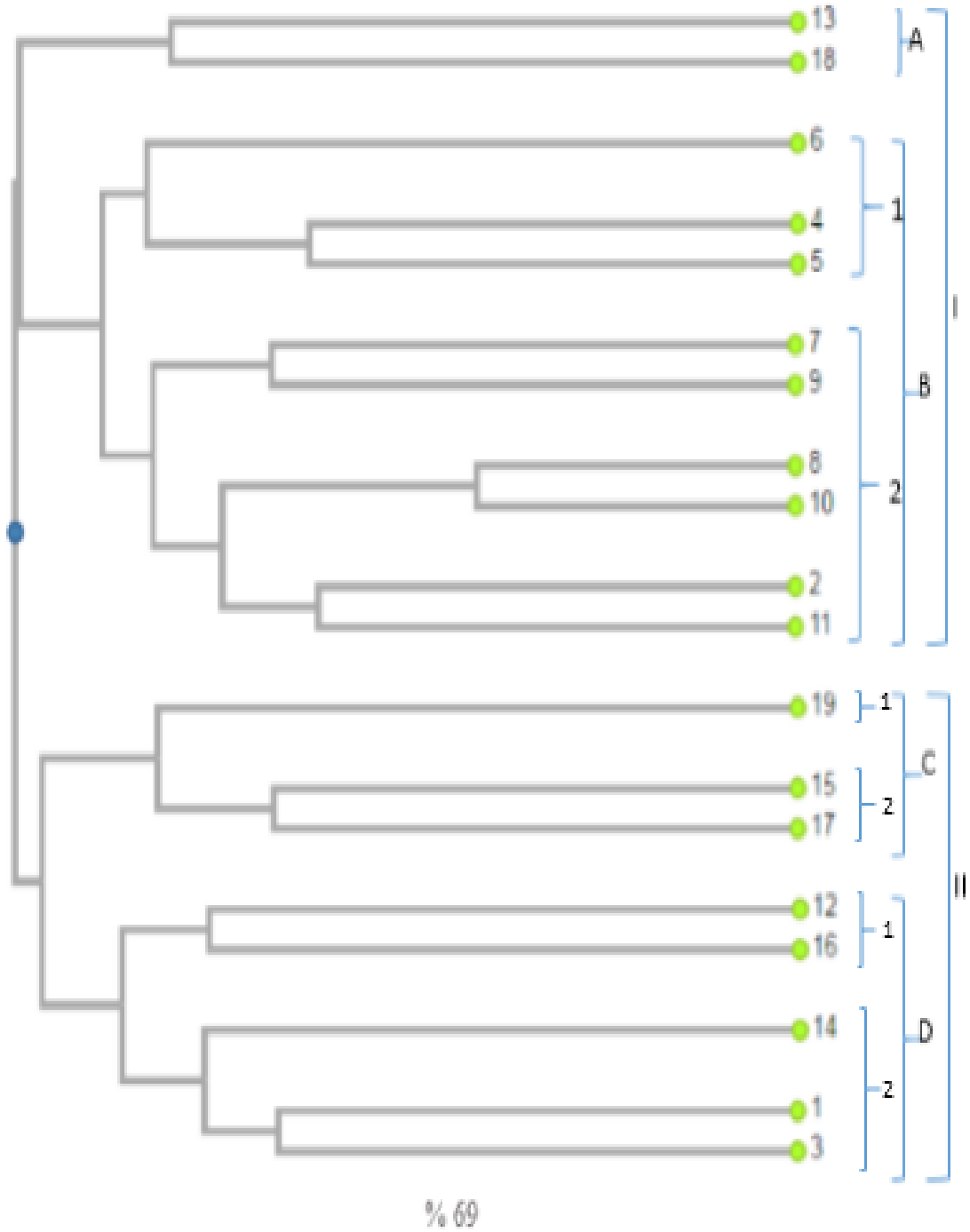
2015 yılında yapılan farklı bir araştırmada (Faheem ve ark., 2015), 62 adet ekmeklik buğday genotipi için 49 adet SSR markörü kullanılarak kuraklık toleransının D genomu temelli genetik çeşitliliği incelenmiştir. Toplam 49 lokusta ortalama 3,49 olmak üzere toplam 178 allel belirlenmiştir. Allel sayısı her lokus için 1-10 arası değişim göstermiş, çok sayıda SSR primerinde 3'den fazla allelin varlığının ise genotipler arasında geniş genetik çeşitliliği işaret ettiği ifade edilmiştir. İncelenen genotipler açısından genetik çeşitlilik % 4 ile % 64 arasında değişirken ortalama markör başına % 56,2 olarak hesaplanmıştır. PIC değerinin % 8 ile % 63,2 arasında değiştiği, ortalama PIC değerinin ise % 48,1 olduğu belirlenmiştir. UPGMA temelli oluşturulan grup analizine göre incelenen 62 buğday genotipi A ve B olarak isimlendirilen 2 ana gruba ayrılmıştır.

Dodig ve ark. (2010), yazlık ve kışlık ekmeklik buğday genotiplerinde SSR primerleriyle yaptıkları moleküler karakterizasyon çalışmalarında 96 buğday genotipi için 36 SSR markörü kullanmışlardır. Çalışmada toplam 46 lokus ve 366 allel ile her lokus için 3-21 arasında değişen allel dağılımı saptanmıştır. Ortalama PIC değeri, majör allel frekansları ve allel sayısı bu çalışma için sırasıyla 0,61, 0,48 ve 7,96 olarak belirlenmiştir. Araştırmada kullanılan SSR markörlerinden Xgwm 11, Xgwm 99, Xgwm 186, Xgwm 357, Xgwm 389, Xgwm 484 ve Xpsp 3200 bu tez çalışmasında da kullanılmıştır. SSR markörleri için elde edilen PIC değerleri ve allel sayılarının sırasıyla Xgwm 11 için 0,80 ve 9 allel, Xgwm 99 için 0,69 ve 9 allel, Xgwm 186 için 0,75 ve 11 allel, Xgwm 357 için 0,60 ve 5 allel, Xgwm 389 için 0,82 ve 13 allel, Xgwm 484 için 0,91 ve 21 allel son olarak Xpsp 3200 için 0,71 ve 8 allel olduğu bildirilmiştir (Dodig ve ark., 2010). Aynı SSR markörlerinin kullanıldığı bu tez çalışmasında incelenen genotipler için elde edilen PIC değerlerinin ise sırasıyla Xgwm 11 için 0,82, Xgwm 99 için 0,75, Xgwm 186 için 0,56, Xgwm 357 için 0,72, Xgwm 389 için 0,51, Xgwm 484 için 0,75 ve Xpsp 3200 için 0,73 olduğu saptanmıştır. Elde edilen sonuçlara göre bu çalışmada kullanılan aynı SSR markörleri için hesaplanan PIC değerleri primerden primere değişkenlik göstermekle birlikte her iki çalışmada da özellikle Xgwm 11, Xgwm 99, Xgwm 357, Xgwm 484 ve Xpsp 3200 primerleri bakımından yüksek değerler göstermiştir. Aynı çalışmada kullanılan bu SSR primerleri için elde edilen allel sayılarının ise bu tez çalışmasında kullanılan ekmeklik buğday genotiplerinde gözlenenenden (Xgwm 11 için 8, Xgwm 99, Xgwm 484 ve Xpsp 3200 için 6, Xgwm 186, Xgwm 357 ve Xgwm 389 için 5 allel) genel olarak daha yüksek olduğu

görülmüştür, Bu durumun bu tez çalışmasında kullanılan genotiplerin sayısı (19 genotip) ve çeşitliliğin Dodig ve ark. (2010)'ın kullandıkları genotip sayısına (96) ve coğrafik çeşitliliğine göre daha az olmasındankaynaklandığı düşünülmektedir.

Bu tez çalışmasında elde edilen sonuçlarla yukarıda belirtilen araştırmaların sonuçları, kullanılan SSR lokusları ile buğday popülasyonu ve genotiplerindeki farklılıklar sebebiyle değişkenlik gösterse de, buğdayda genetik karakterizasyon çalışmalarında elde edilen sonuçların SSR markörleri açısından birbirini destekler nitelikte olduğu görülmektedir.

Çalışmada incelenen ekmeklik buğday genotiplerinde yapılan SSR taramalarına dayalı dendogram ve genetik benzerlik katsayıları Şekil 4.25 ve Çizelge 4.4'de verilmiştir. Dendogram şekli ve genetik benzerlik katsayıları çizelgesinde numaralandırılmış şekilde gösterilen genotiplerin sıralaması şöyledir; **1:** Sultan 95*, **2:** Gerek 79*, **3:** Karahan, **4:** Sönmez 2001, **5:** Kate-1, **6:** Altay 2000, **7:** Bayraktar, **8:** Harmankaya, **9:** İzgi 2001, **10:** Haymana79/Altay2000, **11:** Grk/Cty//Mesa/3/R16043/4*Nac/4/Mnch, **12:**T 98-9//Vorona/Hd2402, **13:**Attıla//Ağrı/Nac/3/Eskına-8, **14:** Smz01/Bez1, **15:** Pastor/Demir2000//Mufitbey, **16:** Trk13Resel//Trap#1/Bow/4/Ekg15//Tast/Sprw/3/2*Id800994.W/Vee/5/Soyer02, **17:** Calıbasan/Mufitbey, **18:** Pm Me1Irr_S5/2*Yakar99, **19:** Pm Me1 Irr_S 32//Tmp64/Yy305/3/Mufitbey.



Şekil 4.25. İncelenen ekmeklik buğday genotipleri arasındaki genetik ilişkiyi gösteren dendrogram

UPGMA (Unweighted Pair-Group Method with Arithmetic Mean) yöntemine göre elde edilen dendrogramın sonuçlarına göre, çalışmada incelenen ekmeklik buğday genotipleri I ve II olmak üzere iki ana gruba ayrılmıştır (Şekil 4.25). Her bir ana grup kendi içinde ikişer alt dala ayrılmıştır.

Elde edilen dendograma göre 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 13 ve 18 numaralı genotipler ve kuraklığa toleranslı olduğu bilinen 2 numaralı genotip olan kontrol çeşidi Gerek 79I numaralı ana grup içinde yer almıştır. Şekil 4.25'deki dendogram incelendiğinde I. ana grubun kendi arasında I-A ve I-B grubu olmak üzere iki alt gruba ayrıldığı belirlenmiştir. 13 ve 18 numaralı genotipler I-A alt grubunu oluştururken, I-B alt grubu kendi arasında tekrar ikiye ayrılarak 4,5 ve 6 numaralı genotiplerden oluşan I-B1 alt alt grubu ile 2, 7, 8, 9, 10 ve 11 numaralı genotipleri içeren I-B2 alt alt grubuna ayrılmıştır. I-B2 alt alt grubu kendi arasında iki dala ayrılmış bu alt dallanma gruplarında kuraklığa toleranslı Gerek 79 kontrol çeşidi 11 numaralı genotip ile aynı gruba girmiştir. Gerek 79 çeşidi aynı zamanda 8 ve 10 numaralı genotipler ile de aynı alt alt grupta yakın dallanmalar şeklinde yer almıştır.

İncelenen genotipler bakımından oluşturulan dendogram incelendiğinde II. ana grubu oluşturan 1, 3, 12, 14, 15, 16, 17 ve 19 numaralı genotipler kendi arasında II-C ve II-D olmak üzere iki alt gruba ayrılmıştır. Hassas kontrol çeşidi Sultan 95 (1) ile 3, 12, 14 ve 16 numaralı genotipler II-D alt grubu içinde yer alırken, 15, 17 ve 19 numaralı genotipler II-C alt grubunu oluşturmuştur.

II-C alt grubu kendi içerisinde ikiye ayrılarak 19 nolu genotip II-C1 alt alt grubunu, 15 ve 17 numaralı genotipler ise II-C2 alt alt grubunu oluşturmuştur. II-D alt grubu da ikiye ayrılmış, 12 ve 16 numaralı genotipler II-D1 alt alt grubunu oluştururken, kuraklığa hassas Sultan 95 kontrol çeşidi 3 ve 14 numaralı genotiplerle aynı alt alt gruba girmiştir.

Şekil 4.25'de görüldüğü üzere kuraklığa toleranslı Gerek 79 kontrol çeşidi I numaralı ana grupta yer alırken, kuraklığa karşı hassas kontrol çeşidi Sultan 95 II numaralı ana grupta yer almıştır. İki kontrol çeşidin iki ayrı ana gruba dağılmış olması kuraklığa karşı toleranslı ve hassas genotiplerin değerlendirilmesi bakımından önemli bir bilgi oluşturmuştur. Buna göre Gerek 79 kontrol çeşidinin bulunduğu I numaralı ana grupta yer alan 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 13 ve 18 numaralı genotiplerin, hassas kontrol çeşidi Sultan 95 ile aynı ana grupta (II) yer alan 3, 12, 14, 15, 16 ve 17 numaralı genotiplerin kendi aralarında kuraklık toleransı ile ilgili incelenen gen bölgeleri bakımından benzer genetik karakterizasyon özellikleri gösterdikleri ifade edilebilir. Elde edilen dendogram ve genetik benzerlik katsayılarına ait sonuçlar birlikte değerlendirildiğinde, I-A grubu

içerisinde yer alan genotiplerden 13 ve 18 numaralı genotiplerin aynı ana grupta yer alan diğer genotiplere oranla referans çeşidi Gerek 79'a daha uzak bir genetik benzerliğe sahip oldukları da tespit edilmiştir. Benzer şekilde diğer kontrol çeşidi Sultan 95 ile aynı ana grupta (II) yer alan genotiplerden 19 ve 17 numaralı genotiplerin diğerlerine oranla referans çeşidi Sultan 95'e daha düşük benzerliğe sahip oldukları saptanmıştır.

Bu tez çalışmasında incelenen genotipler açısından oluşturan dendogram SSR temelli moleküler taramalar sonucu elde edilmiştir (Şekil 4.25). Tomar ve ark. (2016) SSR markörlerinin, buğdayda kuraklık toleransı ile ilgili genetik karakterizasyon çalışmalarında başarılı ve etkin bir şekilde kullanılabileceğini bildirilmişlerdir. Araştırmacılar, 31 buğday genotipi arasındaki filogenetik ilişkiyi kuraklıkla bağlantılı SSR markörleri aracılığıyla belirlemişlerdir.

Ramya ve ark. (2015) kuraklık ve sıcaklık toleransı için ıslah çalışmalarında kullanılmak üzere yaptıkları 24 modern buğday genotipinin fizyolojik ve genetik karakterizasyon çalışmalarında, popülasyon analizinde genotipler 7 ana gruba ayrılmış, moleküler taramalar sonucu toleranslı ve hassas gruplar arasında yüksek polimorfizm oranı tespit edilmiştir. Kışlık ve yazlık ekmeklik buğday çeşitlerinin kuraklığa tolerans bakımından genetik çeşitliliğinin fenotipik gözlemler ve basit dizi tekrarları (SSR) ile incelendiği bir diğer çalışmada da, genotipler kuraklık toleransına (yüksek, orta, düşük) ve kaynak bölgelerine göre gruplara ayrılmıştır (Dodig ve ark., 2010). Bu tez çalışmasında incelenen genotipler de kuraklığa toleranslı ve hassas kontrol çeşitleri ile ilişkilendirilerek kuraklığa tolerans bakımından gruplandırılmışlardır.

SSR markörleri kullanılarak oluşturulan genetik küme analizinin kullanıldığı bir başka çalışmada Faheem ve ark. (2015), kuraklığa tolerans bakımından D genom temelli genetik çeşitlilik araştırması yapmışlardır. Toplam 23 SSR markörünü kullandıkları çalışmalarında Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) değerlerini ortaya koymuş ve dendogram oluşturmuşlardır. Sonuç olarak elde ettikleri küme analizine göre çalışmada gruplandırılan genotiplerin özellikle yarı kurak ve kurak çevre şartları için buğday ıslah programlarında kullanılabilmesi ve SSR markörlerinin bu amaçla kullanılabilmesinin gösterilmesi bakımından bilgi verici olduğunu ifade etmişlerdir. SSR markörleri

kullanılarak yapılan genetik karakterizasyon alıřmaları buęday genotiplerinin kuraklık toleransının belirlenmesi aısından olduka nemli bilgiler vermektedir.

Buęday genotiplerinin gruplandırılmasında dendogram sonuları ile genetik benzerlik katsayılarının birlikte deęerlendirilmesi daha doęru bir yaklařımdır. Bu tez alıřmasında incelenen 19 adet ekmeklik buęday eřit ve hatlarının SSR primerleri ile yapılan molekler taramaları sonucunda elde edilen bant profillerinin (izelge 4.4) bant var ise 1, yok ise 0 olarak yapılan skorlamaları sonucu elde edilen veriler analiz edilerek her bir genotip arasındaki genetik benzerlik deęerleri Jaccard'ın benzerlik katsayısına gre hesaplanmış ve izelge 4.5'de verilmiřtir.

Çizelge 4.4. SSR primerleri ile yapılan moleküler taramalar sonucunda elde edilen bant profilleri

Çeşitler	Primerler														
	Xgwm 11	Xgwm 78	Xgwm 99	Xgwm 108	Xgwm 118	Xgwm 186	Xgwm 304	Xgwm 337	Xgwm 357	Xgwm 389	Xgwm 484	Xgwm 603	Xgwm 626	Xpsp 3200	Xwmc 89
1*	205	165:175	150	165	110	135	210	210	130	130	165	105	135	165	190
2*	200	130	120	155	125	105	225	180	125	145	155	120	110	175	165:200
3	205	130:150:170	120:135:165	165	125	105	210	190	130	133	190	117	110	175	195
4	209	130	125	165	125	105	230	190	127	130:145	170	110	110	175	165:200
5	209	130	125	165	125	105	230	195	125	130:145	180	105	105	175	165:200
6	200	130	150	155	110	105	200	180	127	130:145	170	105	100	178	190
7	187:209	130	120	155	125	140	200	180	120	130	190	120	100	175	165:200
8	200	130	150	150	120	105	225	195	125	130:145	190	100	120	165	155:190
9	195	165:175	120:160	170	120	125	210	210	120	130	180	100	100	175	155:195
10	200	130:150:170	150	150	120	105	225	200	130	130:145	190	100	120	165	155:190
11	200	130	120:160	165	120	105	200	205	125	130	180	105	120	175	155:200
12	205	165:175	120	170	110	140	200	200	130	130	185	105	100	170	190
13	195:205	134	125	165	125	140	225	205	130	130	190	100	125	195	200
14	195	134	135:150	165	130	110	225	210	130	130	185	100	100	190	180:205
15	187:209	165:175	135	155	130	110	200	210	135	130:145	185	130	130	190	200
16	190	137:150:170	135	165	130	140	200	200	130	130	185	100	110	195	200
17	183	134	135	155	130	105	220	210	135	145	185	130	110	190	200
18	183	134	150	165	125	105	200	200	135	140	165	110	135	195	155:190
19	180	134	120	160	130	105	200	210	135	138	185	110	135	190	155:205

(1*: Sultan 95, 2*: Gerek 79 kontrol çeşidi)

Kullanılan primerlerden elde edilen veriler birlikte değerlendirildiğinde, kontrol çeşit olarak kullanılan kuraklığa hassas Sultan 95 çeşidi ile kuraklığa toleranslı olduğu bilinen Gerek 79 çeşidi arasındaki genetik benzerlik katsayısının 0,24 olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.5). İncelenen genotiplerden birbirine en yakın genetik benzerlik değerinin 0,71 ile I. grupta yer alan 8 ve 10 numaralı genotipler ile 0,60 genetik benzerlik katsayısı ile 2 ve 8 numaralı genotipler arasında olduğu, en uzak genetik benzerlik oranının ise sırasıyla 0,14 ile 9 ve 17 numaralı genotipleri takiben 0,15 ile 11 ve 17 numaralı genotipler ve 0,16 genetik benzerlik katsayısı ile 1 ve 6 numaralı genotipler arasında olduğu görülmüştür.

Kuraklığa hassas Sultan 95 çeşidine en yakın benzerlik (0,53) değerinin 3 ve 14 numaralı genotiplere ait olduğu, bu kontrol çeşide en uzak genotiplerin ise 0,16 benzerlik katsayısı ile 6 numaralı genotip ile 0,18 oranı ile 5 numaralı genotipler olduğu belirlenmiştir. Ayrıca Sultan 95 kontrol çeşidine diğer en uzak genotiplerin ise 0,24 genetik benzerlik katsayısıyla Gerek 79 kontrol çeşidi ile 8, 10 ve 18 numaralı genotipler olduğu belirlenmiştir. Sultan 95 kontrol çeşidine (% 16 benzerlik oranıyla) en uzak 6 numaralı genotipin, Gerek 79 kontrol çeşidi ile benzerlik oranının % 47 olduğu da tespit edilmiştir.

Kuraklığa toleranslı kontrol çeşidi Gerek 79'a en yakın genotiplerin ise 0,60 değeri ile 8 numaralı genotip ile 0,57 değeri ile 11 numaralı genotipler olduğu saptanmıştır. Gerek 79 çeşidine en uzak genotiplerin ise 0,20 (% 20) benzerlik değeri ile 16 numaralı genotip ile % 23,5'lik benzerlik oranı ile 1 nolu genotip olan Sultan 95 kontrol çeşidi oldukları belirlenmiştir (Çizelge 4.5). Bunu takiben Gerek 79 kontrol çeşidine en uzak üçüncü genotipin ise % 23,8'lik benzerlik oranı ile 14 numaralı genotip olduğu tespit edilmiştir.

Çizelge 4.5. Ekmeklik buğday genotipleri arasındaki genetik benzerlik katsayıları

Genotipler	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	
1	1	0.235	0.533	0.353	0.176	0.158	0.278	0.235	0.312	0.235	0.357	0.375	0.250	0.533	0.467	0.400	0.294	0.235	0.278	
2		1	0.368	0.444	0.533	0.471	0.444	0.600	0.412	0.500	0.571	0.316	0.278	0.238	0.389	0.200	0.316	0.263	0.300	
3			1	0.400	0.316	0.286	0.333	0.444	0.529	0.368	0.500	0.421	0.316	0.400	0.286	0.368	0.227	0.300	0.273	
4				1	0.562	0.500	0.333	0.368	0.238	0.368	0.333	0.350	0.250	0.217	0.500	0.368	0.350	0.300	0.217	
5					1	0.333	0.389	0.438	0.353	0.278	0.500	0.200	0.294	0.190	0.333	0.211	0.200	0.278	0.190	
6						1	0.350	0.389	0.316	0.389	0.278	0.300	0.200	0.227	0.300	0.250	0.368	0.250	0.286	
7							1	0.444	0.529	0.368	0.500	0.421	0.316	0.273	0.421	0.300	0.174	0.368	0.273	
8								1	0.412	0.714	0.467	0.250	0.438	0.300	0.316	0.333	0.316	0.500	0.300	
9									1	0.333	0.467	0.316	0.211	0.368	0.250	0.263	0.136	0.263	0.238	
10										1	0.375	0.389	0.278	0.238	0.316	0.333	0.316	0.333	0.368	
11											1	0.353	0.312	0.263	0.211	0.222	0.150	0.294	0.333	
12												1	0.333	0.350	0.368	0.471	0.238	0.190	0.350	
13													1	0.389	0.200	0.353	0.200	0.438	0.250	
14														1	0.350	0.444	0.350	0.300	0.400	
15															1	0.389	0.529	0.250	0.350	
16																1	0.316	0.412	0.238	
17																	1	0.389	0.500	
18																		1	0.300	
19																				1

Farklı bir çalışmada (Peleg ve ark., 2008), kuraklık bakımından deęişiklik gösteren 25 popülasyonla temsil edilen 145 buędaydan oluşan bir koleksiyon allelik çeşitlilik bakımından 54 mikrosatellit markörüle analiz edilmiştir. Popülasyonlarda genotipler boyunca % 56 oranında genetik çeşitlilik bulunurken, popülasyonlar arasında % 44 oranında varyasyon bulunduğu ve SSR'ların buędayda genetik çeşitlilik çalışmalarında oldukça yararlı ve kullanışlı markörler olduğu bildirilmiştir. Yapılan bu tez çalışması da ekmeklik buęday genotipleri arasında tespit edilen % 69'luk genetik çeşitliliğin belirlenmesinde kullanılan SSR markörlerinin oldukça kullanışlı ve bilgi verici olduklarını desteklemektedir.

Özellikle kuraklık gibi önemli stres faktörleri ile ilgili genetik çeşitliliğin karakterize edilmesi gelecekteki buęday ıslah programları için genetik varyasyonu arttırmadabüyük bir öneme sahiptir (Huang ve ark., 2002; Dodig ve ark., 2010). Bu tez çalışmasında da kuraklık stresi bakımından incelenen bazı ekmeklik buęday genotiplerinin genetik karakterizasyonu yapılmış ve incelenen genotipler arasında geniş bir genetik varyasyon saptanmıştır. Elde edilen genetik benzerlik indeksi sonuçlarına göre 19 ekmeklik buęday genotipi arasındaki benzerlik oranlarının 0,14 ile 0,71 arasında deęişim gösterdiği belirlenmiştir (Çizelge 4.5).

5. SONUÇ

Kuraklık günümüzde özellikle buğday gibi temel besin maddesi olan bitkilerin üretimini sınırlayan ve verimini azaltan en önemli çevresel stres faktörlerinden biridir. Kuraklığın bitkide yol açtığı olduğu etkilerin azaltılması amacıyla öncelikle mevcut çeşitlerin kuraklık toleransı bakımından karakterizasyonlarının yapılması büyük önem taşımaktadır. Kuraklığa dayanımı iyi olan genotiplerin seçimi ve kuraklığa toleranslarının geliştirilmesi için etkili seleksiyon kriterlerinin belirlenmesi yapılan çalışmaların güvenilirliğini etkileyen en önemli konulardan biridir.

Kuraklık çok sayıda genin etkisi altında kalan ve çok sayıda QTL içeren karmaşık bir özellik olduğu için kuraklık toleransının araştırılmasında tek başına yapılan morfolojik çalışmalar, çevre koşullarından etkilendikleri için güvenilir olmamakta ve yetersiz kalmaktadır. Bu nedenle kuraklığa tolerans ile ilgili çalışmaların moleküler markörlere dayalı taramalarla desteklenmesi gerekmektedir.

Stres faktörlerine dayalı genetik karakterizasyon çalışmaları, yaygın olarak yetiştirilen ve değişik bölge koşullarına adapte olmuş ekmeklik buğday çeşitlerinin kuraklık toleransı bakımından sınıflandırılması ve ileride yapılacak kuraklıkla ilgili bazı ıslah çalışmaları için temel teşkil etmesi bakımından önemlidir. Dolayısıyla buğday ıslah programları açısından temel oluşturan moleküler karakterizasyon çalışmaları, belirli karakterlere yönelik gen taramalarına öncülük edecek ve incelenen çeşitlerin kuraklıkla ilgili buğday ıslah programlarında kullanımını artıracaktır.

Bu tez çalışmasında, Türkiye’de yaygın olarak yetiştirilen ve farklı bölge koşullarına adapte olmuş ekmeklik buğday çeşitleri ile Eskişehir Geçit Kuşağı Tarımsal Araştırma Enstitüsünde geliştirilmiş bazı ekmeklik buğday hatlarının kuraklığa tolerans bakımından moleküler karakterizasyonu yapılmıştır. Moleküler taramalarda farklı araştırmacılar tarafından geliştirilen ve haritalanan kuraklığa tolerans ile bağlantılı toplam 45 adet SSR, SNP ve RAPD markörü arasından kontrol çeşitler arasında en polimorfik olan ve net görüntü veren 15 SSR markörü seçilerek çalışmada kullanılmıştır. SSR markörleri kullanılarak 19 adet buğday genotipinin kuraklık toleransı bakımından moleküler karakterizasyonu yapılmıştır.

Basit dizi tekrarları (SSR) olarak da bilinen mikrosatellit markörleri, multiallelik doğaları, yüksek polimorfizm oranı, lokus spesifikliği ve buğday genomu boyunca geniş dağılım göstermeleri gibi avantajları sayesinde, incelenen ekmeklik buğday genotiplerinin moleküler taramalarında çok daha polimorfik özellik ve net bant profili göstermiştir. Bu nedenlerden dolayı, kontrol çeşitler arasındaki moleküler taramalarda kullanılan RAPD ve SNP markörleriyle karşılaştırıldığında bu çalışmada SSR markörleri kullanılması tercih edilmiştir.

Çalışmada 19 adet ekmeklik buğday genotipinin SSR markörleriyle taranması sonucu toplam 88 polimorfik allel belirlenmiştir. En yüksek allel sayısı 8 alleli ile Xgwm 11 primerinde saptanmıştır. Allel sayısı kullanılan diğer primerlerden Xgwm 78, Xgwm 626 ve Xwmc 89 primerleri için 7 allel, Xgwm 99, Xgwm337, Xgwm484, Xgwm603 ve Xpsp 3200 primerleri için 6 allel, Xgwm 108, Xgwm 186, Xgwm 304, Xgwm 357 ve Xgwm 389 primerleri için 5 allel ve son olarak Xgwm 118 primeri için 4 allel olarak belirlenmiştir.

Her bir markör için hesaplanan Polimorfik Bilgi İçeriği (PIC)'ne göre; 19 ekmeklik buğday genotipi arasındaki yüksek PIC değerinin 0,82 ile Xgwm 11 primerine ait olduğu, bunu sırasıyla 0,79 ile Xgwm 78 primerinin ve 0,78 ile Xgwm 337 ve Xgwm 626 primerlerinin takip ettiği görülmüştür. En düşük PIC değerinin ise 0,51 ile Xgwm 389 primerine ait olduğu belirlenmiştir. Heterozigotluk oranlarının da (He değeri) elde edilen PIC değerlerine benzer sonuçlar gösterdiği, en yüksek He değerinin 0,84 ile Xgwm 11 ve 0,81 ile Xgwm 78 primerlerinde bulunduğu, en düşük değer ise 0,58 ile Xgwm 389 primerinde olduğu saptanmıştır.

Çalışmada kullanılan ekmeklik buğday çeşit ve hatlarının SSR markörleriyle moleküler karakterizasyonu sonucu elde edilen dendograma göre genotipler iki ana gruba ayrılmış, kuraklık toleransı bakımından hassas ve toleranslı olarak kullanılan kontrol çeşitlerinin ise ayrı ayrı I. ve II. ana gruplara dahil oldukları belirlenmiştir. I. ve II. ana gruplar içinde kendi içlerinde de dallanmalar göstererek çalışmada incelenen genotipler kuraklıkla bağlantılı DNA bölgelerine spesifik SSR primerlerine göre kuraklık toleransı açısından % 69'luk bir genetik çeşitlilik göstermişlerdir. Genetik benzerlik katsayılarının ise çalışmada kullanılan buğday çeşit ve hatları için 0,14 (9 ve 17

genotipleri arasında) ile 0,71 (8 ile 10 numaralı genotipler arasında) aralığında deęişim gösterdiği belirlenmiştir. Kuraklığa hassas ve toleranslı olduğu bilinen kontrol çeşitler arasındaki genetik benzerlik oranının, kullanılan SSR primerlerinden elde edilen ortak verilere göre % 23,5 olduğu saptanmıştır. Kontrol çeşitlerle olan genetik benzerlik katsayısı ve dendogram dağılımına bakılarak çalışmada incelenen genotiplerin daha sonra yapılacak çalışmalarda kullanımına dair bir ön veri oluşturulmuştur. Bu bağlamda kuraklığa toleranslı kontrol çeşidi Gerek 79 ile en yakın genotiplerin 8 ve 11 numaralı genotipler olduğu, en uzak genotiplerin ise 16 numaralı genotip ile 1 numaralı genotip olan kuraklığa hassas Sultan 95 kontrol çeşidi olduğu, saptanmıştır. Sultan 95 kontrol çeşidi en yakın genotiplerin 3 ve 14 numaralı genotipler olduğu, en uzak genotiplerin ise 6 ve 5 numaralı genotipler olduğu belirlenmiştir.

Bu çalışma, SSR markörlerinin ekmeklik buğdayda kuraklık toleransı çalışmalarının genetik karakterizasyonu için oldukça kullanışlı, güvenilir ve yararlı olduğunu göstermiştir. Mikrosatellitlerin genetik karakterizasyon çalışmaları için genotip tanımlama ve kuraklıkla ilgili genetik kaynakların kullanımında başarıyla kullanılabileceği belirlenmiştir.

Sonuç olarak hem incelenen genotipler hem de kullanılan SSR markörleri ile ilgili elde edilen bulguların, kuraklıkla ilgili ileride yapılacak ıslah çalışmaları ile genetik araştırmalara ön veri oluşturarak yardımcı olacağı düşünülmektedir.

6. KAYNAKLAR

- Abdel-Tawab, F.M., Stuber, C.W., Rashed, M.A., Bahieldin, A. ve Atta, A.H., 1998. Genome Mapping and Detection of QTLs Linked with Salt Tolerance in Maize. *Proceed International Conference on Clinical and Molecular Genetics*, 1, 230-248
- Ahmad, M.Q., Khan, S.H., Khan, A.S., Kazi, A.M. ve Basra, S., 2014. Identification of QTLs for Drought Tolerance Traits on Wheat Chromosome 2A Using Association Mapping. *International Journal of Agriculture and Biology*, 16, 862-870.
- Akpınar, B.A., Lucas, S.J. ve Budak, H., 2013. Genomics Approaches For Crop Improvement Against Abiotic Stress. *Scientific World Journal*.
- Al-Kordy, M.A., Shokry, A.M., Al-Hejin, A.M.M., Al-Ahmadi, A.A., Edris, S., Ramadan, A.M., Gadalla, N.O., El-Domyati F.M. ve Bahieldin A., 2013. Detection of Wheat (*Triticum aestivum*) Cultivars with Contrasting Performance Under Abiotic Stresses. *Life Science Journal*, 10(2), 2746-2756.
- Ameen, E.T., 2013. Molecular Markers for Drought Tolerance in Bread Wheat. *African Journal of Biotechnology*, 12(21), 3148-3152.
- Anonim, 2016a. DendroUPGMA: Aritmetik Ortalamayı Kullanan Ağırlıksız Çift Gruplama Metodu Programı(D-UPGMA). <http://genomes.urv.cat/UPGMA/index.php?entrada=Example2>. (Erişim Tarihi: 20.12.2016).
- Anonim, 2016b. PICCalc.<http://w3.georgikon.hu/pic/english/kezi.aspx>. (Erişim Tarihi: 15.12.16)
- Arora, A., Sairam, R.K. ve Srivastava G.C., 2002. Oxidative Stress and Antioxidative Systems in Plants. *Current Science*, 82, 1227-1238.
- Ashraf, M., 2010. Inducing Drought Tolerance in Plants: Recent Advances. *Biotechnology Advances*, 28, 169-183.
- Ateş Sönmezoğlu, Ö., 2006. Mikrosatelit DNA Belirleyicileri Kullanarak Yerel Makarnalık Buğday Çeşitlerinin Tanımlanması. *Yüksek Lisans Tezi*, Gaziosmanpaşa Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Tokat.
- Ateş Sönmezoğlu, Ö., Yıldırım, A., Eserkaya Güleç, T., Kandemir, N., Sayaslan, A. ve Koyuncu, M., 2010a. Molecular Breeding of Selçuklu-97 Durum Wheat Cultivar for Some Genes Affecting Pasta Quality. *Journal of Applied Biological Sciences*, 4(2), 51-55.

- Ateş Sönmezoğlu, Ö., Yıldırım, A., Eserkaya Güleç, T. ve Kandemir, N., 2010b. Markör Destekli Seleksiyonun Buğday Islahında Kullanımı. *Gaziosmanpaşa Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Dergisi*, 27(1), 105-112.
- Ateş Sönmezoğlu, Ö., Yıldırım, A. ve Eserkaya Güleç, T., 2010c. Tek Nükleotid Farklılıkları (SNP) ve Buğdayda Kullanımı. *Turkish Journal of Scientific Reviews*, 3(2), 55-66.
- Ateş Sönmezoğlu, Ö., Bozmaz, B., Yıldırım, A., Kandemir, N. ve Aydın, N., 2012. Genetic Characterization of Turkish Bread Wheat Landraces Based on Microsatellite Markers and Morphological Characters. *Turkish Journal of Biology*, 36, 589-597.
- Ateş Sönmezoğlu, Ö. ve Balkan, A.S., 2014. Molecular and Biochemical Analysis of Durum Wheat Genotypes to Examine Carotenoid Pigment Content and Lipoxigenase Enzyme Activity. *Cereal Research Communications*, 42(2), 218-228.
- Ateş Sönmezoğlu, Ö. ve Kütük, A., 2014. Determination of Genetic Diversity among Karaman Apple Landraces. *Journal of Food, Agriculture & Environment*, 12(1), 52-54.
- Bailey-Serres, J., Lee, S.C. ve Brinton, E., 2012. Waterproofing Crops: Effective Flooding Survival Strategies. *Plant Physiology*, 160(4), 1698-1709.
- Barnabas, B., Jager, K. ve Feher, A., 2008. The Effect of Drought and Heat Stress on Reproductive Processes in Cereals. *Plant Cell Environment*, 31, 11-38.
- Barrett, B.A. ve Kidwell, K.K., 1998. AFLP-Based Genetic Diversity Assessment Among Wheat Cultivars From The Pacific Northwest. *Crop Science*, 38, 1261-1271.
- Başer, İ., Korkut, K.Z. ve Bilgin, O., 2005. Ekmeklik Buğdayda (*Triticum aestivum* L.) Kurağa Dayanıklılıkla İlgili Özellikler Arasındaki İlişkiler. *Tekirdağ Ziraat Fakültesi Dergisi*, 2(3), 253-259.
- Bennett, D., Reynolds, M., Mullan, D., Izanloo, A., Kuchel, H., Langridge, P. ve Schnurbusch, T., 2012. Detection of Two Major Grain Yield QTL in Bread Wheat (*Triticum aestivum* L.) Under Heat, Drought and High Yield Potential Environments. *Theoretical and Applied Genetics*, 125(7), 1473-1485.
- Berkman, P.J., Lai, K., Lorenc, M.T. ve Edwards, D., 2012. Nextgeneration Sequencing Applications for Wheat Crop Improvement. *American Journal of Botany*, 99, 365-371.

- Bernardo, R., 2008. Molecular Markers and Selection for Complex Traits in Plants: Learning From The Last 20 Years. *Crop Science*, 48, 1649-1664.
- Bibi, S., Dahot, U.M., Nizamani, S.G., Khan, I.A., Khatri, A., Naqvi, M.H., Oad, F.C. ve Burio, U.A., 2010. Molecular Marker Assisted Selection for Drought Tolerant Wheat Genotypes. *Pakistan Journal of Botany*, 42(4), 2443-2452.
- Bitá, C. ve Gerats, T., 2013. Plant Tolerance to High Temperature in A Changing Environment: Scientific Fundamentals and Production of Heat Stress-Tolerant Crops. *Frontiers In Plant Science*, 4, 273.
- Blum, A., 1988. Plant Breeding for Stress Environments. Boca Raton, FL: CRC Press.
- Blum, A., 2006. Drought Adaptation in Cereal Crops: A Prologue. In: *Drought Adaptation in Cereals*. pp. 3-15. Ribaut, J. M., Ed., The Harworth Press, Inc., New York.
- Bonneau, J., Taylor, J., Parent, B., Bennett, D., Reynolds, M., Feuillet, C. ve Mather, D., 2013. Multi-Environment Analysis and Improved Mapping of a Yield-Related QTL on Chromosome 3B of Wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 126(3), 747-761.
- Botstein, D., White, R., Skolnick, M. ve Davis, R., 1980. Construction of a Genetic Linkage Map in Man Using Restriction Fragment Length Polymorphisms. *The American Journal of Human Genetics*, 32, 314-331.
- Bousba, R., Baum, M., Djekoune, A., Labadidi, S. ve Djighly, A., 2012. Screening for Drought Tolerance Using Molecular Markers and Phenotypic Diversity in Durum Wheat Genotypes. *World Applied Sciences Journal*, 16, 1219-1226.
- Boyer, J.S., 1982. Plant Productivity and Environment. *Science*, 218(4571), 443-448.
- Boyer, J.S., Byrne, P., Cassman, K.G., Cooper, M., Delmer, D., Greene, T. ve Lafitte, R., 2013. The US Drought of 2012 in Perspective: A Call To Action. *Global Food Security*, 2(3), 139-143.
- Bryan, G.J., Collins, A.J., Stephenson, P., Orry, A., Smith, J.B. ve Gale, M.D., 1997. Isolation and Characterisation of Microsatellites from Hexaploid Bread Wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 94, 557-563.
- Budak, H., Kantar, M. ve Kurtoglu, Y.K., 2013. Drought Tolerance in Modern and Wild Wheat. *The Scientific World Journal*, 1-16.
- Budak, H., Hussain, B., Khan, Z., Ozturk, N.Z. ve Ullah, N., 2015. From Genetics to Functional Genomics: Improvement in Drought Signaling and Tolerance in Wheat. *Frontiers in Plant Science*, 6.

- Busk, P.K., Jensen, A.B. ve Pages, M., 1997. Regulatory Elements in the Promoter of the Abscisic Acid Responsive Gene Rab17 from Maize. *The Plant Journal*, 11, 1285-1295.
- Chang, J., Zhang, J., Mao, X., Li, A., Jia, J. ve Jing, R., 2013. Polymorphism of *TaSAP1-A1* and Its Association with Agronomic Traits in Wheat. *Planta*, 237(6), 1495-1508.
- Cai, H., Tian, S., Liu, C. ve Dong, H., 2011. Identification of a MYB3R Gene Involved in Drought, Salt and Cold Stress in Wheat (*Triticum aestivum* L.). *Gene*, 485(2), 146-152.
- Chen, Z. ve Gallie, D.R., 2004. The Ascorbic Acid Redox State Controls Guard Cell Signaling and Stomatal Movement. *The Plant Cell*, 16, 1143-1162.
- Clarke, J.M., De Pauw R.M. ve Townley-Smith T.M., 1992. Evaluation of Methods for Quantification of Drought Tolerance in Wheat. *Crop Science*, 32, 728-732.
- Cooper, M., Woodruff, D.R., Phillips, I.G., Basford, K.E. ve Gilmour, A. R., 2001. Genotype-by-Management Interactions for Grain Yield and Grain Protein Concentration of Wheat. *Field Crops Research*, 69, 47-67.
- De Loose, M. ve Gheysen, G., 1995. Identification Methods Based on Molecular Techniques. UPOV, International Union for the Protection of New Varieties of Plants. Working Group on Biochemical and Molecular Techniques and DNA-Profiling in Particular, Wageningen, The Netherland.
- Diab, A.A., Kantety, R.V., Ozturk, N.Z., Benschel, D., Nachit, M.M. ve Sorrells M.E., 2008. Drought Inducible Genes and Differentially Expressed Sequence Tags Associated with Components of Drought Tolerance in Durum Wheat. *Full Length Research Paper*, 3(1), 9-27.
- Dodig, D., Zori, M., Kobiljski, B., Momirovi, G.S. ve Quarrie, S.A., 2010. Assessing Drought Tolerance and Regional Patterns of Genetic Diversity Among Spring and Winter Bread Wheat Using Simple Sequence Repeats and Phenotypic Data. *Csiro Publishing*, 61, 812-824.
- Doyle, J.J. ve Doyle, J.L., 1990. Isolation of Plant DNA From Fresh Tissue. *Focus*, 12, 13-15.
- Dreisigacker, S., Sukumaran, S., Guzmán, C., He, X., Bonnett, D. ve Crossa, J., 2016. Molecular Marker-Based Selection Tools in Spring Bread Wheat Improvement: CIMMYT Experience and Prospects. In *Molecular Breeding for Sustainable Crop Improvement*, 421-474.

- Dvorak, J., Luo, M.C. ve Akhunov, E., 2011. NI Vavilov's Theory of Centres of Diversity in The Light of Current Understanding of Wheat Diversity, Domestication and Evolution. *Czech Journal of Genetics and Plant Breeding*, 47, 20-27.
- Edae, E.A., Byrne, P.F., Manmathan, H., Haley, S.D., Moragues, M. ve Lopes, M.S., 2013. Association Mapping and Nucleotide Sequence Variation in Five Drought Tolerance Candidate Genes in Spring Wheat. *Plant Genome*, 6, 13.
- El-Rawy, M.A.E. ve Youssef, M., 2014. Evaluation of Drought and Heat Tolerance in Wheat Based on Seedling Traits and Molecular Analysis. *Journal of Crop Science and Biotechnology*, 17(3), 183-189.
- Esmailzadeh, M., Moghaddam, R.M., Trethowan, H.M., William, A., Rezai, A., Arzani A. ve Mirlohi, A.F., 2004. Assessment of Genetic Diversity in Bread Wheat Genotypes for Tolerance to Drought Using AFLPs and Agronomic Traits. *Euphytica*, 141, 147-156.
- Esmail, R.M., Sattar, A.A.A., Sherin Mahfouze, A., Magda A.M. El-Enany, Mostafa, E.A.H., Abou-Ellail, M.A., Mahfouze H.A. ve Fathallah, F.B., 2012. Genetic Characterizations Among Drought Tolerant Wheat Genotypes by Biochemical and Molecular Markers. *Journal of Applied Sciences Research*, 8(12), 5886-5896.
- Faheem, M., Mahmood, T., Shabbir, G., Akhtar, N., ul Kazi, A.G. ve Kazi, A.M., 2015. Assessment of D-genome Based Genetic Diversity in Drought Tolerant Wheat Germplasm. *International Journal of Agriculture & Biology*, 17, 791-796.
- Fleury, D., Jefferies, S., Kuchel H. ve Langridge, P., 2010. Genetic and Genomic Tools to Improve Drought Tolerance In Wheat. *Journal of Experimental Botany*, 61, 3211-3222.
- Fu, Y.B., Chong, J., Fetch, T. ve Wang, M.L., 2007. Microsatellite Variation in Avena Sterilis Oat Germplasm. *Theoretical and Applied Genetics*, 114, 1029-1038.
- Golabadi, M., Arzani A., Mirmohammadi Maibody, S.A.M., Sayed Tabatabaei, B.E. ve Mohammadi, S.A., 2011. Identification of Microsatellite Markers Linked With Yield Components Under Drought Stress at Terminal Growth Stages in Durum Wheat. *Euphytica*, 177, 207-221.
- Gupta, A.K., Kaur, K. ve Kaur, N., 2011. Stem Reserve Mobilization and Sink Activity in Wheat Under Drought Conditions. *American Journal of Plant Sciences*, 2, 70-77.
- Gürel, A. ve Avcıoğlu, R., 2001. Bitkilerde Strese Dayanıklılık Fizyolojisi. 21. Bölüm, Editörler: Özcan, S., Gürel, E., Babaoğlu, M. *Bitki Biyoteknolojisi II, Genetik*

Mühendisliği ve Uygulamaları Kitabı, Selçuk Üniversitesi Vakfı Yayınları, s. 308-313.

- Hai, L., Wagner, C. ve Friedt, W., 2007. Quantitative Structure Analysis of Genetic Diversity Among Spring Bread Wheats (*Triticum aestivum* L.) from Different Geographical Regions. *Genetica*, 130, 213-225.
- Hao, C.Y., Zhang, X.Y., Wang, L.F., Dong, Y.S., Shang, X.W. ve Jia, J.Z., 2006. Genetic Diversity and Core Collection Evaluations in Common Wheat Germplasm From The Northwestern Spring Wheat Region in China. *Molecular Breeding*, 17, 69-77.
- Helentjaris, T., King, G., Slocum, M., Siedenstrang, C. ve Wegman, S., 1985. Restriction Fragment Polymorphisms as Probes for Plant Diversity and Their Development as Tools for Applied Plant Breeding. *Plant Molecular Biology*, 5, 109-118.
- Hirabayashi, Y., Mahendran, R., Koirala, S., Konoshima, L., Yamazaki, D., Watanabe, S. ve Kanae, S., 2013. Global Flood Risk Under Climate Change. *Nature Climate Change*, 3(9), 816-821.
- Huang, X.Q., Börner, A., Röder, M.S. ve Ganai, M.W., 2002. Assessing Genetic Diversity of Wheat (*Triticum aestivum* L.) Germplasm Using Microsatellite Markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 105, 699-707.
- Huseynova, I.M. ve Rustamova, S.M., 2010. Screening for Drought Stress Tolerance in Wheat Genotypes Using Molecular Markers. *Proceedings of ANAS, Biological Sciences*, 65(5-6), 132-139.
- Ibrahim, S., Schubert, A., Pillen, K. ve Léon, J., 2012. QTL Analysis of Drought Tolerance for Seedling Root Morphological Traits in an Advanced Backcross Population of Spring Wheat. *International Journal of Agricultural Sciences*, 2, 619-629.
- Jaccard, P., 1908. Nouvelles Research Sur La Distribution Florare. *Bulletin De Lasociete Vaudoise Des Sciences Naturelles*, 44, 223-270.
- Kadam, S., Singh, K., Shukla, S., Goel, S., Vikram, P., Pawar, V., Gaikwad, K., Khanna-Chopra R. ve Singh, N., 2012. Genomic Associations for Drought Tolerance on the Short Arm of Wheat Chromosome 4B. *Functional and Integrative Genomics*, 12, 447-464.
- Kalefetoğlu, T. ve Ekmekçi, Y., 2005. Bitkilerde Kuraklık Stresinin Etkileri ve Dayanıklılık Mekanizmaları. *Gazi Üniversitesi Fen Bilimleri Dergisi*, 18(4), 723-740.

- Kantar, M., Lucas, S.J. ve Budak, H., 2011. Drought stress: molecular genetics and genomics approaches, in *Advances in Botanical Research Advances in Botanical Research*, ed. I. Turkan Burlington, MA: *Elsevier*, 445-493.
- Kirigwi, F.M., Van Ginkel, M., Brown-Guedira, G., Gill, B.S., Paulsen, G.M. ve Fritz, A.K., 2006. Markers Associated with a QTL for Grain Yield in Wheat Under Drought. *Molecular Breeding*, 20, 401-413.
- Kumar, U., Joshi, A.K., Kumari, M., Paliwal, R., Kumar, S., ve Röder, M.S., 2010. Identification of QTLs For Stay Green Trait in Wheat (*Triticum aestivum* L.) in the 'Chirya 3'×'Sonalika' population. *Euphytica*, 174, 437-445.
- Kumar, S., Sehgal, S.K., Kumar, U., Vara Prasad, P.V., Joshi, A.K. ve Gill, B.S., 2012. Genomic Characterization of Drought Tolerance-Related Traits in Spring Wheat. *Euphytica*, 186, 265-276.
- Kutlu, İ., 2010. Tahıllarda Kuraklık Stresi. *Türk Bilimsel Derlemeler Dergisi*, 3(1), 35-41.
- Langridge, P. ve Reynolds, M. P., 2015. Genomic Tools to Assist Breeding for Drought Tolerance. *Current Opinion in Biotechnology*, 32, 130-135.
- Li, W., Zhang, P., Fellers, J.P., Friebe, B. ve Gill, B.S., 2004. Sequence Composition, Organization, and Evolution of the Core Triticeae Genome. *Plant Journal*, 40, 500-11.
- Li, Y., Ye, W., Wang, M. ve Yan, X., 2009. Climate Change and Drought: A Risk Assessment Of Crop-Yield Impacts. *Climate Research*, 39, 31-46.
- Lichtenhaler, H.K., 1996. Vegetation Stress: An Introduction to The Stress Concept in Plants. *Journal of Plant Physiology*, 148, 4-14.
- Liu, B.H., 1997. *Statistical Genomics: Linkage, Mapping and QTL Analysis*. CRC Press, Boca Raton.
- Liu, Q., Kasuga, M., Sakuma, Y., Abe, H., Miura, H., Yamaguchi-Shinozaki, K. ve Shinozaki, K., 1998. Two Transcription Factors, Dreb1 and Dreb2, with an Erbp/Ap2 DNA Binding Domain Seperate Two Cellular Signal Transduction Pathways in Drought and Low Temperature Responsive Gene Expression, Respectively in Arabidopsis. *Plant Cell*, 10, 1391-1406.
- Lizumi, T., Sakuma, H., Yokozawa, M., Luo, J.J., Challinor, A.J., Brown, M.E. ve Yamagata, T., 2013. Prediction of Seasonal Climate-Induced Variations In Global Food Production. *Nature Climate Change*, 3(10), 904-908.

- Lowe, A.J., Hinotte, O. ve Guarino, L., 1996. Standardization of Molecular Genetic Techniques for The Characterization of Germplasm Collections: The Cause of Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD). *Plant Genetic Resources Newsletter*, 107, 50-54.
- Mahajan, S. ve Tuteja, N., 2005. Cold, Salinity and Drought Stress: An Overview. *Archives of Biochemistry and Biophysics*, 444, 139-158.
- Manifesto, M.M., Schlatter, A.R., Hopp, H.E., Suárez, E.Y. ve Dubcovsky, J., 2001. Evaluation of Genetic Diversity in Wheat Germplasm Using Molecular Markers. *Crop Science*, 41, 682-690.
- Mardeh, A.S., Ahmadi, A., Poustini K. ve Mohammadi, V., 2006. Evaluation of Drought Resistance Indices Under Various Environmental Conditions. *Field Crop Research*, 98, 222-229.
- Mickelbart, M.V., Hasegawa, P.M. ve Bailey-Serres, J., 2015. Genetic Mechanisms of Abiotic Stress Tolerance That Translate to Crop Yield Stability. *Nature Reviews Genetics*, 16(4), 237-251.
- Mir, R.R., Zaman-Allah, M., Sreenivasulu, N., Trethowan, R. ve Varshney, R.K., 2012. Integrated Genomics, Physiology and Breeding Approaches for Improving Drought Tolerance in Crops. *Theoretical and Applied Genetics*, 125(4), 625-645.
- Molina, C., Rotter, B., Horres, R., Udupa, S.M., Besser, B. ve Bellarmino, L., 2008. The Drought Stress-Responsive Transcriptome of Chickpea Roots. *BMC Genomics*, 9, 553.
- Mwadzingeni, L., Shimelis, H., Dube, E., Laing, M.D. ve Tsilo, T.J., 2016. Breeding Wheat for Drought Tolerance: Progress and Technologies. *Journal of Integrative Agriculture*, 15(5), 935-943.
- Nachit, M.M., Monneveux, P., Araus, J.L. ve Sorrells, M.E., 2000. Relationship of Dryland Productivity and Drought Tolerance with Some Molecular Markers for Possible MAS in Durum (*Triticum turgidum* L.). *Zaragoza: CIHEAM*, 40, 203-206.
- Nagy, S., Poczai, P., Cernák, I., Gorji, A. M., Hegedűs, G. ve Taller, J., 2012. PICcalc: An Online Program to Calculate Polymorphic Information Content for Molecular Genetic Studies. *Biochemical genetics*, 1-3.
- Naqvi, N.I., Bonman, J.M., Mackill, D.J., Nelson R.J. ve Chattoo, B.B., 1995. Identification of RAPD Markers Linked to a Major Blast Resistance Gene in Rice. *Molecular Breeding*, 1, 341-348.

- Nei, M., 1978. Estimation of Average Heterozygosity and Genetic Distance from a Small Number of Individuals. *Genetics*, 89(3), 583-590.
- Nei, M. ve Li, W.H., 1979. Mathematical Model for Studying Variation in Terms of Restriction Endonucleases. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 76, 5269-5273.
- Naserian, B., Zamani, M. ve Vedadi, C., 2014. Effects of Drought and Salinity as Abiotic Stresses on Some Qualitative Traits of Iranian Wheat Genotypes. *Romanian Biotechnological Letters*, 19(2), 9212-9221.
- Nemat, M., Hassan, Zeinab, M., El-Bastawisy, Ahamed, K., El-Sayed, H.T., Ebeed, ve M.M. Nemat Alla, 2015. Roles of Dehydrin Genes in Wheat Tolerance to Drought Stress. *Journal of Advanced Research*, 6, 179-188.
- Nevo, E. ve Chen, G., 2010. Drought, Salt Tolerances in Wild Relatives for Wheat, Barley Improvement. *Plant Cell Environment*, 33, 670-685.
- Öztürk, N.Z., 2015. Bitkilerin Kuraklık Stresine Tepkilerinde Bilinenler ve Yeni Yaklaşımlar. *Türk Tarım, Gıda Bilim ve Teknoloji Dergisi*, 3(5), 307-315.
- Pakniyat, H. ve Tavakol, E., 2007. RAPD Markers Associated with Drought Tolerance in Bread Wheat (*Triticum aestivum* L.). *Pakistan Journal Biological Sciences*, 10, 3237-3239.
- Passioura, J.B., 2006. Increasing Crop Productivity When Water is Scarce-From Breeding to Field Management. *Agricultural Water Management*, 80, 176-196.
- Passioura, J. B., 2010. Scaling Up: The Essence of Effective Agricultural Research. *Functional Plant Biology*, 37, 585-591.
- Passioura, J., 2012. Phenotyping for Drought Tolerance in Grain Crops: When is It Useful to Breeders ? *Functional Plant Biology*, 39, 851-859.
- Patnaitk, D. ve Khurana P., 2001. Wheat Biotechnology: A Mini-Review. *Electron Journal of Biotechnology*, 4, 74 - 102.
- Paux, E., Roger, D., Badaeva, E., Gay, G., Bernard, M., Sourdille, P. ve Feuillet, C., 2006. Characterizing the Composition And Evolution of Homoeologous Genomes in Hexaploid Wheat Through BAC-end Sequencing on Chromosome 3B. *The Plant Journal*, 48, 463-474.
- Peleg, Z., Saranga, Y., Krugman, T., Abbo, S., Nevo, E. ve Fahima, T., 2008. Allelic Diversity Associated with Aridity Gradient in Wild Emmer Wheat Populations. *Plant, Cell and Environment*, 31, 39-49.

- Penner, G.A., Lee, S.J., Bezte, L.J. ve Ugali, E., 1996. Rapid RAPD Screening of Plant DNA Using Dot Blot Hybridization. *Molecular Breeding*, 2, 7-10.
- Prasad, M., Varshney, R.K., Roy, J.K., Balyan, H.S. ve Gupta, P.K., 2000. The Use of Microsatellites For Detecting DNA Polymorphism, Genotype Identification and Genetic Diversity in Wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 100, 584-592.
- Prasad, B., Babar, M.A., Xu, X.Y., Bai, G.H. ve Klatt, A.R., 2009. Genetic Diversity in U.S. Hard Red Winter Wheat Cultivars as Revealed by Microsatellite Markers. *Crop and Pasture Science*, 60, 16-24.
- Pryor, S.C., Barthelmie, R.J. ve Schoof, J.T., 2013. High-Resolution Projections of Climate-Related Risks for The Midwestern USA. *Climate Research*, 56(1), 61-79.
- Quarrie, S.A., Gulli, M., Calestani, C., Steed, A. ve Marmioli, N., 1994. Location of a Gene Regulating Drought-Induced Abscisic Acid Production on The Long Arm of Chromosome 5A of Wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 89, 794-800.
- Quarrie, S.A., Dodig, D., Pekić, S., Kirby, J. ve Kobiljski B., 2003. Prospects for Marker-Assisted Selection of Improved Drought Responses in Wheat. *Bulgarian Journal of Plant Physiology, Special Issue*, 83, 9.
- Rafalski, A., Morgante, M., Powell, W., Vogel, J.M. ve Tingey, S.V., 1996. Generating and Using DNA Markers in Plants. In: Birren B., Lai E. (Eds.): *Analysis of Non-Mammalian Genomes - A Practical Guide*. Academic Press, p. 4, New York.
- Rampino, P., Pataleo, S., Gerardi, C. ve Perotta C., 2006. Drought Stress Responses in Wheat: Physiological and Molecular Analysis of Resistant and Sensitive Genotypes. *Plant, Cell and Environment*, 29, 2143-2152.
- Ramya, P., Jain, N., Singh, P.K., Singh, G.P. ve Prabhu, K.V., 2015. Population Structure, Molecular and Physiological Characterisation of Elite Wheat Varieties Used as Parents in Drought and Heat Stress Breeding in India. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, 75(2), 250-252.
- Rashed, M.A., Sabry, S.R.S., Atta, A.H. ve Mostafa, A.M., 2010. Development of RAPD Markers Associated with Drought Tolerance in Bread Wheat (*Triticum aestivum*), *Egyptian Journal of Genetics and Cytology*, 39, 131-142
- Rellegrineschi, A., Ribaut, J.M. ve Trethowan, R., 2002. Looking Beyond The Details: A Rise Insystem-Oriented Approaches in Genetics and Molecular Biology. *Current Genetics*, 41, 1-10.

- Rosenzweig, C., Elliott, J., Deryng, D., Ruane, A. C., Müller, C., Arneth, A. ve Neumann, K., 2014. Assessing Agricultural Risks of Climate Change in The 21st Century in A Global Gridded Crop Model Intercomparison. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 111(9), 3268-3273.
- Röder, M.S., Korzun, V., Wendehake, K., Plaschke, J., Tixier, M.H., Leroy, P. ve Ganal, M.W., 1998. A Microsatellite Map of Wheat. *Genetics*, 149(4), 2007-2023.
- Salvi, S. ve Tuberosa, R., 2015. The QTLome Comes of Age. *Current Opinion in Biotechnology*, 32, 179-185.
- Saxena, R.K., Penmetsa, R.V., Upadhyaya, H.D., Kumar, A., Carrasquilla-Garcia, N. ve Schlueter, J.A., 2012. Large-Scale Development of Cost-Effective Single Nucleotide Polymorphism Marker Assays for Genetic Mapping in Pigeonpea and Comparative Mapping in Legumes. *DNA Research*, 19, 449-461.
- Serraj, R., Hash, C.T. ve Rivzi, S.M.H., 2005. Recent Advances in Marker-Assisted Selection for Drought Tolerance in Pearl Millet. *Plant Production Science*, 8, 334-337.
- Shaha, Z.H., Munir, M., Kazi, A.M., Mujtaba, T. ve Ahmed. Z., 2009. Molecular Markers Based Identification of Diversity for Drought Tolerance in Bread Wheat Varieties and Synthetic Hexaploids. *Current Issues in Molecular Biology*, 11, 101-110.
- Sharma, S.C. ve Thakur, K.S., 2004. Selection Criteria for Drought Tolerance in Spring Wheat (*T. aestivum* L.). Proceedings of the 4th International Crop Science Congress, Brisbane, Australia.
- Sharma, R. 2013. Does Low Yield Heterosis Limit Commercial Hybrids in Wheat. *African Journal of Agricultural Research*, 8, 6663-6669.
- Shavrukov, Y., 2016a. Comparison of SNP and CAPS Markers Application in Genetic Research in Wheat and Barley. *BMC Plant Biology*, 16,11.
- Shavrukov, Y., Zhumalin, A., Serikbay, D., Botayeva, M., Otemisova, A., Absattarova, A. ve Jatayev, S., 2016b. Expression Level of the DREB2-Type Gene, Identified with Amplifluor SNP Markers, Correlates with Performance, and Tolerance to Dehydration in Bread Wheat Cultivars from Northern Kazakhstan. *Frontiers in Plant Sciences*, 7.
- Shinozaki, K. ve Yamaguchi-Shinozaki, K., 2000. Molecular Responses to Dehydration and Low Temperature: Differences and Cross-Talk Between Two Stress Signalling Pathways. *Current Opinion in Plant Biology*, 3, 217-223.

- Sinclair, T.R., 2011. Challenges in Breeding for Yield Increase for Drought. *Trends in Plant Science*, 16, 289-293.
- Somers, D.J. ve Isaac P., 2004. SSRs From The Wheat Microsatellite Consortium. wheat.pw.usda.gov/ggpages/SSR/WMC.
- Suakar, Ö., 2012. Zeytin cDNA Kütüphanelerinin Moleküler Karakterizasyonu Ve Önemli Genlerin Tespiti. *Doktora Tezi*, Balıkesir Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji Anabilim Dalı, Balıkesir.
- Sukumaran, S., Dreisigacker, S., Lopes, M., Chavez, P. ve Reynolds, M.P., 2015. Genome-Wide Association Study for Grain Yield and Related Traits in an Elite Spring Wheat Population Grown in Temperate Irrigated Environments. *Theoretical and Applied Genetics*, 128(2), 353-363.
- Toker, C., Canci, H. ve Yildirim, T., 2007. Evaluation of Perennial Wild *Cicer* Species for Drought Resistance. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 54, 1781-1786.
- Tomar, R.S., Deshmukh, R.K., Naik, B.K., Vinod, ve Tomar, S.M.S., 2013. Development of Chloroplast-Specific Microsatellite Markers for Molecular Characterization of Alloplasmic Lines and Phylogenetic Analysis in Wheat. *Plant Breeding*, 133(1), 12-18.
- Tomar, R.S.S., Tiwari, S., Naik, B.K., Chand, S., Deshmukh, R., Mallick, N. ve Tomar, S.M.S., 2016. Molecular and Morpho-Agronomical Characterization of Root Architecture at Seedling and Reproductive Stages for Drought Tolerance in Wheat. *PloS One*, 11(6), 156-528.
- Tuberosa, R., 2012. Phenotyping for Drought Tolerance of Crops in The Genomics Era. *Frontiers Physiology*, 3, 347.
- Turner, N.C., Blum, A., Cakir, M., Steduto, P., Tuberosa, R. ve Young, N., 2014. Strategies to Increase The Yield and Yield Stability of Crops Under Drought – Are We Making Progress?. *Functional Plant Biology*, 41, 1199-1206.
- Vaiman, D., Mercier, D., Moazami-Goudarzi, K., Eggen, A., Ciampolini, R., Lépingle, A.ve Lévéziel, H., 1994. A set of 99 Cattle Microsatellites: Characterization, Synteny Mapping, and Polymorphism. *Mammalian Genome*, 5(5), 288-297.
- Wei, B., Jing, R., Wang, Ch., Chen, J., Mao, X., Chang, X. ve Jia, J., 2009. Dreb1 Genes in Wheat (*Triticum aestivum* L.): Development of Functional Markers and Gene Mapping Based on SNPs. *Molecular Breeding*, 23, 13-22.

- Williams, J.C., Kubelik, K., Livak, A.R.J., Rafalski, A.K.J. ve Tingey, S.V., 1990. DNA Polymorphism Amplified by Arbitrary Primers are Useful as Genetic Markers. *Nucleic Acids Research*, 18, 6531-6535.
- Yıldırım, A., Kandemir, N., Sönmezoğlu, Ö.A. ve Güleç, T.E., 2009. Transferability of Microsatellite Markers Among Cool Season Cereals. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 23(3), 1299-1302.
- Yıldırım, A., Ateş Sönmezoğlu, Ö., Gökmen, S., Kandemir, N. ve Aydın, N., 2011a. Determination of Genetic Diversity among Turkish Durum Wheat Landraces by Microsatellites. *African Journal of Biotechnology*, 10(19), 3915-3920.
- Yıldırım, A., Güleç, T., Sayaslan, A., Koyuncu, M., Ateş Sönmezoğlu, Ö. ve Kandemir, N., 2011b. Molecular and Biochemical Screening of Turkish Durum Wheat Landraces for γ -Gliadin and LMW-Glutenin Proteins Associated with Pasta-Cooking Quality. *Turkish Journal of Field Crops*, 16(2), 220-224.
- Yıldırım, A., Ateş Sönmezoğlu, Ö., Sayaslan, A., Koyuncu, M., Güleç, T. ve Kandemir, N., 2013. Marker-Assisted Breeding of A Durum Wheat Cultivar for γ -Gliadin and LMW-Glutenin Proteins Affecting Pasta Quality. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 37, 527-533.
- Yılmaz, E., Tuna, A.L. ve Bürün, B., 2011. Bitkilerde Tuz Stresi Etkilerine Karşı Geliştirdikleri Tolerans Stratejileri. *Celal Bayar Üniversitesi Fen Bilimleri Dergisi*, 7(1), 47-66.
- Zhao, C.X., Guo, L.Y., Cheruth, A.J., Shao, H.B. ve Yang, H.B., 2008. Prospective for Applying Molecular and Genetic Methodology to Improve Wheat Cultivars in Drought Environments. *Comptes Rendus Biologies*, 331, 579-586.

7. ÖZGEÇMİŞ

Kişisel Bilgiler

Adı Soyadı : Begüm TERZİ
Doğum Tarihi ve Yer : 10.01.1990 / İstanbul
Medeni Hali : Bekar
Yabancı Dili : İngilizce
Telefon : 0554 7749263
e-mail : begumterzi19@gmail.com
Adres : Başakşehir Mah. 2089 Sok. B1-19. Blok D:19 Karaman

Eğitim

Derece	Eğitim Birimi	Tarih
Lise	İzmir Anadolu Lisesi	2004 – 2008
Lisans	Fırat Üniversitesi Mühendislik Fakültesi- Biyomühendislik	2009 – 2013
Yüksek Lisans	Karamanoğlu Mehmetbey Üniversitesi Biyomühendislik	2014 – 2017

Yüksek Lisans Tezi: Bazı Ekmeklik Buğday Genotiplerinin Kuraklığa Tolerans Bakımından DNA Markörleriyle Karakterizasyonu

Lisans Tezi: İzole organ banyosunda HEPES ve NaCl içeren farklı tampon çözeltiler kullanılarak sıçan aort hücrelerinin kasılma frekanslarının izlenmesi

Stajlar:

- ONKİM Kök Hücre Teknolojileri
- Kordon kanı kök hücrelerini yoğunlaştırma, SEPAX yöntemiyle ayrıştırma, kademeli dondurma ve -196 derecede dondurarak saklama yöntemleri ile Flow Sitometrede CD 34 ve CD 45 sayımları.
- Ege Üniversitesi Biyomühendislik Bölümü Algal Biyoteknoloji Laboratuvarı
- GATA Gülhane Askeri Tıp Akademisi, METÜM (Medikal Tasarım ve Üretim Merkezi)

Uzmanlık Alanları:

- Bitki Biyoteknolojisi
- Moleküler Markör Teknikleri
- DNA İzolasyonu ve Saflaştırılması
- Polimeraz Zincir Reaksiyonu ve Optimizasyonu

Yapılan Bilimsel Çalışmalar

Katıldığı Kongreler

- International Mesopotamia Agriculture Congress – IMAC, 22-25 September, 2014, Diyarbakır, Turkey.
- İç Anadolu Bölgesi 2. Tarım ve Gıda Kongresi, 28-30 Nisan 2015, Nevşehir.
- 11. Tarla Bitkileri Kongresi, 7-10 Eylül 2015, Çanakkale.
- ICBT 2016:18th International Conference Journal of Biotechnology and Bioengineering, 8-9 August 2016, Venice, Italy.

Uluslararası Makale ve Bildiriler:

- Ö. Ateş Sönmezoğlu, S. Akın, **B. Terzi**, S. Mutlu, S. Sönmezoğlu, **2016**. An Effective Approach for High-Efficiency Photoelectrochemical Solar Cell by Using Bifunctional DNA Molecules Modified Photoanode. *Advanced Functional Materials*, 26(47), 8776-8783. DOI: 10.1002/adfm.201603454.
- Ö. Ateş Sönmezoğlu, A. Yıldırım, L.N. Gündüz, R. Özbey, **B. Terzi**, **2014**. Marker Assisted Quality Breeding of Some Advanced Durum Wheat Lines. *International Mesopotamia Agriculture Congress - IMAC, 22 - 25 September 2014*. p. 52-53, Diyarbakır, Turkey (Sunulu Bildiri).
- Ö. Ateş Sönmezoğlu, H. Keskin, **B. Terzi**, **2014**. Detection of Genetically Modified Organisms in Processed Food Products. *International Mesopotamia Agriculture Congress - IMAC, 22 - 25 September 2014*, p. 204-205, Diyarbakır, Turkey (Poster).
- **B. Terzi**, Ö. Ateş Sönmezoğlu, A. Yıldırım, **2016**. Characterization of Some Bread Wheat Genotypes for Drought Tolerance Using Molecular Markers. *ICBT, 18th International Conference Journal of Biotechnology and Bioengineering, 8-9 August, 2016, Venice, Italy* (Poster).

Ulusal Bildiriler:

- Ö. Ateş Sönmezoğlu, A. Kütük, **B. Terzi**, A. Yıldırım, **2015**. Yerel Elma Çeşitlerinin Genetik Karakterizasyonunda Mikrosatelitlerin Kullanımı. İç Anadolu Bölgesi 2. Tarım ve Gıda Kongresi, 28-30 Nisan 2015. s. 37, Nevşehir (Sunulu Bildiri).
- Ö. Ateş Sönmezoğlu, A. Yıldırım, L.N. Gündüz, **B. Terzi**, T. Güleç, R. Özbey, **2015**. Makarnalık Buğdayda *GPC-B1* Geni Bakımından Markör Destekli Geri Melezleme Islahı. Türkiye 11. Tarla Bitkileri Kongresi, 07-10 Eylül 2015, Çanakkale (Sunulu Bildiri).
- Ö. Ateş Sönmezoğlu, A. Yıldırım, R. Özbey, T. Güleç, **B. Terzi**, L.N. Gündüz, **2015**. Makarnalık Buğdayda *Lpx-B1* Geni Bakımından Melez Hatların Elde Edilmesi. Türkiye 11. Tarla Bitkileri Kongresi, 07-10 Eylül 2015, Çanakkale (Sunulu Bildiri).
- Ö. Ateş Sönmezoğlu, **B. Terzi**, S. Belen, A. Yıldırım, **2015**. Ekmeklik Buğday Genotiplerinin Kuraklığa Tolerans Bakımından Moleküler Karakterizasyonu. Türkiye 11. Tarla Bitkileri Kongresi, s. 455-458, 07-10 Eylül 2015, Çanakkale (Poster).

Ödüller:

- Türkiye XI. Tarla Bitkileri Kongresi. Biyoteknoloji Alanında En İyi Poster Ödülü, 2015. Ö. Ateş Sönmezoğlu, **B. Terzi**, S. Belen, A. Yıldırım, **2015**. Ekmeklik Buğday Genotiplerinin Kuraklığa Tolerans Bakımından Moleküler Karakterizasyonu. Poster Sunumu, Çanakkale.