Doktora Tezi

Rıdvan TEMİZGÜL

Biyoloji Anabilim Dalı

2014

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

TÜRKİYE'DEKİ BAZI YEREL EKMEKLİK BUĞDAY ÇEŞİTLERİNDE GLUTEN POLİMORFİZMİ VE GEN ÇEŞİTLİLİĞİNİN BELİRLENMESİ

Hazırlayan
Rıdvan TEMİZGÜL

Danışman
Doç. Dr. Mikail AKBULUT

Doktora Tezi

Kasım 2014
KAYSERİ

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

TÜRKİYE'DEKİ BAZI YEREL EKMEKLİK BUĞDAY ÇEŞİTLERİNDE GLUTEN POLİMORFİZMİ VE GEN ÇEŞİTLİLİĞİNİN BELİRLENMESİ

Hazırlayan
Rıdvan TEMİZGÜL

Danışman
Doç. Dr. Mikail AKBULUT

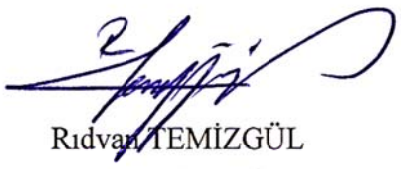
Doktora Tezi

Bu çalışma Erciyes Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Birimi tarafından FBD-11-3666 kodlu proje ile desteklenmiştir

Kasım 2014
KAYSERİ

BİLİMSEL ETİĞE UYGUNLUK

Bu çalışmadaki tüm bilgilerin, akademik ve etik kurallara uygun bir şekilde elde edildiğini beyan ederim. Aynı zamanda bu kural ve davranışların gerektirdiği gibi, bu çalışmanın özünde olmayan tüm materyal ve sonuçları tam olarak aktardığımı ve referans gösterdiğimi belirtirim.



Rıdvan TEMİZGÜL

YÖNERGEYE UYGUNLUK

Türkiye'deki Bazı Yerel Ekmeklik Buğday Çeşitlerinde Gluten Polimorfizmi ve Gen Çeşitliliğinin Belirlenmesi adlı Doktora tezi, Erciyes Üniversitesi Lisansüstü Tez Önerisi ve Tez Yazma Yönergesi'ne uygun olarak hazırlanmıştır.

Tezi Hazırlayan

Rıdvan TEMİZGÜL

Danışman

Doç. Dr. Mikail AKBULUT

Prof. Dr. Nusret AYYILDIZ

Biyoloji ABD Başkanı

Doç. Dr. Mikail AKBULUT danışmanlığında **Rıdvan TEMİZGÜL** tarafından hazırlanan **"Türkiye'deki Bazı Yerel Ekmeklik Buğday Çeşitlerinde Gluten Polimorfizmi ve Gen Çeşitliliğinin Belirlenmesi"** adlı bu çalışma, jürimiz tarafından Erciyes Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü **Biyoloji** Anabilim Dalında **Doktora** tezi olarak kabul edilmiştir.

27.11.2014

JÜRİ:

Başkan: Prof. Dr. Osman GÜLŞEN .....

Üye :Doç. Dr. Mikail AKBULUT .....

Üye :Doç. Dr. Ertuğrul YÜZBAŞIOĞLU .....

Üye :Doç. Dr. Mevlüt AKÇURA .....

Üye :Doç. Dr. Fatma ÖZTÜRK KÜP .....

ONAY:

Bu tezin kabulü, Enstitü Yönetim Kurulunun 09/12/2014 tarih ve 2014/55-03 sayılı kararı ile onaylanmıştır.

09.12.2014

Enstitü Müdürü
Prof. Dr. Kâzım Keşlioğlu

TEŞEKKÜR

Çalışmalarım boyunca bilimsel katkılarıyla beni aydınlatan yardımlarını esirgemeyen, bu günlere gelmemde büyük katkıları olan sayın hocam Doç. Dr. Mikail AKBULUT'a teşekkürü bir borç bilirim.

Tez çalışmalarım boyunca, çalışmalarıma yön veren ve yardımlarını esirgemeyen saygıdeğer hocalarım Prof. Dr. Osman GÜLŞEN, Doç. Dr. Mevlüt AKÇURA ve Doç. Dr. Ertuğrul YÜZBAŞIOĞLU'na da teşekkürlerimi sunarım.

Tez çalışmalarım sırasında yardımlarından dolayı. Doç. Dr. Servet ÖZCAN, Doç. Dr. Semih YILMAZ, Prof. Dr. Abdurrahman AYVAZ, Öğr. Gör. Dr. Uğur AZİZOĞLU, Prof. Dr. Coşkun TEZ, Yrd. Doç. Dr. Mahmut KAPLAN, Uzm. Mehmet TAŞKIRAN ve bölüm başkanımız sayın Prof. Dr. Nusret AYYILDIZ hocalarıma da teşekkür ederim.

Ayrıca tüm çalışmalarım boyunca sonsuz sabır gösteren, maddi-manevi desteklerini esirgemeyen sevgili eşim Ayşegül ve oğlum Mehmet'e de sonsuz minnet ve teşekkürlerimi sunarım.

Öğrenim hayatım ve çalışmalarım boyunca verdikleri desteklerden ve gösterdikleri anlayıştan dolayı annem Nazmiye EKŞİ ve kardeşim Sibel EKŞİ başta olmak üzere babama, abilerime ve ablalarıma da sonsuz şükranlarımı sunarım.

Bu tez çalışmasına maddi destek veren Erciyes Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Birimi'ne (Proje No: FBD-11-3666) de teşekkür ederim.

Rıdvan TEMİZGÜL

Kayseri, Kasım 2014

TÜRKİYE'DEKİ BAZI YEREL EKMEKLİK BUĞDAY ÇEŞİTLERİNDE GLUTEN POLİMORFİZMİ VE GEN ÇEŞİTLİLİĞİNİN BELİRLENMESİ

Rıdvan TEMİZGÜL
Erciyes Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü
Doktora Tezi, Kasım 2014
Danışman: Doç. Dr. Mikail AKBULUT

ÖZET

Kültüre alınan bitkiler için dünya üzerinde sekiz orijin merkezi bulunduğu önerilmektedir. Bu bölgelerin en eski tarım yapılan yerler olduğu kabul edilmiştir. Türkiye bu merkezlerden ikisinin (Yakın Doğu ve Akdeniz) kesiştiği bir konumda yer almakta ve buğday, arpa, çavdar ve yulaf gibi temel tahılların yeryüzüne dağıldığı ya da çeşitlendiği gen merkezi olarak bilinmektedir. Hekzaploid buğday albümin, globülin, gliadin ve glutenin proteinlerini içerir. Glutenler kendilerine özgü düşük ve yüksek molekül ağırlıklı alt ünitelere sahiptirler. Ekmeklik buğday çeşitleri 3-5 yüksek molekül ağırlıklı gluten alt ünitesi içerir. Bu çalışmada 116 adet yerel ekmeklik buğday çeşidinde gluten allel polimorfizmi ve gen çeşitliliği çalışılmıştır. Gluten allelleri SDS-PAGE ve PZR üzerinden gerçekleştirilmiştir. İstatistiksel analizlerde POPGENE paket programı kullanılmıştır. Türkiye genelinde çalışan örneklerde ortalama *Glu-1* kalite skoru 6.07 olarak bulunmuştur. Dx2+Dy12 0.60, Bx7+By8 0.54, Axnull 0.30, Dx5+Dy10 0.28 ve Ax2* 0.26 frekansta belirlenmiştir. Türkiye genelinde 22 farklı allel 50 farklı kombinasyonda gözlenmiştir. Allelik kombinasyonlar arasında Bx7+By8-Dx2+Dy12 allelik kombinasyonu 0.23 frekans ile en yüksek gözlenme oranına sahiptir. En sık rastlanan alleller Bx7, By8, Dx2, Dy12, Ax2*, Axnull, Bx20, Dx5 ve Dy10 olmuştur. Bir adet muhtemel yeni allel (Dy12*) tespit edilmiştir. Ortalama gen çeşitliliği (h) en yüksek *Glu-A1* lokusunda (0.32 ± 0.15), en düşük *Glu-B1*'de (0.07 ± 0.12) bulunmuştur. Genetik benzerlik oranı (I) en yüksek *Glu-A1*'de (0.49 ± 0.18) tespit edilmiştir. Ortalama genetik çeşitlilik (Ht) 0.33 ± 0.02 değeri ile en yüksek *Glu-A1* lokusunda ve 0.07 ± 0.01 değeri ile de en düşük *Glu-B1* lokusunda gözlenmiştir. Ortalama heterozigotluk 2.8214 bulunmuştur.

Anahtar kelimeler: HMW gluten, *Glu–1* kalite skoru, Buğdayda genetik çeşitlilik, Bağlantı eşitsizliği

DETERMINATION OF GLUTEN POLYMORPHISM AND GENE DIVERSITY IN SOME LOCAL BREAD WHEAT VARIETIES OF TURKEY

Rıdvan TEMİZGÜL
Erciyes University, Graduate School of Natural and Applied Sciences
Ph. D. Thesis, November 2014
Supervisors: Assoc. Prof. Dr. Mikail AKBULUT

ABSTRACT

It has been proposed eight centers of origin for cultivated plants in the world. Those places are also considered as ancient centers of agriculture. Turkey is located in the interception of two of those centers (Near East and Mediterranean) and suggested as gene center from which main cereals such as wheat, barley, rye an oats are diversified and dispersed to earth. Hexaploid wheat contains albumins, globulins gliadins and gluten proteins. Glutens have specific High Molecular Weight and Low Molecular Weight subunits. Bread wheat contains 3-5 High Molecular Weight gluten subunits. In this study, gluten allele polymorphism and gene diversity was studied in 116 local wheat lines by means of SDS-PAGE and PCR. POPGENE package program was used for statistical analysis. Average *Glu-1* quality score was found to be 6.07 for the studied samples. The frequencies of Dx2+Dy12, Bx7+By8, Axnull, Dx5+Dy10 and Ax2* was calculated to be 0.60, 0.54, 0.30 0.28 and 0.26, respectively. Overall 22 different alleles were observed at 50 different combinations. With the frequency of 0.23, Bx7+By8-Dx2+Dy12 were the most frequently observed allelic combinations. The most frequently encountered alleles were found to be Bx7, By8, Dx2, Dy12, Ax2*, Axnull, Bx20, Dx5 and Dy10. Putative one new allele (Dy12*) was also determined. While average gene diversity (h) was determined to be highest in *Glu-A1* loci (0.32 ± 0.15), the lowest gene diversity was detected in *Glu-B1* (0.07 ± 0.12). The highest genetic similarity (I) was determined in *Glu-A1* loci (0.49 ± 0.18). Average genetic diversity (Ht) was found to be the highest (0.33 ± 0.02) in *Glu-A1* loci, but it was the lowest in *Glu-B1* (0.07 ± 0.01). Average heterozygosity was determined to be 2.8214.

Key words: HMW gluten, *Glu-1* quality score, wheat genetic diversity, linkage disequilibrium

İÇİNDEKİLER

TÜRKİYE'DEKİ BAZI YEREL BUĞDAY ÇEŞİTLERİNDE GLUTEN POLİMORFİZMİNİN BELİRLENMESİ

Sayfa

BİLİMSEL ETİĞE UYGUNLUK i
YÖNERGEYE UYGUNLUK ii
KABUL VE ONAY iii
TEŞEKKÜR iv
ÖZET v
ABSTRACT vi
İÇİNDEKİLER vii
KISALTMALAR VE SİMGELER xiii
TABLOLAR LİSTESİ xvii
ŞEKİLLER LİSTESİ xxiv

GİRİŞ 1

1. BÖLÜM

GENEL BİLGİLER

1.1. Buğday……..... 10
1.1.1. Dünyada ve Türkiye'de Buğdayın Önemi..... 10
1.1.2. Buğdayın Orjini ve Evrimi..... 15
1.1.3. Günümüzde Kültüre Alınan Buğdaylar..... 18
1.1.4. Buğday Neden Bu Kadar Başarılı Olmuştur?…… 18
1.1.5. Buğdayın Genetiği……..18
1.1.6. Buğday Taneleri……. 20
1.1.7. Buğday Gluten Proteinleri ve İşleme Özellikleri …..……..... 22

1.1.8. Glutenin Orjini ……..... 22
1.1.9. Gluten İşlevselliğinin Biyokimyasal ve Moleküler Temelleri..... 24
1.2. Kalite Stabilitesi ……..... 25
1.3. Buğday Gluten Proteinleri……..... 26
1.3.1. Sınıflandırma ve İsimlendirme……..... 26
1.3.2. Buğday Gluteni: Bir Hayli Kompleks Karışım……..... 28
1.3.3. Prolamin Yapısı……..... 30
1.3.4. Depo Proteinlerinin Sınıflandırılması ……..... 32
1.3.4.1. Terminoloji……..... 34
1.3.5. Depo Proteinlerinin Genetiği……..... 34
1.3.5.1. Genetik ve Polimorfizm……..... 35
1.3.6. Glutenin Proteinlerinin Yapısı……..... 36
1.3.6.1. Amino Asit Kompozisyonu ve N-Terminal Dizileri……..... 38
1.3.7. Gluten Proteinlerinin Kimyası……..... 39
1.3.7.1. Gliadinler……..... 41
1.3.7.2. Gluteninler……..... 43
1.3.7.3. Disülfit Bağları……..... 45
1.4. Gluten Proteinlerinin Kromozomal Düzenlenmesi ve Haritalanması…..... 47
1.4.1. Gliadinler……..... 47
1.4.2. Yüksek Moleküler Ağırlıklı Gluten Alt Üniteleri……..... 49
1.4.3. Düşük Moleküler Ağırlıklı Gluten Alt Üniteleri……..... 51
1.4.4. Küçük Gliadin ve Glutenin Alt Ünite Lokusları……..... 53
1.5. Gluten Protein Multigen Bölgelerinin Analizi……..... 54
1.5.1. *Gli-1* Lokusu……..... 54
1.5.2. *Gli-2* Lokusu……..... 55
1.5.3. *Gli-1/Glu-3* Lokusu……..... 56
1.5.4. *Gli-1/Glu-3* Lokusundaki Null Mutantların Analizi……..... 57
1.6. Gluten Protein Genlerinin İzolasyon, Karakterizasyon ve Ekspresyonu…..... 57
1.6.1. Yüksek Moleküler Ağırlıklı Alt Ünite Genlerinin Yapı ve Evrimi…..... 57
1.6.2. Gen Ekspresyonu……..... 61
1.7. Gluten Proteinler ve Tane Kalitesi……..... 62
1.7.1. Gliadinler……..... 62
1.7.2. Gluten Alt Üniteleri……..... 63

1.7.3. Glu-1 ve Glu-3 Bölgeleri Arasındaki İnteraksiyonlar……..... 65

2. BÖLÜM

MATERYAL VE YÖNTEM

2.1. Materyaller..... 66

2.1.1. Bitki Materyalleri..... 66

2.1.2 Kullanılan Buğday Hatları 67

2.2. Yöntem 68

2.2.1. DNA Saflaştırma……..... 68

2.2.2. Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR) Analizleri ve Agaroz Jel Elektroforezi……..... 69

2.2.3. Glutenlerin Ekstraksiyonu..... 69

2.2.3.1. Gluten İzolasyonu Yöntem I…….. 70

2.2.3.2. Gluten İzolasyonu Yöntem II…….. 71

2.2.3.3. Gluten İzolasyonu Yöntem III……. 71

2.2.4. Elektroforez İşlemi…… 72

2.2.4.1. Ayırma Jeli……..... 73

2.2.4.2. Koşturma Tamponu…….. 73

2.2.4.3. Stok Boya Solüsyonu……. 73

2.2.4.4. Boyama Solüsyonu……..... 73

2.2.4.5. Yıkama Solüsyonu……..... 73

2.2.5. Glu-1 Kalite Skorunun Hesaplanması……..... 73

2.2.6. İstatistiksel Analizler……..... 74

3. BÖLÜM

BULGULAR

3. Bulgular..... 83

3.1. PZR Çalışmalarından Elde Edilen Bulgular……..... 97

3.2. SDS-PAGE Çalışmalarından Elde Edilen Bulgular……..... 115

3.3. Çalışılan Ekmeklik Buğday Populasyonlarında Hesaplanan Glu-1 Skorları..... 131

3.4. Türkiye Orjinli Ekmeklik Buğday Populasyonlarında Alt Ünite Frekansları…..... 134

3.5. Türkiye Orjinli Ekmeklik Buğday Populasyonlarında Elde Edilen Allelik Kombinasyonlar ve Frekansları……..... 135
3.6. Bölgeler Bazında ve Toplamda Alt Ünite Frekansları……..... 141
3.7. Bölgesel Populasyon Analizleri……..... 143
3.7.1. Marmara Bölgesi Populasyon analizleri……... 143
3.7.1.1. Marmara Bölgesi Bireysel Allel ve Alt Ünite Frekansları…..... 143
3.7.1.2. Marmara Bölgesi Genetik Varyasyon Analizleri……..... 144
3.7.2. Ege Bölgesi Populasyon analizleri……..... 148
3.7.2.1. Ege Bölgesi Bireysel Allel ve Alt Ünite Frekansları……..... 148
3.7.2.2. Ege Bölgesi Genetik Varyasyon Analizleri……..... 149
3.7.3. Akdeniz Bölgesi Populasyon analizleri……..... 153
3.7.3.1. Akdeniz Bölgesi Bireysel Allel ve Alt Ünite Frekansları..... 153
3.7.3.2. Akdeniz Bölgesi Genetik Varyasyon Analizleri……..... 154
3.7.4. İç Anadolu Bölgesi Populasyon analizleri……..... 158
3.7.4.1. İç Anadolu Bölgesi Bireysel Allel ve Alt Ünite Frekansları..... 158
3.7.4.2. İç Anadolu Bölgesi Genetik Varyasyon Analizleri…..... 160
3.7.5. Karadeniz Bölgesi Populasyon analizleri……..... 164
3.7.5.1. Karadeniz Bölgesi Bireysel Allel ve Alt Ünite Frekansları..... 164
3.7.5.2. Karadeniz Bölgesi Genetik Varyasyon Analizleri……..... 166
3.7.6. Doğu Anadolu Bölgesi Populasyon analizleri……..... 170
3.7.6.1. Doğu Anadolu Bölgesi Bireysel Allel ve Alt Ünite Frekansları.... 170
3.7.6.2. Doğu Anadolu Bölgesi Genetik Varyasyon Analizleri……..... 171
3.7.7. Güneydoğu Anadolu Bölgesi Populasyon analizleri……..... 175
3.7.7.1. Güneydoğu Anadolu Bölgesi Bireysel Allel ve Alt Ünite Frekansları……..... 175
3.7.7.2. Güneydoğu Anadolu Bölgesi Genetik Varyasyon Analizleri..... 176
3.8. Populasyonlarda Ewens-Watterson Nötralite Testleri……..... 181
3.8.1. Marmara Bölgesi Populasyonlarında Ewens-Watterson Nötralite Testleri……..... 181
3.8.2. Ege Bölgesi Populasyonlarında Ewens-Watterson Nötralite Testleri……..... 185
3.8.3. Akdeniz Bölgesi Populasyonlarında Ewens-Watterson Nötralite Testleri……..... 188

3.8.4. İç Anadolu Bölgesi Populasyonlarında Ewens-Watterson Nötralite Testleri……..... 190
3.8.5. Karadeniz Bölgesi Populasyonlarında Ewens-Watterson Nötralite Testleri……..... 193
3.8.6. Doğu Anadolu Bölgesi Populasyonlarında Ewens-Watterson Nötralite Testleri……..... 195
3.8.7. Güneydoğu Anadolu Bölgesi Populasyonlarında Ewens-Watterson Nötralite Testleri……..... 199
3.8.8. Türkiye Geneli Tüm Populasyonlarda Ewens-Watterson Nötralite Testleri……..... 202
3.9. Grup Populasyon Tanımlayıcı İstatistikleri……..... 202
3.9.1. Türkiye Geneli Glu-1 Lokusu Bireysel Allel ve Alt Ünite Frekansları……..... 202
3.9.2. Türkiye Geneli Glu-1 Lokusu Genetik Varyasyon Analizleri……..... 203
3.10. Alt Populasyonlarda Genetik Çeşitlilik Analizleri……..... 207
3.11. Populasyonlar Arası Genetik Benzerlik ve Genetik Mesafe Analizleri…..... 213
3.11.1. Nei'nin Orijinal Ölçümüne Göre Genetik Benzerlik ve Genetik Mesafe Analizleri……..... 214
3.11.2. Nei'nin Yansız Ölçümüne Göre Genetik Benzerlik ve Genetik Mesafe Analizleri……..... 216
3.12. Genetik Mesafe Temelli Dendogramlar……..... 218
3.12.1. Glu-A1 Lokusu İçin Dendogram……..... 218
3.12.2. Glu-B1 Lokusu İçin Dendogram……..... 221
3.12.3. Glu-D1 Lokusu İçin Dendogram……..... 223
3.12.4. Türkiye Geneli Glu-1 Lokusu Bireysel Allellere Göre Dendogram..... 225
3.12.5. Türkiye Geneli Glu-1 Lokusu Bireysel Alt Ünitelere Göre Dendogram……..... 227
3.13. Tekil Populasyonlarda Bağlantı Dengesizliği Analizleri……..... 229
3.14. Alt Populasyonlarda İki Lokus Analizleri……..... 236
3.15. Brown'un Çoklu Lokus Analizleri……..... 246
3.16. Alt Ünitelerin Populasyonlarda Karşılaştırmalı Analizleri……..... 248

4. BÖLÜM
TARTIŞMA-SONUÇ

4.1. Tartışma-Sonuç…….. 254

KAYNAKLAR……... 282
EKLER……..... 322
ÖZGEÇMİŞ……... 334

KISALTMALAR VE SİMGELER

%	:Yüzde
˚C	:Derece santigrad
bp	:Baz pair
dH_2O	:Distile su
dNTP	:Deoksi nükleotid trifosfat
DTT	:Dithiothreitol
α	:Alfa
β	:Beta
γ	:Gama
ω	:Omega
PZR	:Polimeraz zincir reaksiyonu
rpm	:Devir sayısı
PAGE	:Poliakrilamid jel elektroforezi
gr	:Gram
mg	:Miligram
HMW	:High molecular weight (Yüksek molekül ağırlıklı)
LMW	:Low molecular weight (Düşük molekül ağırlıklı)
kb	:Kilo baz
MgCl2	:Magnezyum klorür
M	:Molar
NaCl	:Sodyum klorür
ml	:Mililitre
mM	:Milimolar
2-ME	:2-merkaptoetanol
HMW-GS	:High molecular weight gluten subunits (Yüksek molekül ağırlıklı gluten alt üniteleri)
SDS-PAGE	:Sodium dodesyl sulphate polyacrylamide gel electrophoresis
CD	:Coeliac disease (çölyak hastalığı)
SE	:Standard error (standart hata)
Ser. Der.	:Serbestlik derecesi

M	:Markır
µl	:Mikrolitre
nmol	:Nanomol
u	:Ünite
ng	:Nanogram
µg	:Mikrogram
P	:Primer
No	:Numara
CM	:Chloroform-methanol
ELISA	:**E**nzyme-**l**inked **i**mmuno **s**orbent **a**ssay
IgE	:İmminoglobulin E
RAST	:Radio allegro sorbent test
Ae.	:Aegilops
T.	:Triticum
DNA	:Deoksiribonükleik asit
var.	:Varyete
ER	:Endoplazmik retikulum
USDA	:United states department of agriculture
FAO	:Food and agriculture organization
WHO	:World health organization
UNU	:United nations üniversity
WDEIA	:Wheat-dependent, exercise-induced anaphylaxis (Buğday bağımlı, egzersiz uyarımlı duyarlılık)
CS	:Chinese spring
cv.	:Kültüvar
Kg	:Kilogram
Ha	:Hektar
QTL	:Quantitative trait locus (Niceliksek özellik bölgesi)
Gj	:Gigajul
RS	:Resistant starch (Dirençli nişasta)
IEF	:İzoelektrik fokuslama
NEPHGE	:Nonequilibrium pH gel electrophoresis (Dengelenmemiş pH jel elektroforezi)

HPLC	:High-performance liquid chromatography (Yüksek performanslı sıvı kromotografisi)
CE	:Capillar electrophoresis (Kapiller elektroforez)
MS	:Mass spectroscopy (Kütle spektroskopisi)
Da	:Dalton
kDa	:Kilodalton
GMP	:Gluten macropolymer (Gluten makro polimer)
Glu	:Gluten
EDTA	:Ethylenediaminetetraacetic acid
TE	:Tris-EDTA
w/v	:Ağırlık/hacim
CTAB	:Cetyltrimethylammonium bromide
HCl	:Hidroklorik asit
Na2EDTA	:Sodyum EDTA
dNTP	:Deoxyribonucleotide triphosphates
Taq	:Thermus aquaticus
BSA	:Bovine serum albumin (sığır serum albumini)
mA	:Miliamper
APS	:Ammonium persulfate
TEMED	:Tetramethylethylenediamine
L	:Litre
CBB-R250	:Coomassi brillant blue-R250
TCA	:Trichloroacetic acide
POPGENE	:Population genetic analysis
Na	:Allellerin gözlenme sayısı
Ne	:Allellerin etki sayısı
h	:Nei gen çeşitliliği
I	:Shannon bilgi indeksi
EW	:Ewens watterson
F	:Frekans
Ht	:Ortalama genetik çeşitlilik
Hs	:Populasyon içerisindeki genetik çeşitlilik
Gst	:Populasyonlar arasındaki genetik çeşitlilik

Nm	:Populasyon arasındaki gen akışının tahmini
UPGMA	:Unweighted pair group method with arithmetic mean
PHYLIP	:Phylogeny inference package
LD	:Linkage disequilibrium (bağlantı eşitsizliği)
$(DIS)^2$	:Koloni içerisindeki eşitsizliğinin varyansı
$(DST)^2$	:Total populasyon ile ilişkili bir koloninin A1 ve B1 gibi farklı gametlerinin korelasyon varyansı
$(DIT)^2$	:Dengesizliğin toplam varyansı
$(D'IS)^2$	:Populasyonun ortalama gametleri ile ilişkili bir koloninin bir gametinin A1 ve B1'lerinin korelasyonlarının varyansı
$(D'ST)^2$	:Tüm populasyonun sıradan eşitsizliğinin varyansı

TABLOLAR LİSTESİ

Tablo 1.1. Dünya buğday üretim verileri. 11
Tablo 1.2. Dünya buğday üretimi ve önemli üretici ülkeler....13
Tablo 1.3. Dünya buğday stoğu....13
Tablo 1.4. Dünya buğday üretim verileri. 14
Tablo 1.5. Dünya buğday üretimi ve önemli üretici ülkeler....15
Tablo 1.6. Kültüre alınmış buğday ve yakın akraba yabani türlerin sınıflandırması....15
Tablo 1.7. Yetişkin insan için esansiyel amino asitlerin tavsiye edilen miktarları ve bunların buğday tanesi ve unda karşılaştırılması. 19
Tablo 1.8. Gluten protein çeşitlerinin karakterizasyonu 41
Tablo 2.1. Kullanılan Buğday Populasyonları....67
Tablo 2.2. Kullanılan Standart çeşitler....68
Tablo 2.3. SDS-PAGE'de kullanılan poliakrilamid jel içeriği. 73
Tablo 2.4. HMW Gluten Alt Ünitelerinin Kalite Skorları....74
Tablo 2.5. PCR'da kullanılan Primerler ve reaksiyon koşulları. 77
Tablo 3.1. Örneklerden elde edilen bant profilleri. 84
Tablo 3.2. Standartlardan elde edilen bant profilleri 95
Tablo 3.3. Çalışılan örneklerde tespit edilen alt üniteler ve *Glu-1* skorları 132
Tablo 3.4. Standart buğday populasyonlarında hesaplanan *Glu-1* skorları....134
Tablo 3.5. Türkiye orjinli ekmeklik buğday populasyonlarında bireysel alt ünite frekansları 135
Tablo 3.6. Türkiye orjinli buğday populasyonlarında allelik kombinasyonlar ve frekansları. 135
Tablo 3.7. Marmara Bölgesine ait buğday populasyonlarında allelik kombinasyonlar ve frekansları. 136
Tablo 3.8. Ege Bölgesine ait buğday populasyonlarında allelik kombinasyonlar ve frekansları 137
Tablo 3.9. Akdeniz Bölgesine ait buğday populasyonlarında allelik kombinasyonlar ve frekansları....137
Tablo 3.10. İç Anadolu Bölgesine ait buğday populasyonlarında allelik kombinasyonlar ve frekansları....138
Tablo 3.11. Karadeniz Bölgesine ait buğday populasyonlarında allelik

kombinasyonlar ve frekansları 139
Tablo 3.12. Doğu Anadolu Bölgesine ait buğday populasyonlarında allelik kombinasyonlar ve frekansları 140
Tablo 3.13. Güneydoğu Anadolu Bölgesine ait buğday populasyonlarında allelik kombinasyonlar ve frekansları 141
Tablo 3.14. Bölgeler bazında ve toplamda alt ünite frekansları 142
Tablo 3.15. Marmara Bölgesi alt ünite frekansları 143
Tablo 3.16. Marmara Bölgesi Glu-1 lokusu bireysel allel frekansları 144
Tablo 3.17. Marmara bölgesi Glu-A1 lokusu genetik varyasyon analizi 144
Tablo 3.18. Marmara bölgesi Glu-B1 lokusu genetik varyasyon analizi 145
Tablo 3.19. Marmara bölgesi Glu-D1 lokusu genetik varyasyon analizi 146
Tablo 3.20. Marmara bölgesi allellere göre Glu-1 lokusu genetik varyasyon analizi 147
Tablo 3.21. Marmara bölgesi alt üniteler bazında Glu-1 lokusu genetik varyasyon analizi. 148
Tablo 3.22. Ege Bölgesi alt ünite frekansları 149
Tablo 3.23. Ege Bölgesi Glu-1 lokusu bireysel allel frekansları 149
Tablo 3.24. Ege bölgesi Glu-A1 lokusu genetik varyasyon analizi. 150
Tablo 3.25. Ege bölgesi Glu-B1 lokusu genetik varyasyon analizi 150
Tablo 3.26. Ege bölgesi Glu-D1 lokusu genetik varyasyon analizi 151
Tablo 3.27. Ege bölgesi allellere göre Glu-1 lokusu genetik varyasyon analizi 152
Tablo 3.28. Ege bölgesi alt üniteler bazında Glu-1 lokusu genetik varyasyon analizi 153
Tablo 3.29. Akdeniz Bölgesi alt ünite frekansları 154
Tablo 3.30. Akdeniz Bölgesi Glu-1 lokusu bireysel allel frekansları 154
Tablo 3.31. Akdeniz bölgesi Glu-A1 lokusu genetik varyasyon analizi 155
Tablo 3.32. Akdeniz bölgesi Glu-B1 lokusu genetik varyasyon analizi 156
Tablo 3.33. Akdeniz bölgesi Glu-D1 lokusu genetik varyasyon analizi 156
Tablo 3.34. Akdeniz bölgesi allellere göre Glu-1 lokusu genetik varyasyon analizi 157
Tablo 3.35. Akdeniz bölgesi alt üniteler bazında Glu-1 lokusu genetik varyasyon analizi 158
Tablo 3.36. İç Anadolu Bölgesi alt ünite frekansları 159
Tablo 3.37. İç Anadolu Bölgesi Glu-1 lokusu bireysel allel frekansları 159
Tablo 3.38. İç Anadolu bölgesi Glu-A1 lokusu genetik varyasyon analizi 160
Tablo 3.39. İç Anadolu bölgesi Glu-B1 lokusu genetik varyasyon analizi 161

Tablo 3.40. İç Anadolu bölgesi Glu-D1 lokusu genetik varyasyon analizi. 162
Tablo 3.41. İç Anadolu bölgesi allellere göre Glu-1 lokusu genetik varyasyon analizi ..163
Tablo 3.42. İç Anadolu bölgesi alt üniteler bazında Glu-1 lokusu genetik varyasyon analizi 164
Tablo 3.43. Karadeniz Bölgesi alt ünite frekansları.....165
Tablo 3.44. Karadeniz Bölgesi Glu-1 lokusu bireysel allel frekansları 165
Tablo 3.45. Karadeniz bölgesi Glu-A1 lokusu genetik varyasyon analizi. 166
Tablo 3.46. Karadeniz bölgesi Glu-B1 lokusu genetik varyasyon analizi. 167
Tablo 3.47. Karadeniz bölgesi Glu-D1 lokusu genetik varyasyon analizi.....167
Tablo 3.48. Karadeniz bölgesi allellere göre Glu-1 lokusu genetik varyasyon analizi...168
Tablo 3.49. Karadeniz bölgesi alt üniteler bazında Glu-1 lokusu genetik varyasyon analizi 169
Tablo 3.50. Doğu Anadolu Bölgesi alt ünite frekansları.....170
Tablo 3.51. Doğu Anadolu Bölgesi Glu-1 lokusu bireysel allel frekansları 171
Tablo 3.52. Doğu Anadolu bölgesi Glu-A1 lokusu genetik varyasyon analizi.....171
Tablo 3.53. Doğu Anadolu bölgesi Glu-B1 lokusu genetik varyasyon analizi 172
Tablo 3.54. Doğu Anadolu bölgesi Glu-D1 lokusu genetik varyasyon analizi.....173
Tablo 3.55. Doğu Anadolu bölgesi allellere göre Glu-1 lokusu genetik varyasyon analizi 174
Tablo 3.56. Doğu Anadolu bölgesi alt üniteler bazında Glu-1 lokusu genetik varyasyon analizi.....175
Tablo 3.57. Güneydoğu Anadolu Bölgesi genomlar bazında allel frekansları.....176
Tablo 3.58. Güneydoğu Anadolu Bölgesi Glu-1 lokusu bireysel allel frekansları.....176
Tablo 3.59. Güneydoğu Anadolu bölgesi Glu-A1 lokusu genetik varyasyon analizi...177
Tablo 3.60. Güneydoğu Anadolu bölgesi Glu-B1 lokusu genetik varyasyon analizi...177
Tablo 3.61. Güneydoğu Anadolu bölgesi Glu-D1 lokusu genetik varyasyon analizi...178
Tablo 3.62. Güneydoğu Anadolu bölgesi allellere göre Glu-1 lokusu genetik varyasyon analizi.....179
Tablo 3.63. Güneydoğu Anadolu bölgesi alt üniteler bazında Glu-1 lokusu genetik varyasyon analizi.....180
Tablo 3.64. Marmara Bölgesi Glu-A1 lokusu Ewens-Watterson nötralite testi.....182
Tablo 3.65. Marmara Bölgesi Glu-B1 lokusu Ewens-Watterson nötralite testi.....182
Tablo 3.66. Marmara Bölgesi Glu-D1 lokusu Ewens-Watterson nötralite testi.....183

Tablo 3.67. Marmara Bölgesi Glu-1 lokusu, allellere göre Ewens-Watterson nötralite testi 184
Tablo 3.68. Marmara Bölgesi Glu-1 lokusu, alt ünitelere göre Ewens-Watterson nötralite testi..... 184
Tablo 3.69. Ege Bölgesi Glu-A1 lokusu Ewens-Watterson nötralite testi..... 185
Tablo 3.70. Ege Bölgesi Glu-B1 lokusu Ewens-Watterson nötralite testi..... 185
Tablo 3.71. Ege Bölgesi Glu-D1 lokusu Ewens-Watterson nötralite testi..... 186
Tablo 3.72. Ege Bölgesi Glu-1 lokusu, allellere göre Ewens-Watterson nötralite testi ..186
Tablo 3.73. Ege Bölgesi Glu-1 lokusu, alt ünitelere göre Ewens-Watterson nötralite testi 187
Tablo 3.74. Akdeniz Bölgesi Glu-A1 lokusu Ewens-Watterson nötralite testi..... 188
Tablo 3.75. Akdeniz Bölgesi Glu-B1 lokusu Ewens-Watterson nötralite 188
Tablo 3.76. Akdeniz Bölgesi Glu-D1 lokusu Ewens-Watterson nötralite testi..... 189
Tablo 3.77. Akdeniz Bölgesi Glu-1 lokusu, allellere göre Ewens-Watterson nötralite testi 189
Tablo 3.78. Akdeniz Bölgesi Glu-1 lokusu, alt ünitelere göre Ewens-Watterson nötralite testi..... 190
Tablo 3.79. İç Anadolu Bölgesi Glu-A1 lokusu Ewens-Watterson nötralite testi..... 190
Tablo 3.80. İç Anadolu Bölgesi Glu-B1 lokusu Ewens-Watterson nötralite testi..... 191
Tablo 3.81. İç Anadolu Bölgesi Glu-D1 lokusu Ewens-Watterson nötralite testi..... 191
Tablo 3.82. İç Anadolu Bölgesi Glu-1 lokusu allellere göre Ewens-Watterson nötralite testi 192
Tablo 3.83. İç Anadolu Bölgesi Glu-1 lokusu alt ünitelere göre Ewens-Watterson nötralite testi..... 192
Tablo 3.84. Karadeniz Bölgesi Glu-A1 lokusu Ewens-Watterson nötralite testi..... 193
Tablo 3.85. Karadeniz Bölgesi Glu-B1 lokusu Ewens-Watterson nötralite testi 193
Tablo 3.86. Karadeniz Bölgesi Glu-D1 lokusu Ewens-Watterson nötralite testi..... 194
Tablo 3.87. Karadeniz Bölgesi Glu-1 lokusu allellere göre Ewens-Watterson nötralite testi 194
Tablo 3.88. Karadeniz Bölgesi Glu-1 lokusu alt ünitelere göre Ewens-Watterson nötralite testi..... 195
Tablo 3.89. Doğu Anadolu Bölgesi Glu-A1 lokusu Ewens-Watterson nötralite testi..... 196
Tablo 3.90. Doğu Anadolu Bölgesi Glu-B1 lokusu Ewens-Watterson nötralite testi 196

Tablo 3.91. Doğu Anadolu Bölgesi Glu-D1 lokusu Ewens-Watterson nötralite testi.....197
Tablo 3.92. Doğu Anadolu Bölgesi Glu-1 lokusu allellere Ewens-Watterson nötralite testi 197
Tablo 3.93. Doğu Anadolu Bölgesi Glu-1 lokusu alt ünitelere göre Ewens-Watterson nötralite testi.....198
Tablo 3.94. Güneydoğu Anadolu Bölgesi Glu-A1 lokusu Ewens-Watterson nötralite testi. 199
Tablo 3.95. Güneydoğu Anadolu Bölgesi Glu-B1 lokusu Ewens-Watterson nötralite testi 199
Tablo 3.96. Güneydoğu Anadolu Bölgesi Glu-D1 lokusu Ewens-Watterson nötralite testi 200
Tablo 3.97. Güneydoğu Anadolu Bölgesi Glu-1 lokusu allellere göre Ewens-Watterson nötralite testi.....200
Tablo 3.98. Güneydoğu Anadolu Bölgesi Glu-1 lokusu alt ünitelere göre Ewens-Watterson nötralite testi.....201
Tablo 3.99. Türkiye geneli tüm populasyonlar ve tüm allellere göre Glu-1 lokusu Ewens-Watterson nötralite testi 202
Tablo 3.100. Türkiye geneli Glu-1 lokusu alt ünite frekansları 203
Tablo 3.101. Türkiye geneli Glu-1 lokusu bireysel allel frekansları 203
Tablo 3.102. Türkiye geneli Glu-A1 lokusu genetik varyasyon analizi 204
Tablo 3.103. Türkiye geneli Glu-B1 lokusu genetik varyasyon analizi 204
Tablo 3.104. Türkiye geneli Glu-D1 lokusu genetik varyasyon analizi. 205
Tablo 3.105. Türkiye geneli Glu-1 lokusu alleller bazında genetik varyasyon analizi ...206
Tablo 3.106. Türkiye geneli Glu-1 lokusu alt üniteler bazında genetik varyasyon analizi 207
Tablo 3.107. Türkiye geneli Glu-A1 lokusu alt populasyonlarda Nei's gen çeşitlilik analizi 208
Tablo 3.108. Türkiye geneli Glu-B1 lokusu alt populasyonlarda Nei's gen çeşitlilik analizi 209
Tablo 3.109. Türkiye geneli Glu-D1 lokusu alt populasyonlarda Nei's gen çeşitlilik analizi 210
Tablo 3.110. Türkiye geneli Glu-1 lokusu alt populasyonlarda allellere göre Nei's gen çeşitlilik analizi. 211

Tablo 3.111. Türkiye geneli Glu-1 lokusu alt populasyonlarda alt ünitelere göre Nei's gen çeşitlilik analizi.....213
Tablo 3.112. Türkiye Geneli Glu-A1 Lokusu Genetik Benzerlik ve Genetik Mesafeleri (Nei'nin orjinal ölçümüne göre).....214
Tablo 3.113. Türkiye Geneli Glu-B1 Lokusu Genetik Benzerlik ve Genetik Mesafeleri (Nei'nin orjinal ölçümüne göre).....214
Tablo 3.114. Türkiye Geneli Glu-D1 Lokusu Genetik Benzerlik ve Genetik Mesafeleri (Nei'nin orjinal ölçümüne göre).....215
Tablo 3.115. Türkiye Geneli Glu-1 Lokusu alleller bazında Genetik Benzerlik ve Genetik Mesafeleri (Nei'nin orjinal ölçümüne göre).....215
Tablo 3.116. Türkiye Geneli Glu-1 Lokusu alt üniteler bazında Genetik Benzerlik ve Genetik Mesafeleri (Nei'nin orjinal ölçümüne göre).....216
Tablo 3.117. Türkiye Geneli Glu-A1 Lokusu Genetik Benzerlik ve Genetik Mesafeleri (Nei'nin yansız ölçümüne göre).....216
Tablo 3.118. Türkiye Geneli Glu-B1 Lokusu Genetik Benzerlik ve Genetik Mesafeleri (Nei'nin yansız ölçümüne göre).....217
Tablo 3.119. Türkiye Geneli Glu-D1 Lokusu Genetik Benzerlik ve Genetik Mesafeleri (Nei'nin yansız ölçümüne göre).....217
Tablo 3.120. Türkiye Geneli Glu-1 Lokusu allellere göre Genetik Benzerlik ve Genetik Mesafeleri (Nei'nin yansız ölçümüne göre).....218
Tablo 3.121. Türkiye Geneli Glu-1 Lokusu alt ünitelere göre Genetik Benzerlik ve Genetik Mesafeleri (Nei'nin yansız ölçümüne göre).....218
Tablo 3.122. Nei'nin orijinal ölçümüne göre Glu-A1 lokusu dendogramı için populasyonlar arası mesafeler.....219
Tablo 3.123. Nei'nin yansız ölçümüne göre Glu-A1 lokusu dendogramı için populasyonlar arası mesafeler.....220
Tablo 3.124. Nei'nin orjinal ölçümüne göre Glu-B1 lokusu dendogramı için populasyonlar arası mesafeler.....221
Tablo 3.125. Nei'nin yansız ölçümüne göre Glu-B1 lokusu dendogramı için populasyonlar arası mesafeler.....222
Tablo 3.126. Nei'nin orjinal ölçümüne göre Glu-D1 lokusu dendogramı için populasyonlar arası mesafeler.....223

Tablo 3.127. Nei'nin yansız ölçümüne göre Glu-D1 lokusu dendogramı için populasyonlar arası mesafeler....224
Tablo 3.128. Nei'nin orjinal ölçümüne göre Glu-1 lokusu bireysel allellere göre dendogramı için populasyonlar arası mesafeler....225
Tablo 3.129. Nei'nin yansız ölçümüne göre Glu-1 lokusu bireysel allellere göre dendogramı için populasyonlar arası mesafeler....226
Tablo 3.130. Nei'nin orjinal ölçümüne göre Glu-1 lokusu bireysel alt ünitelere göre dendogramı için populasyonlar arası mesafeler....227
Tablo 3.131. Nei'nin yansız ölçümüne göre Glu-1 lokusu bireysel alt ünitelere göre dendogramı için populasyonlar arası mesafeler....228
Tablo 3.132. Marmara Bölgesi tekil populasyonlarında bağlantı dengesizliği....230
Tablo 3.133. Ege bölgesi tekil populasyonlarında bağlantı dengesizliği....231
Tablo 3.134. Akdeniz bölgesi tekil populasyonlarında bağlantı dengesizliği....232
Tablo 3.135. İç Anadolu Bölgesi tekil populasyonlarında bağlantı dengesizliği....233
Tablo 3.136. Karadeniz Bölgesi tekil populasyonlarında bağlantı dengesizliği. 234
Tablo 3.137. Doğu Anadolu Bölgesi tekil populasyonlarında bağlantı dengesizliği 235
Tablo 3.138. Güneydoğu Anadolu Bölgesi tekil populasyonlarında bağlantı dengesizliği 236
Tablo 3.139. Ohta'nın alt populasyonlarda iki lokus analizi....238
Tablo 3.140. Tekil Populasyonlarda Brown'un Çoklu Lokus Analizi 247
Tablo 3.141. Tekil Populasyonlarda Brown'un Çoklu Lokus Analizi- K'nın gözlenen değerleri için hipotez testleri....247
Tablo 3.142. Glu-1 Lokusu alt ünitelerinin Populasyonlardaki Karşılaştırması 249
Tablo 4.1. Bölgeler bazında ve toplamda alt ünite frekansları....255
Tablo 4.2. Bölgeler bazında Glu-A1 lokusu genetik çeşitlilik verileri 257
Tablo 4.3. Bölgeler bazında Glu-B1 lokusu genetik çeşitlilik verileri 258
Tablo 4.4. Bölgeler bazında Glu-D1 lokusu genetik çeşitlilik verileri 259
Tablo 4.5. Bölgeler bazında bireysel allellere göre genetik çeşitlilik....259
Tablo 4.6. Bölgeler bazında bireysel alt ünitelere göre genetik çeşitlilik....260

ŞEKİLLER LİSTESİ

Şekil 1.1. Buğday üretiminde ülke payları…….. 12
Şekil 1.2. Türkiye'nin yıllara göre buğday ithalatı……..... 14
Şekil 1.3. Kültüre alınmış ekmeklik ve durum buğdayları ile yabani diploit çimler arasındaki evrimsel ve genomik ilişkiler…….. 17
Şekil 1.4. Bir buğdayın ortadan uzunlamasına kesiti……. 21
Şekil 1.5. Buğday gluteninin orjini…… 23
Şekil 1.6. SDS-PAGE ve düşük pH elektroforezi kullanarak ayrılmış buğday gluten proteinlerinin sınıflandırılması ve isimlendirilmesi…….. 27
Şekil 1.7. Dengelenmemiş pH gradiyent elektroforezi-SDS-PAGE elektroforezi ve izoelektrik fokuslama-SDS-PAGE ile endosperm proteinlerinin ayrılması..... 29
Şekil 1.8. Chinese Spring buğday kültüvarından gliadinlerin iki boyutlu elektroforezi 29
Şekil 1.9. Tipik buğday gluten proteinlerinin dizilişi…….. 32
Şekil 1.10. Hekzaploid buğdayın 1 ve 6 gruplarında glaidin ve glutenin alt ünitelerini şifreleyen genlerin kromozomal yerleri ve yaklaşık fiziksel haritaları 36
Şekil 1.11. Yüksek moleküler ağırlıklı glutenin alt üniteleri için yapısal model.. 39
Şekil 1.12. Gluten proteinlerin şematik kurgusu ve disülfit yapısı…… 43
Şekil 1.13. Gluten polimerlerinin HMW-GS ve LMW-GS'nin ara zincir disülfit yapısı için ikili ünite modeli…….. 47
Şekil 1.14. Üç Glu-1 bölgesi üzerinde bulunan allelik HMW glutenin alt ünitelerinin SDS-PAGE görüntüsü……..... 50
Şekil 1.15. Glu-1 bölgesinde null allele sahip ekmeklik buğdayda bulunan HMW glutenin alt ünitelerinin SDS-PAGE'si ve ekmeklik buğday kültüvarı Yecora Roja'da bunların varlığı ile karşılaştırması…….. 50
Şekil 1.16. Farklı ekmeklik buğday kültüvarlarında var olan HMW ve LMW glutenin alt ünitelerinin SDS-PAGE dağılımı…… 52
Şekil 1.17. Chinese Spring kültüvarında C-tip LMW glutenin alt ünitelerinin iki boyutlu elektroforez görüntüsü ve bunların kromozomal yerleşimi…..... 52
Şekil 1.18. Ekmeklik buğdayda büyük ve küçük gliadinler ile gluten alt ünitelerinin kromozomal lokasyonları…… 53

Şekil 1.19. Ekmeklik buğdayın Cheyenne kültüvarının SDS-PAGE'de HMW alt ünite proteinlerinin dağılımı ve Sothern blot ile Glu-1 genlerinin belirlenmesi. 55
Şekil 1.20. Farklı buğday türlerinden ve farklı genomlar üzerindeki HMW alt üniteleri arasındaki ilişkiyi gösteren dendogram…… 59
Şekil 1.21. Farklı genomlar üzerindeki genler tarafından kodlanan x- ve y-tip HMW alt ünitelerinin N- ve C-terminal amino asit dizilerinin yerleşimi…..... 59
Şekil 2.1. Çalışılan hatların bölgesel dağılımı……. 66
Şekil 3.1. Primer 1 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü…….. 97
Şekil 3.2. Primer 2 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. …….. 98
Şekil 3.3. Primer 3 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. ……..... 99
Şekil 3.4. Primer 4 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. ……..... 99
Şekil 3.5. Primer 5 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. ……..... 100
Şekil 3.6. Primer 6 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. ……..... 101
Şekil 3.7. Primer 7 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. ……..... 101
Şekil 3.8. Primer 8 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. ……..... 102
Şekil 3.9. Primer 9 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. ……..... 103
Şekil 3.10. Primer 10 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. ……..... 104
Şekil 3.11. Primer 11 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. ……..... 104
Şekil 3.12. Primer 12 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. ……..... 105
Şekil 3.13. Primer 13 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. ……..... 106
Şekil 3.14. Primer 14 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. ……..... 107
Şekil 3.15. Primer 15 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. ……..... 107
Şekil 3.16. Primer 16 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. ……..... 108
Şekil 3.17. Primer 17 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. ……..... 108
Şekil 3.18. Primer 18 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. ……..... 109
Şekil 3.19. Primer 19 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. ……..... 109
Şekil 3.20. Primer 20 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. ……..... 110
Şekil 3.21. Primer 21 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. ……..... 111
Şekil 3.22. Primer 22 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. ……..... 112
Şekil 3.23. Primer 23 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. ……..... 112
Şekil 3.24. Primer 24 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. ……..... 113
Şekil 3.25. Primer 25 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. ……..... 114

Şekil 3.26. Primer 27 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. ……..... 115
Şekil 3.27. Örneklerin SDS-PAGE jel görüntüleri. 1-8 arası örnekler……. 116
Şekil 3.28. Örneklerin SDS-PAGE jel görüntüleri. 9-16 arası örnekler……. 117
Şekil 3.29. Örneklerin SDS-PAGE jel görüntüleri. 17-24 arası örnekler…… 118
Şekil 3.30. Örneklerin SDS-PAGE jel görüntüleri. 25-32 arası örnekler…… 119
Şekil 3.31. Örneklerin SDS-PAGE jel görüntüleri. 33-40 arası örnekler …… 120
Şekil 3.32. Örneklerin SDS-PAGE jel görüntüleri. 41-48 arası örnekler…… 121
Şekil 3.33. Örneklerin SDS-PAGE jel görüntüleri. 49-56 arası örnekler…… 121
Şekil 3.34. Örneklerin SDS-PAGE jel görüntüleri. 57-64 arası örnekler…… 123
Şekil 3.35. Örneklerin SDS-PAGE jel görüntüleri. 65-72 arası örnekler…… 124
Şekil 3.36. Örneklerin SDS-PAGE jel görüntüleri. 73-80 arası örnekler…… 125
Şekil 3.37. Örneklerin SDS-PAGE jel görüntüleri. 81-88 arası örnekler…… 126
Şekil 3.38. Örneklerin SDS-PAGE jel görüntüleri. 89-96 arası örnekler…… 127
Şekil 3.39. Örneklerin SDS-PAGE jel görüntüleri. 97-104 arası örnekler…… 128
Şekil 3.40. Örneklerin SDS-PAGE jel görüntüleri. 105-112 arası örnekler…… 129
Şekil 3.41. Örneklerin SDS-PAGE jel görüntüleri. 113-120 arası örnekler…… 130
Şekil 3.42. Örneklerin SDS-PAGE jel görüntüleri. 121-129 arası örnekler…… 131
Şekil 3.43. Nei'nin orijinal ölçümüne göre Glu-A1 lokusu için dendogram …… 219
Şekil 3.44. Nei'nin yansız ölçümüne göre Glu-A1 lokusu için dendogram.……..... 220
Şekil 3.45. Nei'nin orijinal ölçümüne göre Glu-B1 lokusu için dendogram ……..... 221
Şekil 3.46. Nei'nin yansız ölçümüne göre Glu-B1 lokusu için dendogram.…… 222
Şekil 3.47. Nei'nin orijinal ölçümüne göre Glu-D1 lokusu için dendogram.…… 223
Şekil 3.48. Nei'nin yansız ölçümüne göre Glu-D1 lokusu için dendogram.……..... 224
Şekil 3.49. Nei'nin orijinal ölçümüne göre Glu-1 lokusu bireysel allellere göre dendogram..... 225
Şekil 3.50. Nei'nin yansız ölçümüne göre Glu-1 lokusu bireysel allellere göre dendogram.……..... 226
Şekil 3.51. Nei'nin orijinal ölçümüne göre Glu-1 lokusu bireysel alt ünitelere göre dendogram.……..... 227
Şekil 3.52. Nei'nin yansız ölçümüne göre Glu-1 lokusu bireysel alt ünitelere göre dendogram.……..... 228

GİRİŞ

Bitkilerin ekonomiye katkısı en belirgin şekilde tarımda görülmektedir. Tarım alanında ilerlemiş ülkeler için, tarım ürünleri hem temel bir gelir kaynağı hem de politik bir güç haline gelmiştir [1]. Vavilov'a [2] göre dünya üzerinde uzun zamandır tarım yapılan ve gen merkezi niteliğinde olan sekiz bölge bulunmaktadır. Türkiye bu merkezlerden ikisinin (Yakın Doğu ve Akdeniz) kesiştiği bir konumda yer almakta ve buğday, arpa, çavdar ve yulaf gibi temel tahılların yeryüzüne dağıldığı ya da çeşitlendiği gen merkezi olarak bilinmektedir. Bitki biyoçeşitliliği ve genetik kaynakları bakımından Türkiye, dünyadaki en zengin ülkelerden biridir. Türkiye'de bulunan bitki türü sayısı 11 bin civarında olup, bunların 3.708'si endemiktir [3]. Türkiye buğdayın gen merkezlerinden ve ilk kültüre alındığı yer olmasından dolayı Türkiye'de buğdayın çok sayıda yabani formu ve yerel çeşitleri bulunmaktadır.

Türkiye'de buğdayda genetik çeşitlilikle ilgili çalışmalar yoğun bir şekilde yapılmasına rağmen gluten allel çeşitliliği ile ilgili çalışmalar çok az sayıdadır. Oysa kırk yılı aşkın bir süredir yeni gluten allellerinin tespiti ile ilgili çalışmalar yoğun bir şekilde yapıldığı literatürden anlaşılmakta ve dünyada hala bu konuda güncel çalışmalar yapılmaktadır [4-16]. Bu çalışma ile ülkemiz için oldukça önemli olan bu konudaki eksikliğin giderilmesi ve buğday ıslah çalışmalarında bu çalışmanın sonuçlarının ışık tutması amaçlanmıştır.

Artan nüfusun besin ihtiyacı, tarımın hızla gelişmesinde itici bir güç olmuştur. İnsanlığın temel besin ihtiyacının büyük bir kısmını karşılaması, buğdayların önemini giderek artırmış ve bu bitkileri ıslah programlarının merkezine yerleştirmiştir. Buğday insan beslenmesi için gerekli olan kalori ve proteinin önemli bir kısmını karşılamakta olup, dünya nüfusunun % 35'ini oluşturan yaklaşık 40 ülkenin temel gıda maddesidir. Buğday, dünyada tarımı yapılan en önemli üç tahıldan birisidir. Mısır ve pirinçle birlikte küresel protein ve kalori ihtiyacının yarısından fazlasını karşılamaktadır.

İnsanoğlunun değişmekte olan tüketim alışkanlıkları ve gelişen teknolojiye bağlı olarak, buğday ürünleri de çeşitlenmiştir. Buğdayın en yaygın tüketim şekilleri un, ekmek, makarna, irmik, bisküvi, bulgur ve eriştedir. Dünyada ve Türkiye'de bu ürünlerin dışında geleneksel ürünler, tatlılar, nişasta vb. amaçla da tüketimi yapılmaktadır [17]. Buğday, kullanım alanlarının yanı sıra biyoyakıt [4], bira üretimi için fermentasyonda ve votka yapımında da etkin bir şekilde kullanılmaktadır [18]. Değişen tüketim alışkanlıkları ve ilerleyen teknoloji ile birlikte, buğday ürünleri çeşitlenmiş ve tüketici istekleri de değişmiştir.

Buğdayın ilk kültüvasyonu yaklaşık 10 bin yıl önce neolitik çağda gerçekleştirilmiştir. Bu çağda avlanma ve besin toplanmasından yerleşik tarıma geçilmiştir. Bu erken kültüve edilen formlar diploid (genom AA) (Einkorn-Kaplıca) ve tetraploid (AABB) (Emmer-Gernik) buğdaylar olup bunların genetik ilişkileri orjinlerinin Türkiye'nin güneydoğusuna bağlı olduğunu göstermektedir [19, 20, 21]. Kültüvasyon yaklaşık 9 bin yıl önce buradan yakın doğuya kaymış ve hekzaploid ekmeklik buğday ilk olarak ortaya çıkmıştır [22].

Buğday ve arpa bilinen ilk ıslah edilmiş tahıllardır. Buğdayın yetiştiriciliği hakkında ilk arkeolojik kanıtlar Toroslar'ın güneyinden başlayarak Orta Doğu'nun büyük bir kısmını kapsayan Levant adı verilen bölgeden ve Türkiye'den gelmektedir. Ülkemizde ve dünyada bu denli büyük öneme sahip olan buğdayın orijini olarak Verimli Hilal (Fertile Crescent) olarak adlandırılan bölge gösterilmektedir [23]. Fakat günümüzde buğday, Arktik Bölgenin kuzeyinden ekvatoral bölgenin güneyine kadar uzanan geniş bir bölgede tarımı yapılabilen bir konuma gelmiştir. Buğdayın ilk kültür formları Türkiye'nin güneydoğusunda bulunan Karacadağ (Diyarbakır)'dan orijinlenen diploid ve tetraploid buğdaylardır [19]. Kültüre alınan çeşitler, çiftçiler tarafından yabani populasyonlardan seçilen yüksek verim ve diğer birçok özelliğe sahip yerel çeşitlerden oluşmuştur. Diploid ve tetraploid buğdaylar doğal populasyonların ıslahı ile elde edilebilirken modern buğday olarak adlandırılan ekmeklik (hekzaploid) buğdaylar kültivasyonla elde edilmiştir [24]. Hekzaploid buğdaylar, yabani diploid ve tetraploid buğdayların amphidiploidy (doğal yolla melezleme) sonucu meydana gelmiştir.

Feldman [22], buğdayların orjinlerinden dünyaya yayılışlarını güzel bir şekilde açıklamıştır. Avrupa'ya esas yayılış yolu Anadolu'dan Yunanistan tarafına doğru gerçekleşmiştir (8000 yıl önce). Daha sonra balkanlardan Tuna boyunca kuzeye doğru

ve İtalya, Fransa ve İspanya'ya (7000 yıl önce), son olarak da 5000 yıl önce İngiltere ve İskandinavya'ya ulaşmıştır. Benzer şekilde İran yolu ile Orta Asya üzerinden Çin'e (3000 yıl önce) ve Mısır üzerinden de Afrika'ya ulaşmıştır. Meksika'ya 1529'da ve Avustralya'ya da 1788'de İspanyollar tarafından götürülmüştür.

Kültür buğdayı (*Triticum*) tek bir tür değildir, çünkü diploid, tetraploid ve hekzaploid formlardan oluşur. Diploidler ve *Triticum* veya *Aegilops*'un yakın akraba yabancı türleri arasında amfiploidi vasıtasıyla yüksek oranda poliploidiye sahiptirler. Her iki cinsin de kromozom sayısı n= 7'dir. Bu cinslerin çeşitleri türlerinin kesin bir sınıflandırması ve akrabalıklarının belirlenmesi hususunda tüm otoritelerin hem fikir olduğu bir nokta yoktur ve şu an temel olarak Tablo 1.1'de verilen Feldman *et al.,* [25]'ın tanımlamaları takip edilmektedir.

Günümüzde elli binden fazla çeşidi bulunan buğdayın en önemli üç türü; ekmek yapımında kullanılan ve yaygın buğday olarak adlandırılan *Triticum aestivum*, makarnalık buğday olarak adlandırılan *T. durum* ve çeşitli hamur işleri için kullanılan *T. compactum'*dur. Bu kapsamda projede *Triticum aestivum*'un yerel populasyonları kullanılmıştır. Bu çalışmanın sonuçları ülkemiz yerel populasyonlarının hangi tür üretim için uygun olduğunu belirlemede önemli katkıda bulunacaktır.

Buğday Türkiye'de yüksek miktarda tüketilmektedir. Geleneksel beslenme genel olarak tahıllara bağlıdır, özellikle de buğdaya, mayalı ekmek ve makarna benzeri çeşitlerine. Buğday yüksek enerji değerine, doyumsal haz karakterlerine ve insan alışkanlıkları için doğal tat ve doyuruculuğa sahiptir [26]. Buğday kalitesi ve un olma özelliği arasında yakın ilişki vardır. Buğdaydan elde edilecek veriler un kalitesini belirleme üzerine yardımcı olmaktadır [27]. İçsel faktörler, genetik yapıdaki değişimler, toprak tipi, büyüme koşulları ve hasat sonrası işleme metotları gibi dışsal çevre güçleri ile zaman içerisindeki etkileşimler kalite ile protein kompozisyonu arasındaki ilişkiyi ortaya çıkarmayı güçleştirmektedir [28].

Dünyanın ve Türkiye'nin neredeyse her bölümünde üretimi yapılabilen buğdayın, ilgilendirdiği üretici ve tüketici kitlesinin genişliğinden dolayı oldukça önemli bir konumu vardır. Dünyada buğday, üretim açısından yaklaşık 4 milyon işletmeyi diğer bir ifade ile 15 milyon çalışanı, tüketim açısından ise dünya nüfusunun yaklaşık olarak % 35'ini ilgilendirmektedir. Bu gibi nedenlerden dolayı dünyadaki buğday üretim ve

verim artırma üzerine çalışmalar yakından takip edilmekte ve yurdumuza adapte edilmeye çalışılmaktadır. Bununla birlikte, Türkiye'de fazla çeşit bulunmasına rağmen buğdayda uygun çeşit standardı belirlenememiş, verim ve kalite sorunları çözümlenememiştir. Üretimin çok geniş alana yayılmış olması, kuru ve marjinal alanlarda üretim yapılması birim alandan elde edilen üretim miktarını düşüren sebepler arasında gösterilmektedir [17]. Üretim miktarı açısından ciddi sorun yaşamayan ülkemizde, yaptığımız bu çalışma üretim miktarının artırılmasından çok ekmeklik buğdaylardaki kalite problemini çözmeye yöneliktir.

Buğdayın bu kadar çeşitli ürüne işlenebilirliğe uygunluğu büyük oranda hamura eşsiz bir viskoelastisite özelliği sağlayan ve gluten proteinleri olarak isimlendirilen tane komponentlerinin bir grubu tarafından belirlenir. Sonuç olarak, bu proteinlerin yapı, özellik ve genetiği bunların fonksiyonel özelliklerin biyokimyasal ve moleküler temellerini belirlemek ve yetiştirme programlarında kullanmak, tarıma uyarlamak ve daha ileri genetik mühendisliğinde kullanım için yoğun bir şekilde çalışılmaktadır.

Günümüzde üretilen buğday miktarının %95 gibi büyük bir kısmını hekzaploid ekmeklik buğdaylar oluşturmaktadır. Bu çalışmada da ekmeklik buğdaylar kullanılmıştır. Tetraploid buğdaylar hekzaploid buğdaylara göre kuru Akdeniz iklimine daha iyi adaptasyon göstermektedirler. Çok küçük bir kısmı oluşturan kızıl buğday (*Triticum monococcum*), gernik (*Triticum dicoccum*) ve spelta (*Triticum spelta*) çeşitleri Türkiye, İspanya ve Balkanlar gibi bazı bölgelerde özel kullanım amaçları için yetiştirilmektedirler.

Hekzaploid buğday albüminler, globülinler, gliadinler (proaminler), ve glüteninler (glubeninler) başta olmak üzere proteinlerin beş ana grubunu içerir [29]. Gluten proteinler prolaminler olarak isimlendirilirler. Gliadinler alkollerde, glutenler (gluteninler) ise asitlerde, alkalide, denatüre edici ajanlarda, deterjan veya redükleyici ajanlarda çözünebilirler [30]. Glutenler kendilerine özgü alkolde çözünen düşük molekül ağırlıklı ve alkollerde çözünmeyen büyük molekül ağırlıklı alt ünitelere sahiptirler. Düşük ve yüksek molekül ağırlıklı alt ünitelerin sadece spesifik kompozisyonu değil aynı zamanda bu protein fraksiyonlarının niceliği ve miktarı da kaliteyi belirleyen unsurlardandır [29, 31].

Gluten, kimyacıların tanımladığı ilk protein fraksiyonlarından biridir. İlk olarak Beccari tarafından 1758'de belirlenmiştir [32]. Gluten geleneksel olarak buğday ununun suda veya seyreltik tuz solüsyonunda hafifçe yıkanması ile elde edilir. Geriye proteinlerin %80'ine karşılık gelen yapışkan bir kitle kalır. Geriye kalan bu kısım protein matriksi içerisinde tutulan ve çoğunlukla nişasta granüllerinden oluşan miktardır.

Gliadinlerin α (alfa), β (beta), γ (gama) ve ω (omega) olarak bilinen ve büyüklük ve kompozisyon olarak çok farklılık gösteren en az dört farklı sınıfı vardır [33]. Poliakril amid jel elektroforezi (PAGE) çalışmaları durum buğdayı varyetelerinde γ (gama) gliadin bant 42 ve 45 (allelik gama gliadinler)'in zayıf ve kuvvetli makarna kalitesi ile ilişkili olduğunu göstermiştir [34].

Ekmeklik buğday çeşitleri 3-5 (bazen 6, null allel ile birlikte) yüksek molekül ağırlıklı (HMW) alt ünite genlerini ifade eder. Bundan kodlanan proteinler toplam tane proteinlerinin %12'sine karşılık gelir [35, 36]. HMW alt üniteleri sadece yüksek moleküler ağırlıklı polimerlerde bulunur ve ifade edilen gen sayısı ile kodlanan proteinlerin özellikleri arasındaki allelik varyasyonlar polimerlerin büyüklüğü, ağırlığı ve buna bağlı olarak da hamur sıkılığı üzerinde etkili olur [37, 38]. Bu gluten polimerlerinin zincir arası disülfit bağları ile stabilize olduğu bilinmektedir. Fakat kovalent olmayan hidrojen bağlarının gluten polimerleri ve monomerik gluten proteinleri (gliadinler) arasındaki interaksiyonların stabilizasyonunda da önemli olduğu açıktır [39]. Bu nedenle bireysel gliadinler ve gluten polimerleri hidrojen bağlarını çözen çözücülerin kullanımı ile (üre vb) birbirinden ayrılabilir. Fakat redükleyici ajanlar (2-ME veya DTT gibi) bireysel alt birimlerin serbest kalması bakımından gluten polimerlerinin kırılması için gereklidir.

HMW-GS'ler *Glu-1* bölgesindeki üç gen tarafından kodlanır; *Glu-A1*, *Glu-B1* ve *Glu-D1*, bunlar homolog grup 1 kromozomların uzun kolu üzerinde lokalize olmuştur [40, 41]. Moleküler çalışmalar her bir lokusun HMW-GS'lerin iki çeşidini kodlayan birbiri ile yakın ilişkili iki gen içerdiğini göstermiştir, bunlardan birisi x-tip olarak isimlendirilen yüksek moleküler ağırlıklı glutenleri ve diğeri de y-tip olarak isimlendirilen ve düşük moleküler ağırlıklı glutenleri kodlayan genlerdir [42]. HMW glutenin bölgelerinin her birisinde kayda değer bir allelik varyasyon vardır [41, 43]. *Glu-B1* lokusunun hamurun sıkılığını belirlemede önemli olduğunu bildiren araştırma sonuçları mevcuttur [44-47].

SDS-PAGE, HMW-GS allellerini ayırt etmek ve bunların ekmek yapım kalitelerini belirlemek için çoğunlukla kullanılmaktadır [40, 48]. Ancak, bazı HMW-GS alt üniteleri benzer mobiliteye sahip oldukları için bu allellerin SDS-PAGE ile tanımlanması yanlış tanımlamaya neden olabilmektedir [45, 49, 50]. Özellikle de *Glu-B1b* (Bx7+By8), ilk olarak tek bir allel olarak tanımlanmış, daha sonra *Glu-B1b* (Bx7+By8), *Glu-B1u* (Bx7*+By8), *Glu-B1ak* (Bx7*+By8*) ve *Glu-B1al* (Bx7+By8*) şeklinde 4 allele farklılanmıştır. Özellikle *Glu-B1al* yüksek hamur sıkılığı elde etmek amacıyla yetiştirme programlarına alınmıştır. Aynı zamanda 7 ve 7* ile 8 ve 8* da aynı elektroforetik mobiliteye sahiptir ve SDS-PAGE ile açık bir şekilde ayırt edilemezler [49].

SDS-PAGE kullanılan HMW-GS analizleri tane materyal üzerinde kullanımı kısıtlamaktadır; bundan başka yetiştirme hatlarının seleksiyonunu hasat öncesinde tarlada yapmaya olanak vermemektedir. Bu durumda Polimeraz zincir reaksiyonu (PZR) içerikteki HMW-GS allellerini belirlemede güvenli bir şekilde kullanılabilmektedir [51-59]. PZR markırları alleller arasındaki diziyi tanıyan çok küçük bir farklılığı temel alarak allelleri tanımlamada kullanılabilmekte, öyle ki allel spesifik primerlerin geliştirilmesi için 1 bp'lik bir polimorfizm yetebilmektedir [60]. *Glu-B1* bölgesindeki *Bx* genlerini tanımlamaya yönelik çok sayıda markır geliştirilmiş olmasına rağmen [61] *By* genomunu taramak için markır ilk olarak Lei *et al.,* [62] tarafından geliştirilmiştir.

Gluten, buğday unu nişasta granülleri ve suda çözünebilen bileşenleri uzaklaştırmak için yıkandığı zaman geriye kalan lastik benzeri (rubbery) kütle olarak tanımlanabilir. Tam olarak yıkandığı zaman kuru katı içerik %75-85 protein ve %5-10 lipit; geriye kalan kısmın çoğunluğu da nişasta ve nişasta içermeyen karbonhidrattır. Pratikte, unun su tutma kapasitesi, yapışkanlık, akışkanlık ve elastikiyeti üzerine fikir vererek buğdayın eşsiz pişirme kalitesini belirlemede anahtar bir rol oynadığından dolayı "gluten" proteinler için referans bir terimdir. Gluten, gerek monomer olarak ve gerekse kendi aralarında disülfit bağlarıyla birleşmiş oligo veya polimer olarak bulunabilen protein komponentlerinin yüzlercesini içerir [63]. Onlar, yüksek oranda glutamin ve prolin içeriği ve yüklü yan gruplara sahip amino asitlerin düşük içeriği ile karakterize olan amino asit kompozisyonları bakımından eşsizdirler. Doğal proteinlerin moleküler ağırlıkları 30 bin daltondan 10 milyon daltona kadar değişmektedir. Geleneksel olarak

gluten proteinleri, glütenlerin alkol-su (%60 etanol) solüsyonlarında çözünebilirliklerine göre yaklaşık olarak eşit fraksiyonlara bölünmüştür: çözünenler gliadinler, çözünmeyenler ise glütenlerdir. Her iki fraksiyon da unun reolojik özellikleri üzerine önemli katkıya sahiptir, fakat bunların fonksiyonları farklıdır. Suda çözünmüş gliadinler çok az esnektir ve gluteninlere göre daha az yapışkandır; onlar hamur sistemlerinin vizkozitesi ve uzama kabiliyeti üzerine başlıca katkıda bulunanlardır. Bunun aksine suda çözünmüş glutenler hem akışkanlığa sahiptirler hem de unun sıkılığı ve elastikiyetinden sorumludurlar. Daha basit bir ifadeyle, gluten iki yapıştırıcı komponente sahiptir: bunların içinde gliadinler glutenler için yumuşatıcı veya çözücü olarak farz edilebilir. Her iki fraksiyonun uygun bir karışımı, hamurun viskoelastik özelliklerini ve son ürün kalitesini belirlemede önemlidir.

Sistein, gluten proteinlerinin küçük amino asitlerinden olmasına rağmen (yaklaşık %2), bunlar glutenin yapı ve fonksiyonelitesi bakımından büyük öneme sahiptirler [64, 65]. Sisteinlerin çoğu okside olmuş durumda bulunmakta veya proteinler arasında arazincir disülfit bağları ya da bir protein içerisinde iç zincir disülfit bağları formundadır. Bu bağlar, çekirdek olgunlaşması, öğütme, hamur hazırlama ve pişirme esnasında görülen birçok redoks reaksiyonu için temel hedef olmaktadır [65]. Ekmek yapma esnasında oluşan kovalent bağlara ek olarak gluten proteinleri arasında tirozin-tirozin çapraz bağları da vardır [66] ve gluten proteinleri ve arabinoksilanlar arasında tirozin-dehidroferulik asit çapraz bağları vardır [67]. Gluten ağlarının kovalent yapısı, kovalent olmayan bağlar (hidrojen bağları, iyonik bağlar, hidrofobik bağlar vs) tarafından birleştirilir. Kimyasal bağların bu sınıfı kovalent bağlardan daha düşük enerjiye sahip olmalarına rağmen, bunlar gluten proteinlerinde agregasyondan ve hamur yapısından açıkça sorumludurlar [68]. Gluten proteinlerinde hidrojen bağlarının varlığının kanıtı; üre benzeri hidrojen bağlarını kıran ajanların hamuru zayıflatıcı etkiye; sıradan su ile karşılaştırıldığında ağır suyun hamuru kuvvetlendirici (sıkılaştırıcı) etkiye sahip olmasıdır. İyonik bağların önemi, amino asitler veya dikarboksilik asit benzeri bipolar iyonların veya tuzun sıkılaştırıcı etkisiyle gösterilebilir. Hidrofobik bağlar gluten yapısının stabilizasyonu için önemli derecede katkı sağlamaktadır. Bunlar diğer bağlardan farklıdır, çünkü bunların enerjisi sıcaklık arttıkça artar, bu pişirme prosesi boyunca ilave stabilite sağlamaktadır.

Glutenler un kalitesindeki rolleri dışında, genetik olarak duyarlı bireylerde sağlık sorunlarına da neden olabilmektedir. T hücrelerini uyarıcı epitoplar içeren bazı gluten proteinleri çölyak hastalığına neden olabilmektedir (CD; gluten intoleransı) [69]. Buğday, çavdar veya arpadan gluten proteinlerinin tüketilmesinden sonra epitoplar ince bağırsakta hasara neden olan immün yanıtı tetikler. CD hastaları bundan böyle glutensiz besinlerle hayatlarını sürdürmek zorunda kalacaklardır. Dünya nüfusunun yaklaşık %1 CD hastasıdır. Finlandiya'da son 20 yılda CD hasta sayısının iki katına çıktığı Lohi *et all.*, [70] tarafından rapor edilmiştir. Bu hasta sayısındaki artış sadece tanı yöntemlerinin gelişmesinden değil gıda katkı maddeleri içeren buğday tüketimi ve fazla miktarda alımından dolayıdır [71, 72]. Tanımlanmış olan farklı gluten epitopları arasında büyük bir immünodominant epitop olan *GliA-α9*'u içeren α-gliadin epitopları en büyük immünojenik epitoplar olarak kabul edilmektedir [73-82].

α gliadinler en fazla epitop içeren kromozom 6D tarafından kodlanır ve en yüksek frekansta bulunan gliadindir [83]. Buğday çeşitleri arasında epitopların bağıl miktarlarında farklılıklar olmasına rağmen [84-87], CD hastaları için tamamıyla güvenli hekzaploid bir ekmeklik buğday veya tetraploid bir durum buğdayı bulmak çok zordur. Bu nedenle diğer stratejilerin araştırılmasına gereksinim duyulmaktadır.

Buğdaya karşı hem solunum hem de besin alerjisine karşı kayıt bulunmaktadır. Solunum alerjisi (astım) Roma zamanından beri bilinmekte olup bu nedenle mesleki alerjilerin en önemlilerinden birisi olarak kabul edilmektedir. Bu proteinler ayrıca kloroform:metanol karışımındaki çözünürlükleri nedeniyle CM proteinleri olarak da bilinirler [88]. Bununla birlikte bu proteinlerin aktiviteleri immünoblotlama, ELISA ve IgE fraksiyonlarıyla tarama ifade kütüphanelerinin yanında cilt pürüzü (skin pricks) ve RAST (radio allegro solbent test) gibi yöntemlerle gösterilmiştir.

Buğday 8 önemli besin alerjeni arasında gösterilmektedir. Bu alerjenler hep birlikte tüm alerjik tepkilerin %90'ından sorumludur. Fakat gerçek gıda alerjisinin (IgE nedenli) görülme sıklığı çocukların %1'ini etkileyebilmesine rağmen erişkinlerde oldukça azdır [89].

Buğday proteinlerine gösterilen diğer alerjik tepkiler içerisinde atopik dermatit, ürtiker ve anaflaksi (aşırı duyarlılık) vardır. Sürpriz olmamakla birlikte bu semptomların bir

dizi buğday proteini ile (çoğunlukla gluten proteinleri, enzimler ve lipit transfer proteinleri) bağlantılıdır [90].

Buğdaya diyet toleransı genellikle alerjiden daha yaygındır. Özellikle Batı Avrupa halkının %1'ni etkilediği tahmin edilen çölyak hastalığı [91] ve Duhring (Dermatitis herpetiformis) hastalığı çölyak hastalığından 2-5 kat daha az görülmektedir [92]. Çölyak hastalığı bağırsakta besin emiliminde zayıflamaya neden olan kronik bir vakadır. Astımda olduğu gibi çölyak hastalığı da klasik zamanlardan beri bilinmesine rağmen ancak 1887'de detaylı olarak tanımlanabilmiş ve bu hastalığın buğday ile ilişkisi 1940'ların sonunda Dicke tarafından belirlenmiştir [93].

Buğday ve özellikle de buğday proteinleri ile alakalı tıp alanındaki bilimsel çalışmalarda çok sayıda bilimsel araştırma vardır. Bunların içerisinde çölyak hastası ve akrabalarında daha yaygın olarak bulunan romatoit arthritis (eklem romatizması) gibi otoimmün hastalıklar vardır [94]. Diğer rapor edilen bağlantılar içerisinde sporadic idiopathic athacsia (glutan athactia; aralıklı ideopatik atak), migren, akut psikozlar ve bir dizi nörolojik hastalıklar vardır [95-97]. Otizm ile ilgili bazı durumlar da gözlemlenmiş olup bunlara glutensiz ve kazeinsiz diyetler önerilmektedir [98, 99].

Bu çalışma ile buğday yetiştiriciliğinde kaliteli buğday çeşitlerinin geliştirilmesine katkıda bulunmayı amaçlamaktayız. Buğday üretiminde dünyada üçüncü sırada yer alan ülkemiz kaliteli buğday üretiminde yaşanan sıkıntılardan dolayı kısmen buğday ithalatı yapmaya başlamıştır ve ileride büyük oranda ithalatçı ülke konumuna düşme riski altındadır. Bu çalışmanın sonuçlarından elde edilen verilerin ıslah programlarında kaliteli ekmeklik buğday üretiminde kullanılabilecek genotiplerin belirlenmesini sağlamaya yardımcı olacağı ve uzun vadede ekmeklik buğday kalite ıslahına katkı sağlayacağı umut edilmektedir.

1. BÖLÜM

GENEL BİLGİLER

1.1 Buğday

Bitkilerin ekonomiye katkısı en belirgin şekilde tarımda görülmektedir. Tarım alanında ilerlemiş ülkeler için, tarım ürünleri hem temel bir gelir kaynağı hem de politik bir güç haline gelmiştir [1]. Vavilov'a [2] göre dünya üzerinde uzun zamandır tarım yapılan ve gen merkezi niteliğinde olan sekiz bölge bulunmaktadır. Türkiye bu merkezlerden ikisinin (Yakın Doğu ve Akdeniz) kesiştiği bir konumda yer almakta ve buğday, arpa, çavdar ve yulaf gibi temel tahılların yeryüzüne dağıldığı ya da çeşitlendiği gen merkezi olarak bilinmektedir. Bitki biyoçeşitliliği ve genetik kaynakları bakımından Türkiye, dünyadaki en zengin ülkelerden biridir. Türkiye'de bulunan bitki türü sayısı 11.014 civarında olup, bunların 3.708'si endemiktir [3]. Türkiye buğdayın gen merkezlerinden ve ilk kültüre alındığı yer olmasından dolayı Türkiye'de buğdayın çok sayıda yabani formu ve yerel çeşitleri bulunmaktadır.

1.1.1 Dünyada ve Türkiye'de Buğdayın Önemi

Mısır ve pirinçle birlikte dünyada en fazla tarımı yapılan buğday ekonomik yönünün yanı sıra besinsel yönüyle de büyük önem taşımaktadır. Buğdayda mevcut protein miktarı tür, çeşit, çevre koşulları (iklim, toprak, hastalık ve zararlılar) ve üretim koşullarına (gübreleme, sulama) bağlı olarak %6-22 oranında artabilir [100]. Hızla artan dünya ve ülkemiz nüfusunun beslenme sorunlarının çözümünde, sınırlı olan tarım alanlarındaki bitkisel besin kaynağı üretiminin maksimum verimlilikte elde edilmesi büyük önem taşımaktadır. İnsan besin kaynakları arasında en ön sırada gelen tarla bitkilerinden birisi şüphesiz ki buğdaydır. Ülkemizde yıllık buğday ekim alanı yaklaşık olarak 7,7 milyon hektardır ve bu alanlardan elde edilen ortalama ürün miktarı yıllık yağışa bağlı olarak yaklaşık 22 milyon ton civarlarındadır (Tablo 1.2) [101]. Dünyanın

ve Türkiye'nin neredeyse her bölümünde üretimi yapılabilen buğdayın, ilgilendirdiği üretici ve tüketici kitlesinin genişliğinden dolayı oldukça önemli bir konumu vardır.

TÜİK verilerine göre ülkemizde toplam tarım alanının %55'i yani 21,4 milyon hektar işlenen tarım alanının yaklaşık % 57'lik oranı ile en büyük payı tahıllar almaktadır. Tahıllar içerisinde ise yaklaşık % 67'lik pay ile ilk sırada buğday yer almaktadır (Tablo 1.5).

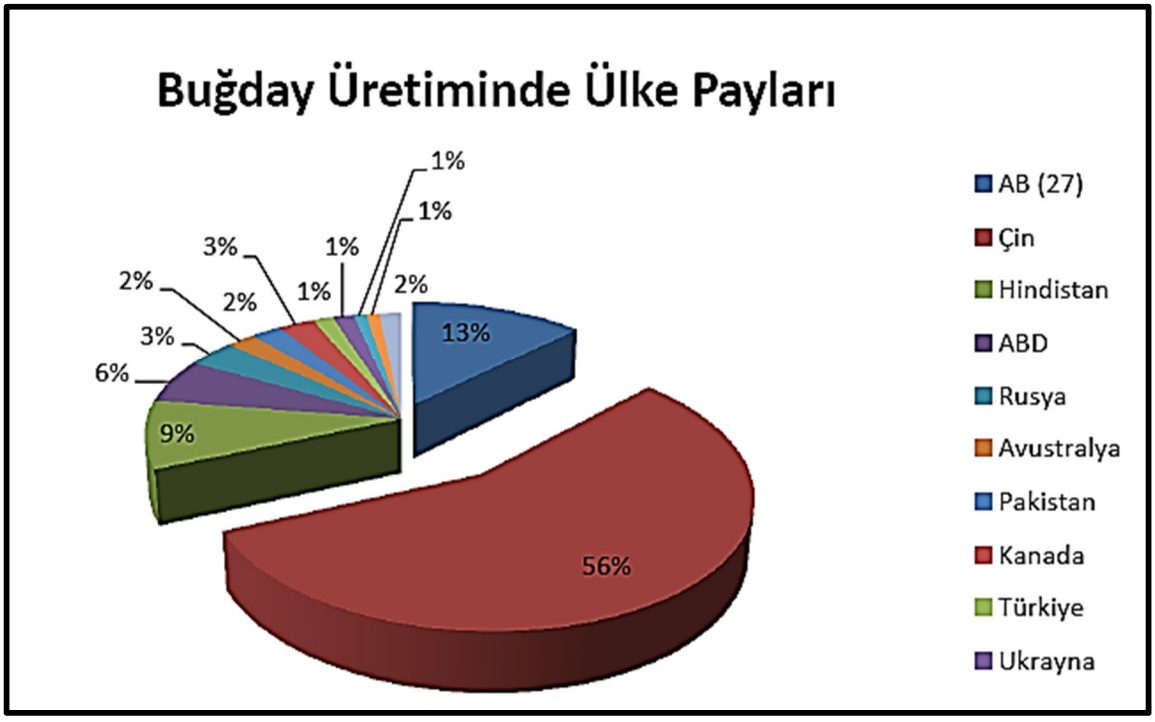
27 Avrupa Birliği ülkesinde toplam 143.34 milyon ton buğday üretimi gerçekleşmiştir (Şekil 1.1). Toprak mahsulleri ofisi verilerine göre dünyada toplam buğday üretim miktarı % 4 oranında azalma göstermesine karşın tüketim oranı % 1.6 oranında artış göstermiştir [101]. Ülkemizde 2014 yılında tüketilen buğday miktarı yaklaşık olarak 22 milyon tondur [102].

Tablo 1.1 Dünya buğday üretim verileri

	2007	2008	2009	2010	2011	2012/13 tahmin	2013/14 öngörü 31.10	28.11
ÜRETİM	607	685	679	653	696	655	696	698
TİCARET	110	137	128	126	139	142	142	142
TÜKETİM	603	645	652	656	681	673	690	692
STOK	132	173	199	196	210	175	182	181

Türkiye'nin kendi kendine yeter bir buğday üretiminin olmasına karşın, yapılan ithalatın tek nedeni olarak 'kalite'yi söyleyebiliriz. Bu çalışmanın buğday yetiştiriciliğinde kaliteli buğday çeşitlerinin geliştirilmesine katkıda bulunacağı ümit edilmektedir. Böylece buğday ithal ederek, başka ülkelerin ekonomisine katkıda bulunmayıp, ithalata gidecek parayla yeni çeşitler geliştirilip uzun vadede ülke ekonomisine önemli katkıda bulunulacağı düşünülmektedir. Buğday üretiminde dünyada üçüncü sırada yer alan ülkemiz kaliteli buğday üretiminde yaşanan sıkıntılardan dolayı kısmen buğday ithalatı yapmaya başlamıştır ve ileride büyük oranda ithalatçı ülke konumuna düşme riski altındadır. Bu çalışma sonuçlandığında elde edilecek verilerin ıslah programlarında kaliteli ekmeklik buğday üretiminde kullanılabilecek genotiplerin belirlenmesini sağlamaya yardımcı olacağı ve uzun vadede ekmeklik buğday üretiminde kalite sorununa çözüm getireceği umut edilmektedir.

Uluslararası Hububat Konseyi, 2011 sezonunda 696 milyon ton düzeyinde gerçekleşen dünya buğday tüketimini 2012 – 2013 döneminde 40 Milyon ton azalarak 655 milyon ton olarak gerçekleşeceğini tahmin etmektedir. Toplam hububat üretimindeki azalışta, olumsuz hava koşulları nedeniyle Bağımsız Devletler Topluluğu (BDT) toplam hububat üretiminin %23, ABD toplam hububat üretiminin %8 ve AB toplam hububat üretiminin %5 azalacağının öngörülmesinin büyük payı vardır. 2013/14 öngörüsü ise 2011 yılındaki seviyeyi yakalayarak 698 milyon tona çıkması beklenmektedir (Tablo 1.1).



Şekil 1.1 Buğday üretiminde ülke payları [102]

Uluslararası Hububat Konseyi, verilerine göre 2012/13 yılı dünya buğday üretiminin bir önceki yıla göre %5.08 oranında azalışla 655 milyon ton seviyelerinde gerçekleşeceği tahmin edilmektedir. 2012 yılı buğday üretim miktarlarında dünya genelinde bir önceki yıla göre en büyük oransal azalış; Kazakistan'da %56,8, Rusya'da %32,9, Arjantin'de %31 olarak tahmin edilmektedir.

AB'den sonra dünya buğday üretiminde en büyük pay %18,4 ile Çin'e, %14,5 ile Hindistan'a aittir. 2012/13 dönemi buğday üretiminde ilk sırayı %20 ile AB27 alırken, bunu %18 ile Çin ve %14 ile Hindistan takip etmektedir. Türkiye, dünya buğday üretiminin %3 ünü gerçekleştirmektedir.

Tablo1.2 Dünya buğday üretimi ve önemli üretici ülkeler (milyon ton) [102]

Ülkeler	2005/06	2006/07	2007/08	2008/09	2009/10	2010/11	2011/12	*2012/13
AB (27)	122,7	125,1	118	150,7	138,3	136,8	138	133,6
Çin	97,5	108,5	109,3	112,5	115,1	115,2	117,9	593,8
Hindistan	68,6	69,4	75,8	78,6	80,7	80,78	86,79	94,9
ABD	57,2	49,2	55,8	68	60,4	60,1	54,4	61,7
Rusya	47,7	44,9	49,4	63,8	61,7	41,5	56,2	37,7
Avustralya	25,2	10,8	13,6	21,4	21,8	27,9	29,5	22,1
Pakistan	21,7	21,7	23,3	21	24	23,9	24	23,3
Kanada	26,8	25,3	20,1	28,6	26,8	23,2	25,3	27,2
Türkiye	**18**	**17,5**	**15,5**	**17**	**18,5**	**17,5**	**18,8**	**15,5**
Ukrayna	18,7	13,8	13,9	25,9	20,9	16,8	22,3	15,8
Arjantin	12,6	14,5	16,3	8,4	8,8	14,7	14	9,5
Kazakistan	11	12,5	16,5	13	16,5	10	22,7	9,8
Diğer	111,8	98,1	93,9	102,2	105,8	101,1	107,8	17,10
Dünya	620,7	597,5	607,4	685	678,5	652,6	695,5	655,49

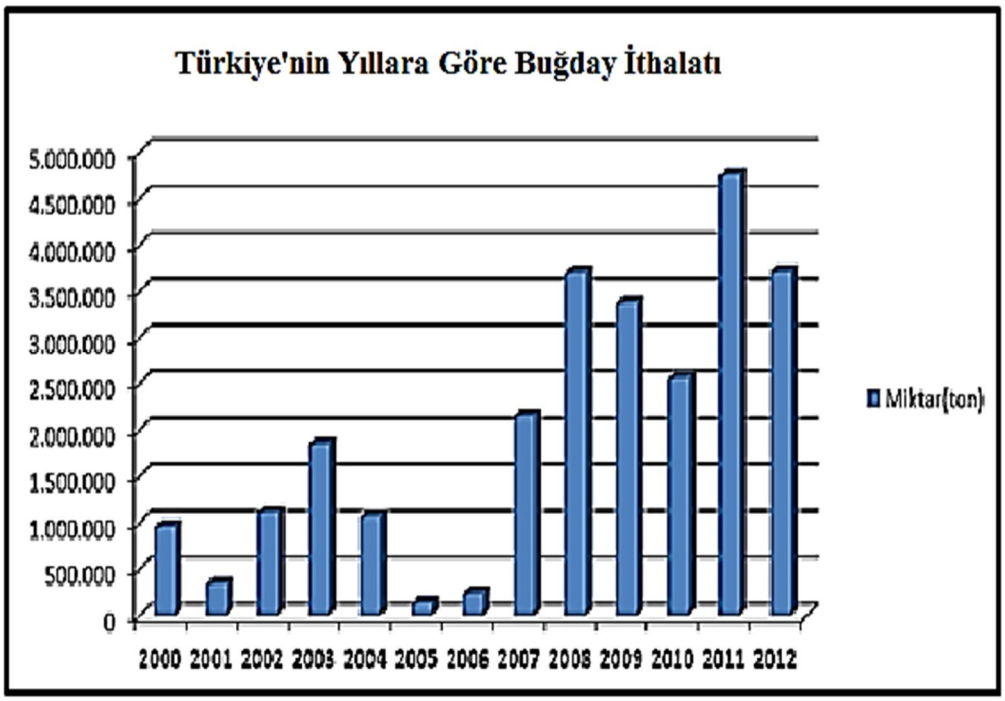
Tablo 1.3 Dünya buğday stoğu (milyon ton) [102]

Ülkeler	2006/07	2007/08	2008/09	2009/10	2010/11	2011/12	*2012/13
1.Çin	31,6	36,3	43,5	53,2	56,9	53,9	53,9
2.ABD	12,4	8,3	17,9	26,6	23	20,2	19,6
3.AB (27)	14	10,3	19,7	15	10,4	11,1	10
4.Hindistan	5	7,1	13,1	17,6	17	20,5	24,2
5.Rusya	3,1	4,2	10,4	11,8	3,5	3,5	48
10.Türkiye	1,9	1,2	1,8	1,8	1,9	3,4	3,1

Ülkemiz, yıldan yıla artan mamul madde ihracatı ile dünyanın önemli unlu mamuller ihracatçısı konumuna gelmiştir. 2012 yılında Türkiye'nin un ihracatı 1.993 bin ton olmuştur. Uluslararası Ticaret Merkezi (ITC) verilerine göre ülkemiz, dünya un ihracatında 2011 yılında hem miktar hem de değer bazında 1. sırada, 2012 yılında ise miktar olarak 2, değer bazında 1. sırada yer almıştır [102].

Tablo 1.4 Dünya buğday ithalatı (5 büyük ülke, milyon ton)[102]

Ülkeler	2006/07	2007/08	2008/09	2009/10	2010/11	2011/12	2012/13
1.Mısır	7,1	7,6	9,8	10,2	10	11,7	9,8
2.Brezilya	7,9	7,1	6,3	6,7	6,4	7	7,5
3.Endonezya	5,8	5,2	5,5	5,4	5,6	6,5	6,5
4.Cezayir	4,9	5,8	6,3	5,1	5,4	6,3	5,4
5.Japonya	5,6	5,7	4,9	5,5	5,2	5,9	6,1
12.Türkiye	1,8	2,2	3,6	3,3	3,1	4,4	4



Şekil 1.2 Türkiyenin yıllara göre buğday ithalatı [102]

İşletmeler kalite ve fiyat kriterine göre buğday ithalatı yapmakta, yalnızca ekmeklik, özel amaçlı ya da hem ekmeklik hem de özel amaçlı üretim yapılmaktadır. Üretim genelde ekmeklik olmakta ancak diğer un mamullerin tüketimindeki gelişmeler nedeniyle bu ürünlerin üretimine yönelik un üretimi de giderek önem arz etmektedir. Başarılı tarım politikaları ile çiftçilerimizin kaliteli buğday üretimine teşvik edilmesi gerekmektedir. Sertifikalı tohumculuğun geliştirilmesi ve Türk çiftçisinde bu şuurun oluşturulması, hammaddede yaşadığımız kalite sıkıntısını ortadan kaldırmada ve dolayısıyla buğday ithalatını azaltmada en önemli unsurdur [102].

Tablo 1.5 Dünya ve önemli üretici ülkelerde buğday ekim alanları (Ton/ha) [102]

Ülkeler	2006/07	2007/08	2008/09	2009/10	2010/11	2011/12	2012/13
1.AB (27)	24,7	25,1	26,7	25,7	25,9	26	25,3
2.Çin	24	23,1	23,4	23,6	24,3	24,2	24,3
3.Hindistan	26,7	28	28,2	28,4	28,5	29,4	29,7
4.ABD	18,9	20,6	22,5	20,2	19,3	18,5	19,8
5.Rusya	23	23,5	26	27,5	22,5	24,9	21,3
8.Türkiye	8,6	8,6	8,6	8,6	8	7,70	7,8

Buğday üretiminin bölgelerimize dağılışına baktığımızda, 2009 yılı ile 2010 yılı arasında en belirgin değişikliğin İç Anadolu, Marmara ve Güneydoğu Anadolu bölgelerimizde yaşandığı söylenebilir. İç Anadolu Bölgesinin buğday üretimindeki payı %26'dan %34'e yükselmiştir. Buna karşılık Marmara ve Güneydoğu Anadolu Bölgelerinin payları ise sırasıyla, %21'den %17'ye ve %15'ten %21'e düşmüştür [102].

Tablo 1.6 Türkiye bölgelere göre buğday üretim verileri

		Ekmeklik	Makarnalık
Marmara Bölgesi	Miktar (Milyon Ton)	2,877	1
	Pay (%)	17,1	0
Ege Bölgesi	Miktar (Milyon Ton)	1,241	457
	Pay (%)	7,4	13,8
İç Anadolu Bölgesi	Miktar (Milyon Ton)	5,43	760
	Pay (%)	32,4	23
Akdeniz Bölgesi	Miktar (Milyon Ton)	2,153	261
	Pay (%)	12,8	7,9
Doğu Anadolu Bölgesi	Miktar (Milyon Ton)	1,153	36
	Pay (%)	6,9	1,1
Güneydoğu Anadolu Bölgesi	Miktar (Milyon Ton)	2,227	1,638
	Pay (%)	13,3	49,7
Karadeniz Bölgesi	Miktar (Milyon Ton)	1,706	147
	Pay (%)	10,1	4,5
Toplam	Miktar (Milyon Ton)	16800	3300
	Pay (%)	100	100

1.1.2 Buğdayın orjini ve evrimi

Buğdayın ilk kültüvasyonu yaklaşık 10 bin yıl önce neolitik çağda gerçekleştirilmiştir. Bu çağda avlanma ve besin toplanmasından yerleşik tarıma geçilmiştir. Bu erken kültüve edilen formlar diploid (genom AA) (Kaplıca) ve tetraploid (AABB) (Gernik) buğdaylar olup bunların genetik ilişkileri orjinlerinin Türkiye'nin güneydoğusuna bağlı

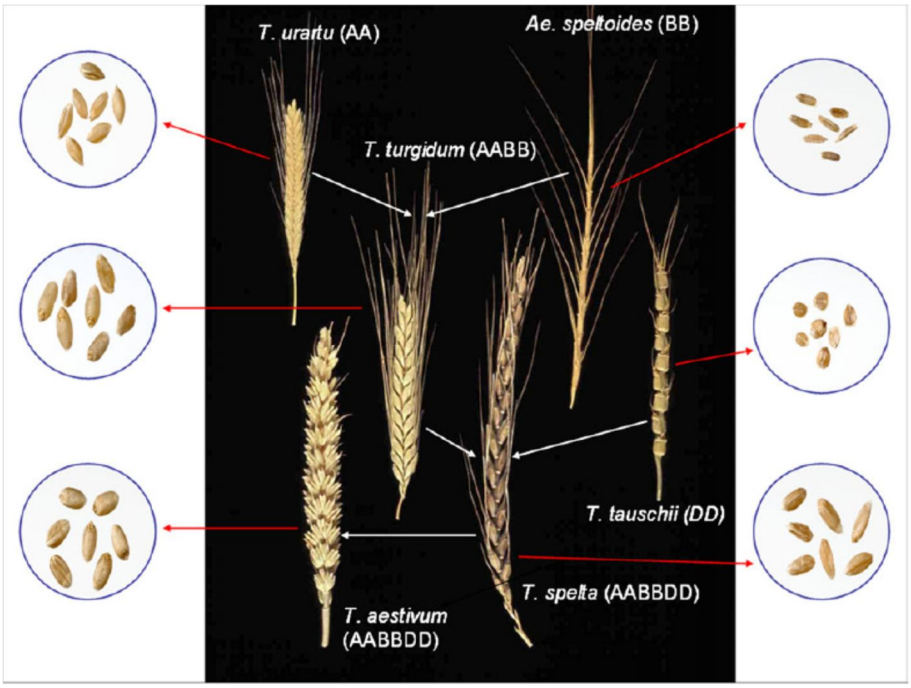
olduğunu göstermektedir [19, 20, 21]. Kültüvasyon buradan yaklaşık 9 bin yıl önce yakın doğuya kaymış ve hekzaploid ekmeklik buğday ilk olarak ortaya çıkmıştır [22].

İlk kültüvasyonu yapılmış olan buğday çeşitleri aslında yabani populasyonlardan çiftçiler tarafından seçilen tiplerdir. Bunlar muhtemelen bilimsel olmayan ıslah şekli ile ortaya çıkan yüksek verim ve diğer özellikler nedeniyle seçilmişlerdir. Ancak kültüre alma ayrıca bunları yabani akrabalarından ayıran genetik özelliklerin seçimi ile de bağlantılıdır. Bu kültüre alma sendromu diğer bilim adamları tarafından da detaylı olarak tartışılmış olup bunlar içerisinde iki özellik oldukça önemli bulunmuştur. Bunlardan birincisi olgunlaşma döneminde başaklardaki kırılmadan dolayı oluşan kayıptır. Bu hasat döneminde tohum kaybına neden olmaktadır. Bu durum açık bir şekilde doğal popülasyonlarda tohum dağılımının garantiye alınmasında önemli bir karakter olup kırılmayan başak Br (Brittle rachis) lokusunda oluşan mutasyonla belirlenmektedir [24].

İkinci önemli özellik ise kavuzlu formdan (bunda kavuzlar sıkı bir şekilde taneye tutulur) kavuzsuz hale geçiştir. Kavuzsuz formları Q lokusundaki baskın bir mutasyondan kaynaklanmıştır. Bu mutasyon Tg (Tenacious glume) lokusundaki çekinik bir mutasyonun etkisini modifiye etmiştir [21, 103, 104].

Diploid, tetraploid ve hekzaploid buğdayların kültüre alınan formlarının hepsinde de ekmeklik buğdayın spelt formundan ayrı olarak sert bir rachis vardır. Benzer şekilde Eincorn (kaplıca), Gernik (gernik) ve Spelta'nın erken kültüre alınmış şekillerinin hepsi kabukludur. Buna karşın tetraploid ve hekzaploid buğdayların modern formları kabuksuzdur.

Kaplıca ve Gernik'in doğal populasyoların kültüre alınması ile ortaya çıktığı bariz olmasına rağmen ekmeklik buğday sadece doğal yolla melezleme ile ortaya çıkmıştır [kültüre edilmiş Gernik ile bundan alakasız bir yaban otu olan *Triticum tauschii*'nin (ayrıca *Aegilops tauschii* ve *Ae. squarosa* olarak da isimlendirilir) hibridizasyonu ile ortaya çıkmıştır]. Modern buğdayların evrimi Şekil 1.3'de gösterilmiştir. Bu şekilde aynı zamanda başak ve tane örnekleri de gösterilmektedir.



Şekil 1.3 Kültüre alınmış ekmeklik ve durum buğdayları ile yabani diploid çimler arasındaki başak ve tane örneklerini gösteren evrimsel ve genomik ilişkiler. Şekil Shewry [105]'den alınmıştır.

Kültüre alma sırasında ortaya çıkan genetik değişiklikler modern buğdayların daha iyi adapte olmuş yabani türlerle rekabetinde başarısız olacağı anlamına gelir. John Bennet Lawes, 1880'li yıllarda bu durumu ünlü Broadbalk deneyi ile açık bir şekilde ortaya koymuştur [106]. Lawes bu deneyde, buğdayın bir kısmını 1882'de hasat etmeden bırakmış ve takip eden yıllarda büyümesini gözlemlemiştir. 1883'de iyi bir mahsül döneminden sonra yabani otlar baskın gelmiş ve 1885'de geriye kalan cılız birkaç buğday bitkisi toplanmış ve fotoğraflanmıştır.

Tetraploid ve hekzaploid buğdayların A genomları açık bir şekilde yabani ve kültüre alınmış Kaplıca buğdaylarının A genomu ile ilişkilidir, buna karşılık hekzaploid buğdayların D genomunun *T. tauschii*'den geldiği açıkça görülmektedir. Gerçekte hekzaploid buğdaylar o kadar yakın bir zamanda olmuştur ki hekzaploid ve diploid türlerdeki D genomları arasında çok az farklılık görülmektedir. Bunun aksine tetraploid ve hekzaploid buğdayların B genomu büyük bir olasılıkla *Aegilops*'un (*Ae. speltoides* buna en yakın türdür) sitopsis bölümündeki S genomundan türemiştir. *Ae. speltoides*'in S genomu A ve G genomuna sahip tetraploid bir tür olan *T. timopheevi*'nin G genomu ile de çok yakındır [22].

1.1.3 Günümüzde kültüre alınan buğdaylar

Günümüzde dünya çapında yetiştirilen buğdayların %95'i hekzaploid ekmeklik buğday olup geriye kalan %5'in çoğu da tetraploid makarnalık buğdaydır. Makarnalık buğday kurak akdeniz iklimine ekmeklik buğdaya göre daha iyi adapte olmuş olup genellikle pasta buğdayı olarak adlandırılır. Fakat ekmeklik için de kullanılıyor olup Kuzey Afrika'da kuskus ve bulgur gibi yöresel yiyeceklerin yapımında da kullanılmaktadır. Diğer buğday türlerinin (Eincorn, Gernik, Spelt) az bir kısmı hala İspanya, Türkiye ve Hindistan gibi bazı bölgelerde yetiştirilmektedir [107]. Fakat spelt Avrupa'da özellikle alpin bölgelerinde yetiştirilmeye devam etmektedir [108].

1.1.4 Buğday neden bu kadar çok başarılı olmuştur?

Yakın zamanda ortaya çıkmış olmasına rağmen geniş ılıman alanlara uyum yeteneği olan ekmeklik buğday 25 binin üzerinde türün gelişimine imkan sağlama bakımından yeterli derecede genetik çeşitlilik göstermektedir [25]. Yeterli su ve mineral besin sağlanması ve etkili zararlı ve hastalık kontrolü sağlanması durumunda diğer ılıman iklim tahılları ile kıyaslandığında verim hektar başına 10 tonu geçebilmektedir. Fakat bu durumlar sağlanmadığı durumda verim hektar başına 2.8 tona kadar da düşebilmektedir. Buğday ayrıca mekanik veya geleneksel yöntemlerle hasat edilebilir ve su içeriği %15'in altında olması ve zararlıların kontrol edilmesine bağlı olarak tüketim öncesinde etkin bir şekilde depolanabilmektedir.

Buğdayın adapte olma kabiliyeti ve yüksek veriminin başarılı olma konusunda katkı sağladığı şüphesizdir. Fakat sadece bu durum dünyanın birçok yerinde dominant olması bakımından yeterli değildir. Diğer ılıman iklim bitkileri üzerinde avantaj sağlamaları üzerindeki en önemli özellik buğday unundan elde edilen hamurun eşsiz özelliğidir. Yani birçok çeşit ekmek yapımında, kek ve bisküvi gibi diğer ürünlerin yapılmasında, pasta ve şehriye yapılmasında ve diğer bazı işlenmiş yiyeceklerin yapılmasında kullanılması gibi özelliklerindendir. Bu özellikler gluten protein parçalarını oluşturan tane depo proteinlerinin yapı ve interaksiyonlarına bağlıdır.

1.1.5 Buğdayın genetiği

Buğdayın farklı ploidi düzeyinde türleri vardır. Bazı türler iki kromozom takımına sahipken (2n, diploid) bazıları dört (4n, tetraploid) bazıları ise altı (6n, hekzaploid)

takım kromozom taşırlar [110]. Poliploidi, angiospermler arasında oldukça yaygındır [111]. Bu poliploidi düzeyleri bitkilere orijinal fonksiyonlarını tutmanın yanı sıra yeni fonksiyonlar da kazandırabilir [11]. Diploidlerin dışındaki buğday türleri sahip oldukları kromozom takımlarını farklı cinslerden aldıkları için allopoliploittir. Yapılan son çalışmalar allopoliploidinin buğdayların evriminde rastgele kodlanan veya kodlanmayan DNA dizilerinin yok edilmesi, kodlanan veya kodlanmayan DNA dizilerinin metilasyonu ve susturulması, bitişik genlerin ve retroelementlerin ifadesinin aktive edilmesi gibi birçok konuda önemli rol oynadığını göstermiştir [112].

Diploid buğday (kaplıca) üç tür içerir: *T. boeticum, T. urartu* ve *T. monococcum*. Bunların ilk ikisi yabani üçüncüsü ise kültür formudur. Bunların tümü A genomunu tüm poliploit buğdaylarla paylaşır. Tetraploid *T. turgidum* A ve B genomlarını bulundurur, B genomunun orjini belirsizdir. Kültüre alınmış formu var. *durum* (sıklıkla *T. durum* olarak isimlendirilir) durum veya makarnalık buğday olarak Akdeniz ikliminin hakim olduğu yerlerde geniş oranda yetiştirilir. *T. timopheevii*, orjini tam olarak bilinmeyen G genomu içerir.

Tablo 1.7 Kültüre alınmış buğday ve yakın akraba yabani türlerin sınıflandırması. Feldman *et al.* [25]

Türler	Genom	Yabani (Kavuzsuz)	Çeşitler	
			Kavuzsuz	Serbest Harmanlama
Diploid (2n=14)	S(G)	Tümü		
Aegilops speltoides	S	Tümü		
Aegilops bicornis	S	Tümü		
Aegilops longissima	S	Tümü		
Aegilops searsii	S	Tümü		
Aegilops squarrosa	D	Tümü		
Triticum urartu	A	Tümü		
Triticum monococcum	A	var. *boeoticum*	var. *monococcum*	var. *sinskajae*
Tetraploid (2n=28)				
Triticum timopheevii	AG	var. *araraticum*	var. *timopheevi*	var. *militinae*
Triticum turgidum	AB	var. *dicoccoides*	var. *dicoccum*	var. *durum*
				var. *turgidum*
				var. *polonicum*
				var. *carthlicum*
				var. *turanicum*
Hekzaoloid (2n=42)				
Triticum aestivum	ABD		var. *spelta*	var. *aestivum*
			var. *macha*	var. *compactum*
			var. *vavilovii*	var. *sphaerococcum*

Hala Ermenistan ve Transkafkasya'nın sınırlı bir kısmında yetiştirilmektedir. Tek bir hekzaploid tür, *T. aestivum*, yabani akraba tür *Aegilops squarrosa* (çoğunlukla *Triticum tauschii* olarak isimlendirilir)'dan D genomu ile kombine *T. turgidum*'un AB genomlarını içerir. Ekmeklik buğday dünyada en fazla tarımı yapılan bitkidir ve ekmeklik buğdayların çoğu *var. aestivum*'dur, ancak *vars. compactum* ve *vars. sphaerococcum* da sınırlı alanlarda yetiştirilmektedir [109].

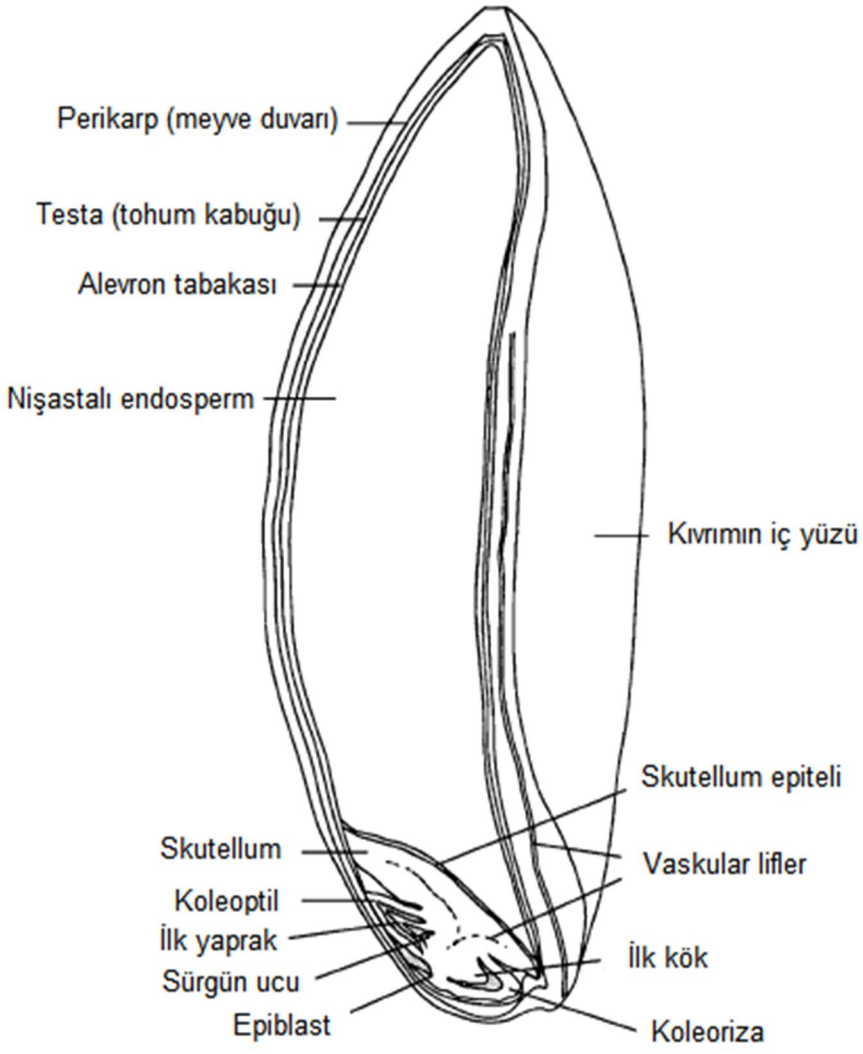
Hekzaploid ekmeklik buğday nispeten yakın bir orjine sahiptir. Yaklaşık 10 bin yıl önce diploid ve tetraploid türlerin eş zamanlı olarak kültüre alınmasından sonra kültüre alınmaya başlamıştır. A, B ve D genomlarından dolayı akraba olan tetraploid ve hekzaploid buğdaylar, kromozom 5B üzerindeki spesifik bir genin (*Ph1*) etkisinden dolayı mayoz esnasında diploid olarak davranırlar [113]. Üç genomun ilgili kromozomları genellikle homolog olarak kabul edilir.

Ekmeklik ve makarnalık buğdaylarının poliploit doğası gluten proteinlerin kompozisyonu ve analizi için iki önemli sonuca sahiptir. İlki, üç genomun tümü ilişkili proteinleri kodlayan genleri içerir ve sıklıkla kromozom üzerinde benzer lokasyonlarda bulunurlar. Bu da genetik analizler esnasında protein segregasyonunun kompleks kompozisyonda ve yapıda olmasına neden olur. Bununla birlikte genomlar arasındaki yakın ilişki genom için tüm kromozomda, kromozom kolu veya kromozom segmentini, yabancı türden (çavdar veya *Aegilops* spp.) yakın genetik materyalle veya diğer genomun homolog kromozomlarından duplike materyalleri kullanarak yer değiştirerek veya kaybederek genetik stokların gelişimine olanak sağlayan "tamponlama" vazifesi görerek bir avantaj da sağlar. Sears [114] tarafından keşfedilen benzer stokların gelişimi, buğdayda kodlayan gluten proteinleri de içeren genlerin bir serisinin haritalanmasında büyük kolaylıklar sağlamıştır.

1.1.6 Buğday taneleri

Buğday taneleri genetik olarak farklı iki kısımdan oluşur. bu kısımlar farklı çekirdekler tarafından döllenen hücrelerden oluşan embriyo ve endospermdir. Polen tüpü embriyo kesesi içerisine iki sperm hücresi bırakır, bunlardan biri diploid zigotu oluşturmak için yumurta hücresi ile birleşir. Bu embriyonik eksende skutellum (kalkancık) olarak isimlendirilen tek bir kotiledonda tohumun olgunlaşmasına olanak sağlar (Şekil 1.4) [115].

Kalkancık bazı depo bileşenleri (yağ ve albumin ve globülin benzeri depo proteinleri) içermesine rağmen gluten proteinleri içermez. İkinci sperm hücresi triploit bir endosperm hücresi oluşturmak için iki polar çekirdek ile birleşir, genişler ve hücresellik kazanır. Bölünerek kuru maddenin yaklaşık %80'ini ve olgun tohumdaki proteinlerin de yaklaşık %72'sini oluşturan nişasta endospermi (Gooding and Davies, 1997) ve ince duvarlı hücrelerin yalnızca dış tabakasında bulunan alevron tanelerini oluşturmak için farklanır. Orjinde farklı olmalarına ve diploidten ziyade triploit olmalarına rağmen aleuron hücreleri bileşikleri kalkancıkta olduğu gibi depolamaktadırlar. Aksine, nişasta endosperm hücreleri fazla miktarda nişasta (%60-70 kuru ağırlık) ve prolamin depo proteinleri içerir.



Şekil 1.4 Bir buğdayın ortadan uzunlamasına kesiti. Gooding and Davies [115]'ten alınmıştır.

1.1.7 Buğday gluten proteinleri ve işleme özellikleri

Transkriptomik çalışmalar büyüyen bir buğday tanesinde 30 binden fazla genin ifade edildiğini göstermektedir [116]. Buna karşılık olgun tanelerin proteomik analizinde 1125 bireysel komponent olduğu belirtilmiştir [117]. Fakat bu komponentlerin birçoğu az miktarlarda bulunur ve bir protein parçasının miktar ve etki bakımından dominant olması yönüyle tanelerden faydalanma bakımından ya çok az etki gösterir ya da hiç etki göstermez. Bireysel gluten proteinlerinin kesin sayısı belirlenememiştir. Fakat 2 boyutlu jel analizleri ile yaklaşık olarak 100 civarında olduğu tahmin edilmektedir. Avrupa buğdaylarında bunların tamamının toplam tane proteinlerinin yaklaşık %80'ine karşılık geldiği tahmin edilmektedir [36].

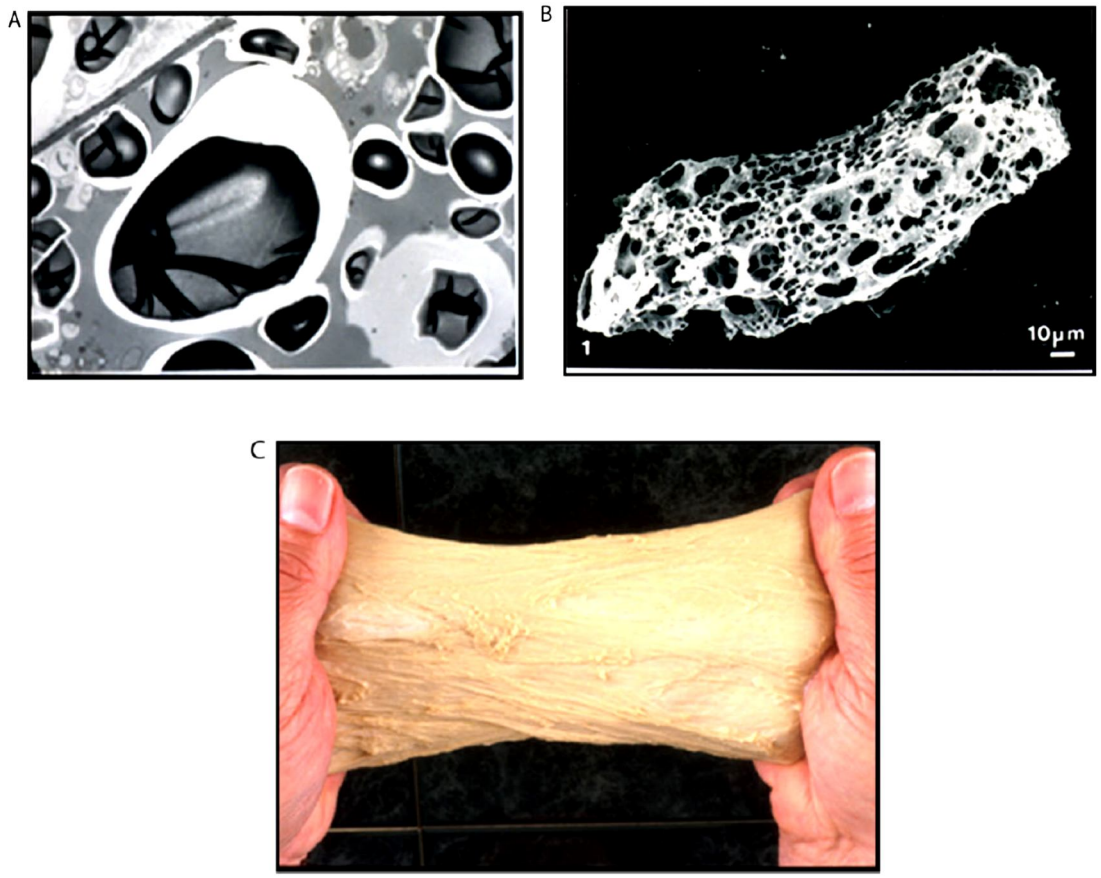
Gluten, kimyacıların tanımladığı ilk protein fraksiyonlarından biridir. İlki Beccari tarafından 1758'de belirlenmiştir [32]. Gluten geleneksel olarak buğday ununun suda veya seyreltik tuz solüsyonunda hafifçe yıkanması ile elde edilir. Geriye proteinlerin %80'ine karşılık gelen yapışkan bir kitle kalır. Geriye kalan bu kısım protein matriksi içerisinde tutulan ve çoğunlukla nişasta granüllerinden oluşan miktardır.

Böyle basit bir işlemle saf halde gluten proteinlerinin hazırlanabilmesi bunların kendilerine has olağandışı özelliklerine bağlıdır. Öncelikle su veya seyreltik tuz çözeltilerinde çözünme özellikleri yoktur, fakat alkol/su karışımında çözünebilirler. Bu nedenle de 19. yüzyılın sonunda ve 20. yüzyılın başında Osborne'nin klasik protein çalışmalarında "prolaminler" olarak tanımlanmışlardır [118]. İkinci olarak bireysel gluten proteinleri tüm fraksiyonun yapışkan bir kitle olarak izole edilmesine imkân sağlayan kuvvetli kovalent ve non-kovalent güçlerle bağlıdırlar.

1.1.8 Glutenin orijini

Glutenlerin diğer tane depo proteinleri ile ortak yanı bunların salgılanan protein olmalarıdır. Granüllü endoplazmik retikulumda (ER) sentezlenirler ve ko-translasyonel olarak ER'nin lümenine gönderilirler. ER lümenine girdikten sonra tahıl tane depo proteinleri iki yol takip eder: birincisi vakuollerde protein kütleleri olarak depolanmalarına yol açan golgi bağımlı yol, ya da ikinci olarak, golgi bağımsız yoldur. Golgi bağımsız yolda ER lümeninde oluşan protein depozitleri sonunda vakuollerdeki protein kütleleriyle birleşir [119].

Galili *et al.,* [120-122] yaptığı bir çalışmada gluten proteinlerinin her iki yolu da izleyebileceğini göstermiştir. Bu durum 2009 yılında Epitop Taq'ların ve spesifik antibodylerin kullanımı ile, gelişen tane hücrelerindeki bireysel proteinlerin ve protein gruplarının takip edilmesi amacıyla yapılan bir çalışma ile teyit edilmiştir [123]. Ayrıca tohum olgunlaşmasının son aşamalarında nişastalı endosperm hücrelerinin kuruması ve ölmesi sırasında protein depozitlerinin sürekli matriks oluşturmak üzere birleştikleri açıktır (Şekil 1.5a). Bu nedenle her bir endosperm hücresinde protein ağı vardır (Şekil 1.5b) ve bu ağ hamurda sürekli bir ağ oluşturmak için unun su ile karıştırıldığı sırada bir arada toplanır. Bu nedenle gluten olmayan komponentlerin uzaklaştırılması amacıyla hamurun yıkanması ağın gluten olarak bilinen yapışkan kitlesini ortaya çıkarmayı sağlar (Şekil 1.5c).



Şekil 1.5 Buğday gluteninin orijini. A) çiçeklenmeden 46 gün sonra nişasta endosperm hücrelerinin bireysel protein gövdelerinin sürekli bir proteinli matriks oluşturmak için birleştiği gelişiminin taramalı elektron mikroskobu görüntüsü B) sürekli bir proteinli ağ ortaya koymak amacıyla nişastayı uzaklaştırmak için amilaz ile un partiküllerinin parçalanması. C) Yoğurma sonrası hamur; yapışkan bir kütle olan, bunun vizkoelastik özelliklerini göstermek için fotoğrafta gerilmiş olan gluten ağları [109].

1.1.9 Gluten işlevselliğinin biyokimyasal ve moleküler temelleri

İnsanoğlu yüzyıllardır buğday hamurunun olağanüstü özellikleri olduğunun farkındadır. Bu özellikler bir dereceye kadar çavdar unundan yapılan hamurda da vardır ancak diğer tahıllardan elde edilen unda yoktur. Genellikle viskoelastisite olarak bilinen bu özellikler mayalı ekmek yapımında özellikle önemlidir. Çünkü bunlar mayalanma sırasında ortaya çıkan karbondioksidin tutulmasını sağlar. Fakat mayasız hamur, kek, bisküvi, pasta (makarnalık buğdaydan) ve şehriye (ekmeklik buğdaydan) gibi diğer birçok alanda da kullanılabilir. Bunlardan ayrıca işlenmiş yiyeceklerde tutucu olarak kullanılan gluten proteinlerinin kullanıldığı gıda endüstrisinde de bol miktarda faydalanılmaktadır.

Buğday gluteni ile ilgili yapılmış olan çok sayıda araştırma vardır. Web of science'de basit bir tarama ile 1945'den itibaren 20 binin üzerinde makale görülebilir. Bu sayı sadece buğday işlemesinin ticari önemini göstermekle kalmayıp tam olarak anlaşılamamış olan sistemin karmaşıklığını da gösterir. Bu çalışmalar içerisinde genetik, biyokimyasal, biyofizik ve fonksiyonel seviyelerde araştırmalar mevcuttur.

Genetik çalışmalar, her bir gluten proteini arasında genetik ilişkiyi ortaya çıkarma ve işleme kalitesi yönünden farklı genotiplerde gluten protein fraksiyonları arasında çok fazla polimorfizm olduğunu ortaya koymaktadır. Benzer şekilde biyokimyasal ve biyofizik çalışmalarında da hamur elastisitesi ve gluten proteinlerin gluteninler olarak bilinen polimerik kompleks oluşturması arasında bağlantı olduğu ortaya konulmuştur. Bu iki yaklaşımdan elde edilen sonuçlar spesifik bir gluten protein grubunun [Yüksek molekül ağırlıklı (HMW) gluten alt ünitesi] önemini ortaya koymuştur.

Ekmeklik buğday çeşitleri 3-5 HMW alt ünite genlerini ifade eder. Bundan kodlanan proteinler toplam tane proteinlerinin %12'sine karşılık gelir [35, 36]. HMW alt üniteleri sadece yüksek moleküler ağırlıklı polimerlerde bulunur ve ifade edilen gen sayısı ile kodlanan proteinlerin özellikleri arasındaki allelik varyasyonlar polimerlerin büyüklüğü, ağırlığı ve buna bağlı olarak da hamur sıkılığı üzerinde etkili olur [37, 38]. Bu glutenin polimerlerinin zincir arası disülfit bağları ile stabilize olduğu bilinmektedir. Fakat kovalent olmayan hidrojen bağlarının glutenin polimerleri ve monomerik gluten proteinleri (gliadinler) arasındaki interaksiyonların stabilizasyonunda da önemli olduğu açıktır [39]. Bu nedenle bireysel gliadinler ve glutenin polimerleri hidrojen bağlarını

çözen çözücülerin kullanımı ile (üre vb) birbirinden ayrılabilir. Fakat redükleyici ajanlar (2-ME veya DTT gibi) bireysel alt birimlerin serbest kalması bakımından glutenin polimerlerinin kırılması için gereklidir.

Glutenin elastisitesinin belirlenmesinde en önemli faktörler HMW alt üniteleri olmasına rağmen diğer gluten proteinleri ve fonksiyonel özellikleri arasındaki ilişkiler de rapor edilmiştir [109].

HMW alt üniteleri ile hamur sertliği arasındaki ilişki ilk olarak 35 yıl önce belirtilmiş [124] ve bitki ıslahçıları tarafından SDS-PAGE dağılımı baz alınarak belirlenmiş olan iyi işleme kalitesine sahip allelik formlar 20 yıldan fazladır tercih edilmektedir. İfade edilmiş olan HMW alt ünite genleri, toplam HMW alt ünite proteinlerinin miktarı ve hamur sertliği arasında kurulan ilişkiler de ayrıca, gen kopya sayısı ve buna bağlı olarak hamur sıkılığını artırmak amacıyla genetik transformasyon bakımından HMW alt birim genlerinin önemli bir hedef olmasını sağlamıştır.

Bu türden ilk çalışmalar 20 yıl kadar önce rapor edilmiş olup [125-127] bundan sonra da çok sayıda çalışma rapor edilmiştir [128, 129]. İlave bir HMW alt ünite geninin ifadesi hamur sertliğinde artışa neden olabilir. Bu durum anaç olarak iyi kalite kültür buğdayları kullanılsa bile geçerlidir [130, 131].

1.2 Kalite stabilitesi

Diğer faktörlerle (özellikle su mevcudiyeti, zararlı popülasyonu ve patojenler) bağlantısından dolayı bunların etki derecelerini tahmin etmek zor olmasına rağmen iklim değişimine bağlı olarak CO_2 konsantrasyonu ve sıcaklıktaki artışın bitki gelişimi ve verimine etkili olduğu tahmin edilmektedir [134, 135]. Benzer şekilde yüksek büyüme sıcaklıklarının daha yüksek hamur sertliği ile sonuçlandığı genel olarak kabul edilmesine rağmen ısı stresi (30-33 °C'nin üstü) ile hamur yumuşaması ve kalite azalması arasındaki ilişki kesin ve tam olarak anlaşılamamıştır [136]. CO_2 konsatrasyonunun tohum kalitesi üzerine etkisi üzerine yapılan son çalışmalarda bunlar ile ilgili kesin sonuç elde edilememiştir [137]. Buğday yetiştiricileri ve tohum endüstrisini ilgilendiren başka bir konu da büyüme şartlarında görülen yıldan yıla değişen dalgalanmalar, bu tür dalgalanmaların frekans ve büyüklüğünün de gelecekte artacağı tahmin edilmektedir [138]. Bazı çeşitlerin diğerlerine göre kalite bakımından

genel olarak daha tutarlı olduğu göz önünde bulundurulmasına rağmen bu durum önemli ölçüde detaylı bilimsel dayanağı olmayan anektotlardır.

Omiks teknolojisindeki son çalışmalarla birlikte GxE'nin tane gelişimi (gen-çevre interaksiyonları), kalitesi ve bitki ıslahı ile ilgili uygun markır geliştirilmesi üzerine etkilerini detaylı incelemek mümkün olabilmektedir. Fakat bu durum yeterli kaynak ve çok disiplinli çalışmalarla mümkün olmaktadır.

Wan *et al*., [139], bu yaklaşımı uygulayarak kalite özellikleri ile bağlantılı bir dizi transkripti tanımlamak için ifade profili çevresel şartlardan bağımsız olan sınırlı sayıda 7 set duble haploit hat kullanmışlardır. Millar *et al.,* [140], bununla ilgili kapsamlı bir çalışma daha yapmıştır. Bu çalışmada 3 duble haploit buğday popülasyonu kullanarak ekmek ve hamur işleri yapımı için yeni QTL (Quantitative Trait Loci, niceliksel özellik bölgeleri) haritası çıkarmışlar, bu özellikler 2 yıldan daha fazla bir süre arazi çalışmalarında stabil kalmış ancak kalite özelliklerini gen ifade profilleri ile ilişkilendirmemişlerdir.

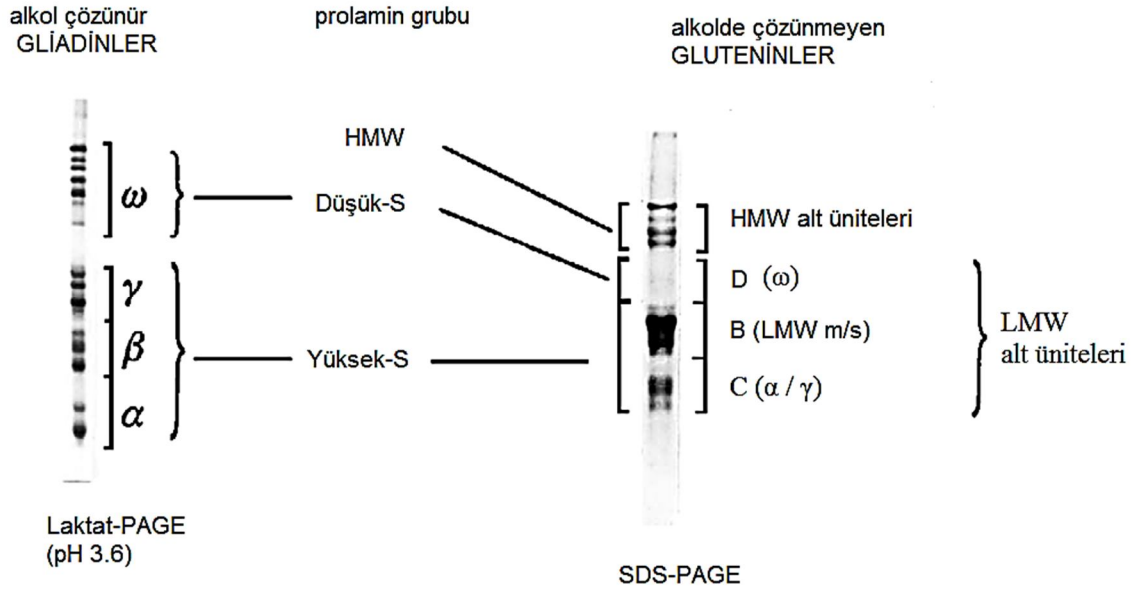
1.3 Buğday Gluten Proteinleri

1.3.1 Sınıflandırma ve İsimlendirme

Buğday gluten proteinlerinin analizlerinin, Bologna Üniversitesi'nde Kimya profesörü olan Giacomo Beccari tarafından buğday unundan "glutinin" olarak isimlendirilen suda çözünmeyen fraksiyonların hazırlanmasının rapor edildiği 1745 tarihine kadar dayanan uzun bir hikayesi vardır [141]. Bununla birlikte 1886-1928 yılları arasında T.B. Osborne tarafından bitki proteinleri çalışmaları bilim dünyasında çok ses getirmiştir [118]. Osborne proteinleri çözünebilirlikleri temeline göre albüminler (suda), globulinler (seyreltik tuz), prolaminler (alkol-su karışımı) ve glutelinler (seyreltik asit veya alkali) olarak gruplar içerisinde sınıflandırmıştır. Bundan başka bu araştırmacı, prolaminlerin tahıllar ve diğer çim bitkileri ile sınırlandığını göstermiştir.

Gluten hala rutin olarak beyaz un ve sudan yapılan hamurun yıkanması ile rutin olarak üretilmektedir. Geriye kalan fraksiyonun %70'i protein, diğer kısmı da nişasta, yağ ve diğer komponentlerdir. Gluten, yapışkan vizkoelastik bir kütle formunda elde edilir. Ancak, glutenin sürekli dağınık bir ağ halinde bu hamurun içerisinde bulunduğu unutulmamalıdır.

Glutenler, alkolde çözünür (gliadin) ve çözünmez (glutenin) fraksiyonları içerisinde klasik olarak dağılmıştır. Bunlar elektroforez ile ayrıştırılabilirler. Monomerik proteinlerden oluşan gliadinler düşük pH'larda poliakrilamid jellerde α, β, γ ve ω grupları içerisinde ayrılırlar (Şekil 1.6). Glutenler polimerik proteinlerden dolayı ara zincir disülfit bağları ile stabildirler. Bu bağlar kırılmadan önce ayrımda ilk olarak yüksek ve düşük moleküler ağırlıklı olmak üzere iki gruba ayrılırlar, daha sonra büyüklüklerine, izoelektrik noktalarına ve kompozisyonlarına göre B, C ve D alt ünitelerine ayrılırlar [142] (Şekil 1.6)



Şekil 1.6 SDS-PAGE ve düşük pH elektroforezi kullanarak ayrılmış buğday gluten proteinlerinin sınıflandırılması ve isimlendirilmesi. D tip LMW alt ünitesi küçük bir komponenttir ve ayrımdan sonra net bir şekilde görülememektedir [143].

Uzunca bir süredir gliadin ve glutenin fraksiyonları Osborne tarafından tanımlandığı gibi sırasıyla prolamin ve glutelinlerden sorumlu proteinlerin farklı çeşitleri karşılaştırılmıştır. Ancak, son yirmi yılda yürütülen bir dizi biyokimyasal ve moleküler çalışmalar durumun böyle olmadığını göstermiştir ve bu sonuç genetik çalışmalarla desteklenmiştir.

Tüm gluten proteinleri yapısal ve evrimsel olarak akrabadır ve gliadinler yada gluteninler olarak alkol-su karışımlarında çözünebilen prolaminler olarak tanımlanabilirler. Bundan başka, gliadin ve/veya gluteninleri içeren prolaminleri üç

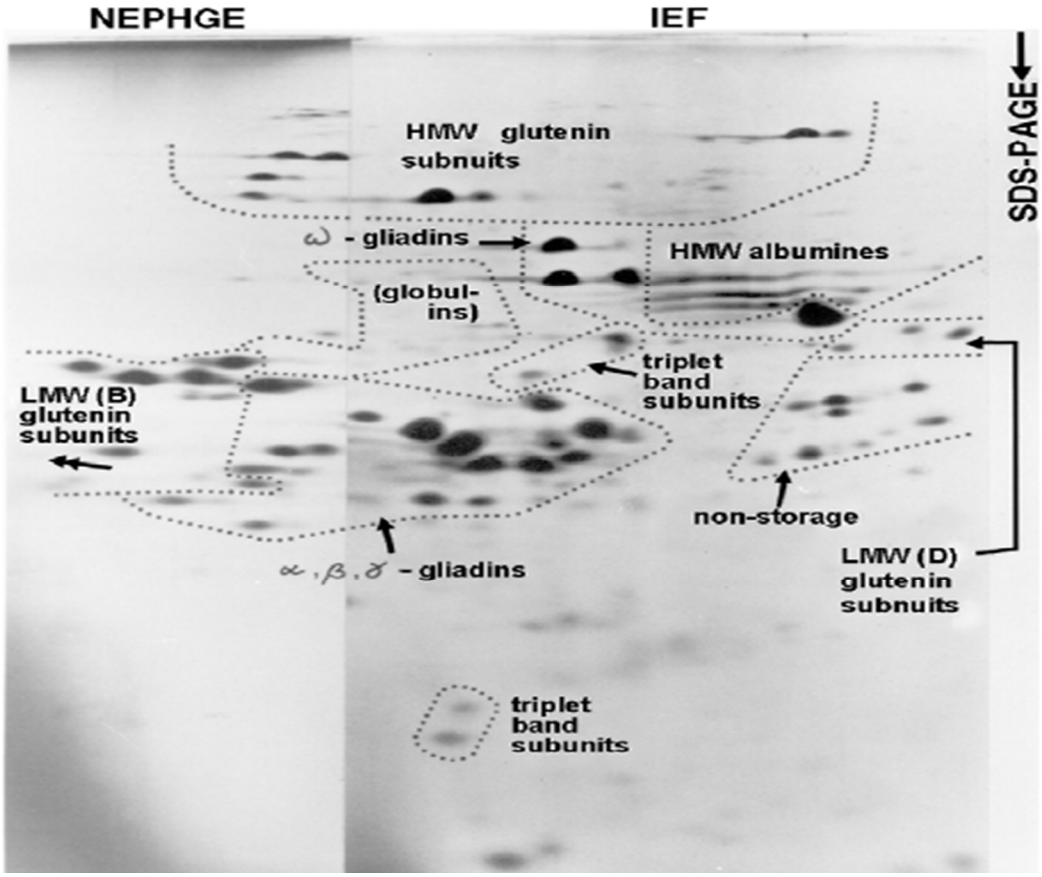
grup altında tanımlamak da mümkündür: gluteninlerin sadece HMW alt ünitelerini içeren yüksek molekül ağırlıklı prolaminler; gluteninlerin D-tip LMW alt ünitelerini ve ω (omega) gliadinleri içeren kükürtçe fakir prolaminler ve α ve β tip gliadinleri γ tip gliadinleri ve gluteninlerin B- ve C- tip LMW alt ünitelerini içeren kükürtçe zengin prolaminler. Bundan başka LMW alt ünitelerinin C ve D grupları sırasıyla bireysel olarak α-tip/γ- tip ve ω-gliadinlerle çok benzer sekansa sahiptirler ve ara zincir disülfit bağı oluşturabilen ek sistein kalıntılerinin varlığında mutasyon geçirerek bu komponentlerden türedikleri varsayılmaktadır. Bunun aksine, B tip LMW alt üniteleri ayrı bir grup formundadır ve gliadin komponentleri ile yakın ilişkisi olmadığı tanımlanmıştır.

Yukarıdaki parçadan açıkça anlaşılan gliadin ve glutenin proteinleri arasındaki temel farklılık birincisinin monomer diğerinin ise polimer yapıda olmasıdır. Bu sınıflandırma tahıl kimyacıları tarafından iki nedenden dolayı hala kullanılmaktadır. Birincisi, proteinlerin iki grubunu hazırlamak nispeten kolaydır. İkincisi, bunlar vizkoelastisite için gluten ve gliadinlerin elastisitelerinden öncelikle sorumlu oldukları için fonksiyonel öneme sahiptirler.

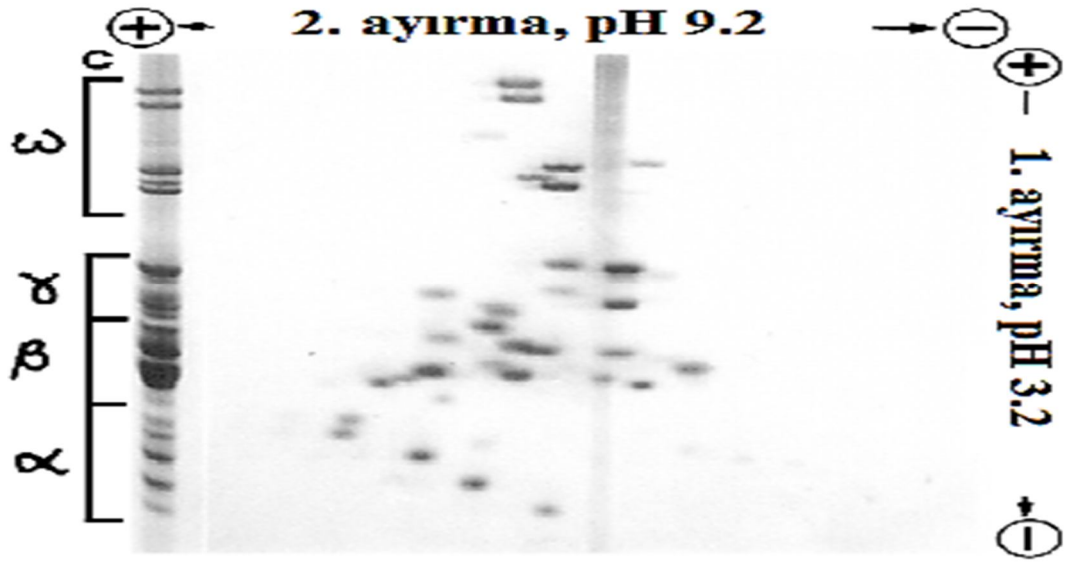
1.3.2 Buğday gluteni

Depo protein fraksiyonları genel olarak yüksek oranda polimorfizm ile karakterizedir. Farklı genomlar üzerinde depo protein genlerinin varlığı buğdayda poliploidiyi artırmaktadır [144]. Sonuç olarak, iyi bir rezulüsyon elde etmek için iki boyutlu jel elektroforezinin kullanımı gereklidir. Çoğu durumda, ilk olarak dengelenmemiş IEF sisteminde (dengelenmemiş pH gradiyent elektroforezi, NEPHGE) izoelektrik fokuslama ile ilk ayırımdan sonra SDS-PAGE ile ikinci bir ayırım yapmak suretiyle kombine sistemlerin kullanımı yüksek *pI* komponentlerinde çok daha iyi rezulüsyon vermektedir (Şekil 1.7). Bu sistemde gliadin ve LMW glutenin alt üniteleri açık bir şekilde ayrılmaz. Düşük ve yüksek pH'da (pH 3.2 takiben pH 9.2) elektroforez kombinasyonu Şekil 1.8'da görüldüğü gibi mükemmel bir rezulüsyon sağlar [145].

Yakın zamanlarda kullanılan HPLC (yüksek performans sıvı kromatografisi), CE (kapiller elektroforez) ve kütle spektroskopisi gibi diğer analitik teknikler buğday glutenlerinin kompozisyonlarının, genetiklerinin ve bireysel komponentlerinin biyokimyasal özelliklerinin anlaşılmasına katkı sağlamıştır [147-150].



Şekil 1.7 Dengelenmemiş pH gradiyent elektroforezi-SDS-PAGE elektroforezi ve izoelektrik fokuslama-SDS-PAGE ile endosperm proteinlerinin ayrılması [146].



Şekil 1.8 Chinese Spring buğday çeşidinden gliadinlerin iki boyutlu elektroforezi [109]

1.3.3 Prolamin Yapısı

cDNA klonları ve genleri ile saflaştırılan proteinlerinin analizlerine dayanarak bazı gluten proteinlerinin yapı, dizi ve özelliklerini anlatan detaylar ortaya çıkarılmıştır. Bireysel proteinlerin çalışmaları bunların moleküler ağırlıklarında (yaklaşık 30.000 ila 90.000 Da) ve yapılarında geniş bir çeşitliliğin olduğunu göstermiştir. Bununla birlikte iki özellik tümünde paylaşılır. İlki, bunların sekansları muhtemelen farklı bir orjine sahip olan, farklı yapıya adapte olmuş ve farklı amino asit kompozisyonuna sahip olan genellikle domain olarak isimlendirilen en az iki kısım içerisinde ayrılmaktadır. İkincisi, bu domainlerin her birisi bir veya daha fazla (3-9 kalıntı) peptit motifinin tekrarlarına dayanan tekrar dizilerinden oluşmaktadır.

Ek olarak, kükürtçe zengin ve fakir prolaminlerin tekrar dizilerinde ve HMW grupları ile kükürtçe zengin grupların tekrarsız domainleri arasında tekrar dizileri bakımından açık bir benzerlik bulunmaktadır [143, 151]. Bu da ortak bir evrimsel orijine sahip oldukları izlenimi vermektedir.

HMW alt ünitelerinin sekansları, ticari olarak yetiştirilen buğday çeşitlerinda yaygın olarak bulunan alt ünitelerde yaklaşık 480 ila 700 kalıntı uzunluğa kadar çeşitlenen yan bir tekrar domaini, kısa N terminal (81-104 kalıntı) ve C terminal domainleri (42 kalıntı) olmak üzere üç domain içerisinde ayrılmaktadır [152] (Şekil 1.9). Bununla birlikte tekrar motifleri ve diğer özelliklerine bağlı olarak iki tip alt ünite belirlenmiştir. Bunlar SDS-PAGE'deki hareketlerine göre tanımlanmış olan x-tip ve y-tip alt üniteleridir. x-tip alt üniteler tripeptit, hekzapeptit ve nonapeptit motifleri içerirken y-tip alt üniteler sadece hekza ve nonapeptitler içerirler.

Glutenin polimerlerinin özelliklerini ve yapısını belirleyebileceği için sistein kalıntılerinin dağılımı önemlidir. Bunlar temel olarak N ve C terminal domainlerde yerleşmiştir. Bunlardan N terminalde x- tipinde 3, y-tipinde ise 5 sistein bulunurken tüm alt ünitelerin C domaininde tek sistein bulunmaktadır.

Farklı özelliklerine rağmen kükürtçe zengin prolaminlerin hepsi (gliadinler ve gluteninlerin LMW alt üniteleri) genel olarak benzer yapıdadırlar. Benzersiz bir kısa N terminal dizisi prolin ve glutamin kalıntılarınca zengin bir veya daha fazla motife dayalı tekrarlayan bir domainle takip edilir. Bunun ardından gliadinlerde tüm sistein kalıntılarını içeren tekrarsız bir C terminal domain gelir. α ve γ tip gliadinlerde altı

korunmuş sistein bulunur (Şekil 1.9'da 2 ve 4-8 olarak belirtilmiştir). Bu sisteinler üç ara zincir disülfit bağı oluştururken γ-gliadinlerde dördüncü disülfit bağı oluşturan ilave iki sistein daha vardır (Şekil 1.9'da 1 ve 7 olarak belirtilmiştir). γ ve α tip gliadinlerdeki ilave sistein kalıntılerinden dolayı gluteninin kükürtçe zengin LMW alt ünitesi yapısındaki daha ileri düzeyde varyasyonlar olabilmektedir [153, 154].

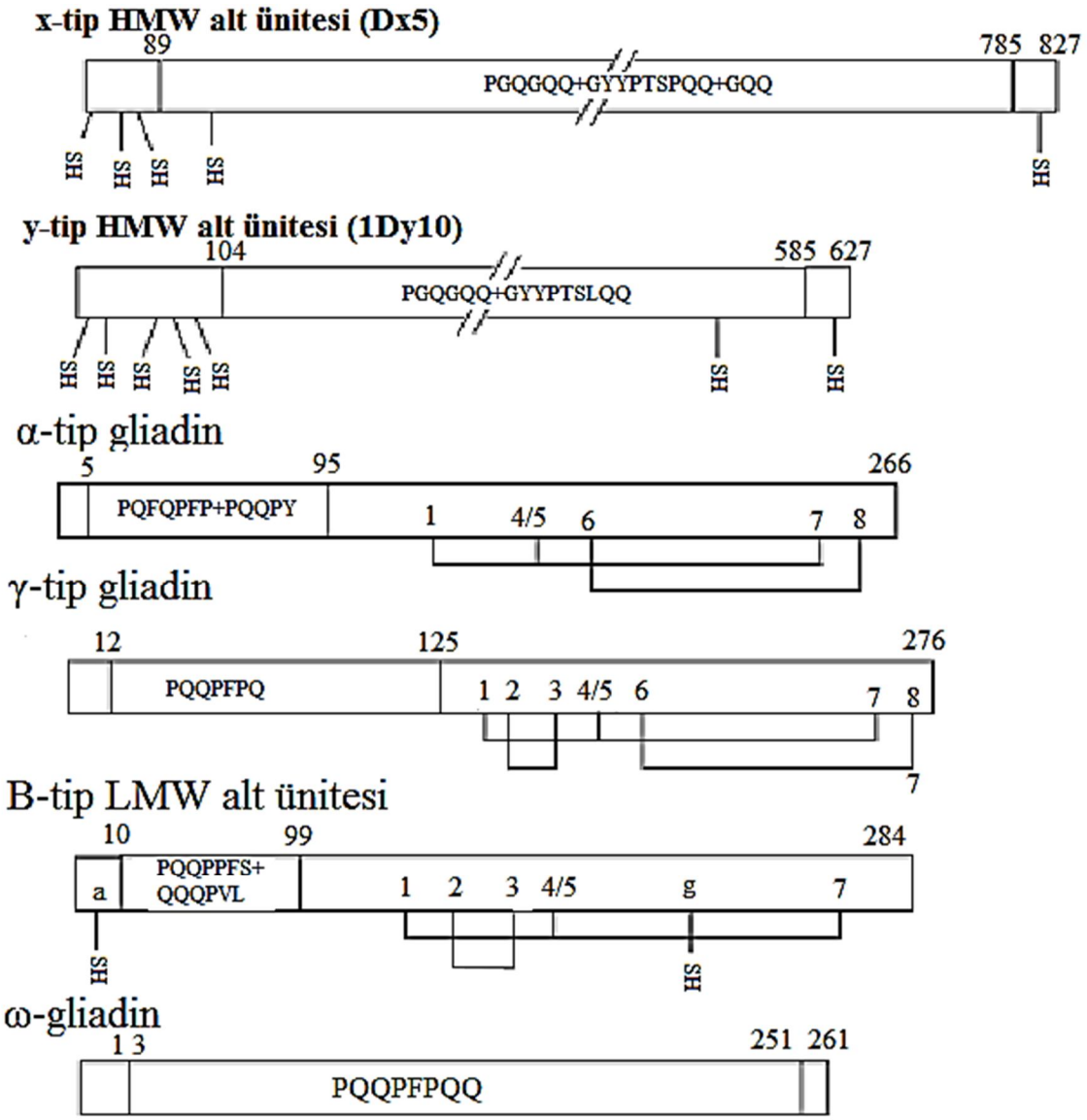
Şekil 1.9'da tipik bir B-tip LMW alt ünitesi görülmektedir. Bu alt ünitede α-/γ-tip gliadinlerde de bulunan korunmuş sisteinlerden altı tanesi bulunmaktadır (Şekil 1.9'da 1-5 ve 7). Ayrıca N terminal dizide (Şekil 1.9'da a) ve C- terminal domainde (Şekil 1.9'da g) ara zincir bağlar oluşturabilen ilave sisteinlerde gösterilmektedir [153].

ω gliadinler diğer gluten proteinlere oranla daha az çalışılmış olup sadece iki tam amino asit dizisi mevcuttur [155]. Şekil 1.9'da gösterilen örnek ekmeklik buğdayın D genomunda kodlanmakta olup 201 amino asit içermektedir. Bu amino asitlerde kısa N terminal (13 kalıntı) ve C terminal (10 kalıntı) dizileri kükürtçe zengin prolaminlerdeki motiflerle bağlantılı konsensüs okta peptit (PQQPFPQQ) motifine bağlı aşırı sıralı tekrarlara sahiptir (Şekil 1.9).

Diğer ω gliadinlerin N terminal ve kısmi amino asit dizilerinin kıyaslanması kısa benzersiz N terminal domainleri ile yüksek derecede tekrarlayan benzer yapılar içermektedir [33, 156]. Fakat bunların B genomunca kodlananları farklı konsensüs tekrar motifleri içerir [(Q)(Q)QQXP] [157].

Tipik ω gliadinler sistein kalıntıları içermemelerine ve buna bağlı olarak disülfit bağı oluşturmamalarına rağmen yine de tek bir sistein kalıntısı bunların glutenin polimerlerine dönüşmesine neden olan varyant formları oluşur [158, 159]. Bunlara gluteninin D tipi LMW alt üniteleri denir.

Anderson *et al*., [160] dört yeni tip LMW protein karakterize etmiş olup bunlar bariz bir şekilde kükürtçe zengin gluten proteinleri ile bağlantılıdır. Fakat bunlarda aşırı tekrarlayan diziler yoktur. Yine de bunlar sadece küçük kompenentler olup daha fazla incelenmemiştir.



Şekil 1.9 Tipik buğday gluten proteinlerinin dizilişi. Tekrar domainlerinde ortak tekrar motifleri görülmektedir, her bir amino asit için tek bir harf kısaltması yapılmıştır (glisin,G; Fenilalanin, F; Lösin, L; Prolin, P; Glutamin, Q; Serin, S; Treonin, T; Valin, V ve Tirozin, Y) [109].

1.3.4 Depo Proteinlerinin Sınıflandırılması

Buğday endosperm proteinleri 1745'de Beccari'nin [141] glutenini izole ettiğine dair raporundan beri çalışılmaktadır. Daha sonra çavdar ve arpadan da depo proteinleri izole edilmiştir. 20. yüzyılın başlarında sistematik bir çalışma Osborne [161] tarafından sıralı ekstraksiyon ve çözünürlük farklılıkları temeline dayanan tahıl depo proteinleri için bir sınıflandırma geliştirildiği bildirilmektedir. Bu, buğday proteinlerini 4 farklı grupta sınıflandırmıştır, albuminler (sulandırılmış tampon ve suda çözünür), globulinler (suda

çözünmez ancak tuz solüsyonu içerisinde çözünebilir), prolaminler (%70-90 etil alkol içerisinde çözünür) ve gluteninler (sulandırılmış asit veya alkali içerisinde çözünebilir). Chen ve Bushuk [162], orijinal olarak Obsorne tarafından verilen prosedüre beşinci bir grup eklemişlerdir. Bu iki fraksiyon içerisindeki bireysel gluteninlerden gelmektedir: biri sulandırılmış asetik asit (0,005 M) içerisinde çözünür, diğeri ise bu çözücüde çözünmez.

Obsorne'nin fraksiyonu tahıl kimyasının gelişiminde köşe taşı olmuştur. Farklı polipeptitlerin kompleks bir karışımında ve çözündüğünde üst üste binmiş polipeptitlerin bu fraksiyonların her birinin önceden anlaşılmasına olanak sağlamıştır. Bu özellikle gluten proteinleri ve gliadinler için doğrudur. Örneğin, Beckwith *et al.,* [163] jel filtrasyonu çalışmaları ile yüksek moleküler ağırlıklı gliadinler olarak isimlendirdikleri, pik dışında bulunan etanolde çözünen proteinlerin küçük bir fraksiyonunu belirlemişlerdir.

Nielsen *et al.,* [164] disülfit bağlarının yıkımından sonra vizkozitedeki kesin bir düşüş görülmesi nedeniyle glutenin benzeri davranış gösteren bu proteinleri düşük moleküler ağırlıklı gluteninler olarak isimlendirmişlerdir. Bietz ve Wall [165, 166] ve Kanazawa ve Yonezawa [167] bu fraksiyonları etanolde çözünen glutenin alt ünitelerinin içeriğine göre karakterize etmişlerdir. Daha sonra Jackson *et al.,* [142] 2D jel elektroforezi kullanarak LMW-GS olarak tanımlanan bu fraksiyonların alt ünitelerini ve bunların gliadin polipeptitlerinden farklılıklarını ortaya koymuşlardır.

Field *et al.,* [168] %70 etil alkol yerine %50 1-propanol kullanarak alkolle çözünen fraksiyonlar içerisinde LMW-GS'lerle birlikte bazı HMW-GS'leri de bulmuşlardır. Her bir durumda da, disülfit bağlarının yıkımından sonra, tüm gluten proteinlerin bireysel polipeptit zincirleri %70 etil alkol veya n-propanol benzeri diğer alkollerde çözünebilirler [169]. Araştırmacılar bunları prolaminler olarak sınıflandırmışlardır [170]. Buna ek olarak gliadinler ve LMW-GS'ler arasında yapıda yakın benzerliklerin varlığı prolamin grupları içerisinde bunların varlığını da düşünmeyi gerektiren diğer bir sebeptir. Bu grup içerisinde bundan başka farklılıklar biyokimyasal karakteristikler temeline dayanmaktadır (sülfürce zengin, sülfürce zayıf veya HMW prolaminler). Diğer sınıflandırmalar, kimyasal kompozisyon ve biyolojik fonksiyon benzeri karakteristiklerin temeli üzerine yoğunlaşmaktadır [168-171].

Ewart [172], Shewry'nin sınıflandırmasını eleştirmiştir. Bu araştırmacıya göre polimerik gluteninler temel olarak onların moleküller arası disülfit bağlama kapasitelerinden dolayı monomerik gliadinlerden farklıdır [173]. Depo proteinlerinin bu iki grubu arasındaki en büyük farklılık bunların fonksiyonellikleri analiz edildiği zaman bulunmuştur. Gliadinler tek bir polipeptit zinciri içeriyorken (monomerik protein), glutenler polipeptitlerin multi zincir yapısındadır ki bunlar birbirleri ile disülfit bağları ile tutunurlar. Bu polimerik yapıların çok büyük moleküler ağırlıkları, gliadinlerle karşılaştırıldığında fonksiyonelliğe olan katkıdan ve bunların özellikle çözünmeme özelliklerinden sorumludur. Bundan başka bu proteinlerin monomerik ve polimerik formlar içerisinde sınıflandırılması hamurun fonksiyonel özelliklerinin çok iyi bir indikatörüdür. Bu sınıflandırma bütünüyle sıralı polipeptitlerin sentezini kontrol eden genlerin lokalizasyonuna bağlıdır [41].

1.3.4.1 Terminoloji

Payne ve Lawrence [41] tarafından HMW-GS'leri tanımlamak için, genlerin kromozomal lokasyonuna dayalı bir numaralama sistemi geliştirilmiştir ve günümüzde de bu sistem kullanılmaktadır. Temelde, artan numaraların atanması SDS-PAGE'deki mobilite ile alakalıdır, düşük mobilite için düşük numara eşlenir. Yeni bir ünite tanımlandığı zaman, burada bu mantıksal düzenin takibinde bir zorluk bulunmaktadır. Öyleki, bazı alt üniteler vardır ki, 20 ve 21 gibi, orijinal alt üniteden daha yüksek sayıya ve daha düşük mobiliteye sahiptir. Sayısal olarak bir alt ünite tanımlandığı zaman, bu x-tip veya y-tip oluşunun belirtilmesi ve buradan türetilen alt üniteden her iki genomu içermesi alışılageldik bir sınıflamadır (örneğin Dx5+Dy10..vs).

1.3.5 Depo Proteinlerin Genetiği

Ekmeklik buğday (*Triticum aestivum* L.) yedi çift kromozoma sahip üç genomu (A, B ve D olarak terimlenen) ile bir allohekzaploidtir. Durum buğdayı (*T. turgidum* var. *durum*) genellikle sadece A ve B genomları içeren ve makarna yapımı için kullanılan tetraploid bir buğdaydır. Buğdayın A, B ve D genomları yakından ilişkilidir, homolog (homolog, fakat çift değil) olarak tanımlanmaktadır. Büyük genoma sahip hekzaploid oluşu, hem buğday bitkisi ve ununun özel genler ve özellikleri arasındaki ilişkinin çözülmesi hem de bu genler ve bunların ürünleri için testlerin geliştirilmesini güçleştirmiştir [174]. Buğday, eksik bireysel kromozom dizisine veya kromozom

kümesine sahip olmasına (aslında olumlu bir özelliktir) ve sık sık mutasyonlara maruz kalmasına rağmen yaşayabilen ve üreyebilen bir hekzaploiddir.

Glaidinler ve gluten alt ünitelerini kodlayan genler kromozom üzerinde γ- ve ω-gliadinlerin çoğunda 1A, 1B ve 1D kromozomlarının kısa bölgelerinde sırasıyla *Gli-A1*, *Gli-B1* and *Gli-D1* olarak terimlenen üç yerde kümelenmiştir. Bu yerler *Glu-A3*, *Glu-B3* ve *Glu-D3* isimli B- ve bazı C-tip düşük moleküler ağırlıklı glutenin alt ünitelerini şifreleyen genlere sıkıca bağlıdır (Şekil. 1.10) [132]. *Gli-A2*, *Gli-B2* ve *Gli-D2* homologlarının yeri kromozom 6 grubunun kısa bölümünde şifrelenmiştir ve bunlar α- and β-gliadinleri şifreler [37]. Bazı ω-gliadinleri şifreleyen genler de tanımlanmıştır. Bunlar *Gli-A3* [175, 170], *Gli-B3* [177, 178], *Gli-A4* [179] ve *Gli-D5* [180] olarak isimlendirilmişler ve homolog kromozom 1'in kısa kolunda yerleşmişlerdir.

Yüksek moleküler ağırlıklı gluten alt ünitelerini şifreleyen genler (HMW-GS) 1A, 1B ve 1D kromozomlarının uzun kollarında sırasıyla *Glu-A1*, *Glu-B1* ve *Glu-D1* bölgelerinde bulunmaktadır. *Glu-2* lokusu en azından bir sistein kalıntısını baskılamak için mutasyona uğramış ω-gliadinler olarak kabul edilen LMW-GS'nin D-grubunu [178] kontrol eder [158]. Glutenin-benzeri çözünürlük karakterleri ve immunoreaktiviteye sahip fakat SDS-PAGE'de C-LMW-GS'den daha hareketli iki alt ünite daha tanımlanmıştır ve bunları şifreleyen yerler *Glu-D4* ve *Glu-D5* olarak isimlendirilmiştir [181].

1.3.5.1 Genetik ve Polimorfizm

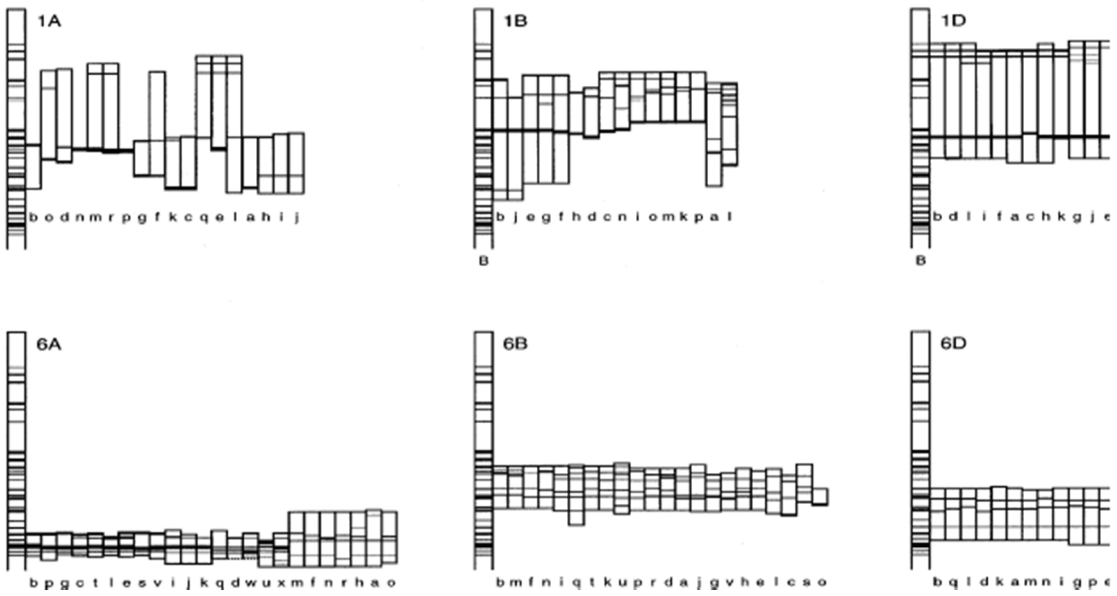
HMW-GS'ler grup 1 kromozomların uzun kolları üzerindeki *Glu-1* bölgesi tarafından kodlanır (1A, 1B ve 1D) [182-185]. Bu bölge sırasıyla *Glu-A1*, *Glu-B1*, ve *Glu-D1* olarak isimlendirilir. Her bir lokus HMW-GS'lerin birlikte kodlanan iki farklı çeşidinin iki gen bağlantısı içerir (x- ve y-tip alt ünite) [40, 152, 182].

x-tip alt ünite genel olarak SDS-PAGE'de daha yavaş bir elektroforetik mobiliteye sahiptir ve y-tip alt üniteden daha büyük moleküler ağırlığa sahiptir. Elektroforetik çalışmalar hem makarnalık buğdayda [186, 187] hem de ekmeklik buğdayda HMW-GS'lerin mobiliteleri ve sayılarınındaki polimorfizmi açığa çıkarabilir [184, 188]. Sonuç olarak *Glu-1* bölgesi çoklu allelizm göstermektedir. Payne ve Lawrence [41] *Glu-1D* üzerinde 6 allel, *Glu-1B* üzerinde 11 allel ve *Glu-1A* üzerinde 3 allelik form olarak *Glu-1* bölgesi üzerindeki allellerin tertibini çalışmışlardır. *Glu-1* bölgesi üzerindeki allellerin

kataloğu hazırlandıktan sonra McIntosh *et al.,* [189] tarafından bu katalog daha da geliştirilmiştir. *Aegilops* [190], *T. tauschii* [191-193], kaplıca türleri [187, 194, 195] ve emer türleri [196] de HMW-GS'lerin aynı polimorfizmine sahiptirler.

1.3.6 Glutenin proteinlerinin yapısı

Buğday prolaminleri fazla miktarda prolin ve glutaminin ihtiva eder ve üç benzer genomun varlığı nedeniyle prolaminler çoğunlukla büyük multigen ailelerince şifrelenen kompleks bir heterojen karışım içerir. Burada üç grup vardır, yüksek moleküler ağırlıklı (HMW), sülfür (S)ce-fakir ω-gliadinler ve S-zengin prolaminler ki bunlar α- and β-gliadinler ve LMW-GS'yi içerir [197, 198].



Şekil 1.10 Hekzaploid buğdayın 1 ve 6 gruplarında glaidin ve glutenin alt ünitelerini şifreleyen genlerin kromozomal yerleri ve yaklaşık fiziksel haritaları.

HMW-GS'ler grup 1 kromozomlarının uzun kollarında tek bölgece kodlanırlar. Her bir lokus iki gen içerirken, potansiyel olarak 'x-tip' ve 'y-tip' alt ünitelerini kodlayarak, sadece 3, 4 veya 5 alt ünite gerçekten ifade edilir. 'x-tip' alt üniteler bu alt üniteleri sınıflandırmak için kullanılan en yaygın analitik teknik olan SDS-PAGE'de daha düşük mobiliteye sahiptir. Farklı HMW-GS kodlama bölgesine göre çeşitli dizilerin bu proteinler için yapısal olarak benzer bölgeler bulundurdukları açıklanmıştır [152]. Uzun, tekrar-etmeyen N- ve kısa C-terminal bölgesi, tekrarlı hexapeptitleri (amino asit dizisi birliği PGQGQQ) ve nonapeptitler (birlik GYYPTSP/LQQ) bulunduran merkezi tekrar

bölgesini yandan kuşatır. X-tip alt ünitelerinde bir tripeptit tekrarı da bulunmuştur (GQQ birliği). Değişik alt üniteler arasındaki moleküler kütle farklılıkları aslında hekzapeptit ve tripeptitlerin tekrar sayısındaki farklılıktan ortaya çıkmaktadır [53, 199], fakat özellikle N-sonlu tekrar etmeyen bölgelerdeki allel alt üniteler arasında farklılıklar vardır. HMW-GS diğer HMW-GS ve LMW-GS'ler arasında moleküller arası disülfit bağları oluşturur. Bu polimerlerin boyut dağılımı ve yapı sınırları hamurun akışkanlığı ve ekmek-yapımı için uygunluğunu belirleme konusunda önemli etkiye sahiptir.

Sülfürce-fakir ω-gliadinler toplam prolamin fraksiyonunun yaklaşık %10-20'ini oluştururlar. ω-gliadinlerin çoğu 1A,1B ve 1D kromozomlarının kısa kolundaki *Gli-1*'ce kodlanır, ama bazıları kromozomlarının kısa kolundaki *Gli-2* tarafından kodlanır [37]. Çavdar ve arpadan elde edilen alakalı proteinler için tam boy DNA dizileri mevcut olmasına rağmen, ω-gliadinler için bildirilmemiştir [200, 201]. Çok kısa N- ve C-terminal bölgeleri ve merkezi tekrar bölgeleri gösteren diziler tek oktapeptit motifine dayanmaktadır (PQQPFPQQ birliği). S-zengin prolaminler ara-zincir disülfit bağları ile monomerik α- ve γ-tip gliadinleri içerirler ve polimerlere katılabilen LMW-GS ara zincir disülfit bağları tarafından bağlanır [198, 201]. Birçoğu, SDS-PAGE aracılığıyla belirlenen 36.000–44.000 dolayında Mr değerli 250–300 artık kısma sahiptir. Bunlar homolog grup 1 ve grup 6 kromozomlarının kısa kollarındaki bölge tarafından kodlanır. Prolince-zengin tekrarların N-terminal bölgesi ve sistein kalıntılerinin çoğunu içeren C-terminal bölgesi ile benzer bir temel yapıya sahiptir. γ-gliadin tekrar bölgesi [202-204] 12 kalıntılü kısa tek zincir tarafından önde yer almaktadır. Tekrarlar heptapeptit birliğine, PQQPFPQ, dayanmaktadır. α/β-gliadinler monomeriktir ve araya girmiş iki tekrarı (PQPQPFP ve PQQPY) içeren tekrar bölgesine ve ayrıca glutamin kalıntıleriyle zengin iki bölgeye sahiptir [203].

20 yıl öncesine kadar bu proteinlerin yapısı hakkında çok az şey biliniyordu. Sonra, moleküler klonlama benzeri yeni teknolojilerin gelişimi ile bilgi artmıştır. Bu, glutenin proteinlerinin tüm büyük gruplarının genlerinin ve cDNA'larının izolatlara klonlanmasıyla mümkün olmuştur [133, 155, 205-210]. Bu durum, biyofiziksel çalışmalar ve modellemeler için temel oluşturan, anlamlı DNA'lar vasıtasıyla kodlanan proteinlerin komple amino asit dizisine izin vermiştir. Moleküler ve biyofiziksel çalışmaların kombine uygulamaları ile HMW-GS yapılarının detaylı bir resmi elde edilmiştir [152, 153, 211]. Düzenli spiral yapıda olan merkezi tekrar domainlerinin

aksine, her iki uç bölgenin yapısının α-heliks yapıda olduğu önerilmektedir [152, 153, 212] (Şekil 1.11). Tatham et al., [213] memeli bağ dokusu elastin proteinlerine olan benzerliği temel alan bir model önermiştir. β-revers sarmal HMW-GS'lerin elastik özelliklerinin farklılanmasına sebep olmaktadır. Bu model geniş oranda kabul görmesine rağmen, sonraki çalışmalar [214] HMW-GS'lerin su ile interaksiyonlarının elastin benzeri olmayabileceğini göstermişlerdir. Glutamin kalıntılerinin fazlalığı hem molekül içi hem de moleküller arası hidrojen bağı formu için çok yüksek kapasite oluşturmaktadır. Belton [215], moleküller arası hidrojen bağları vasıtasıyla bu yapıyı elastisitenin de içerebileceğini önermiştir. Hamurda, gerilim sonucu bu bağların bazıları kırıldığında, bağlı bölgeler (zincir) ve bağlı olmayan hareketli bölgelere (ilmek) doğru artış olacaktır. Bu loplar, stres olduğu zaman ve stresten sonra bir kauçuk gibi güce karşı elastikiyeti korumaya yardımcı olurlar. Bu zincir ve lopların teorisi polimer arayüzlerinin adsorpsiyonunda denenmiştir [216]. Bu böyle büyük bir sistemde yapılmış olan ilk denemedir.

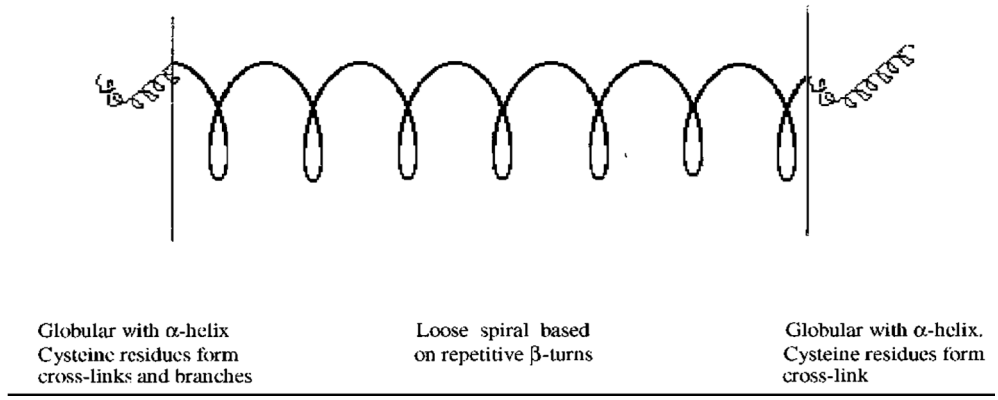
1.3.6.1 Amino Asit Kompozisyonu ve N-Terminal Dizileri

Nadiren glutamik asitin yüksek konsantrasyonu ile (çoğunlukla da glutamin formunda amidat), HMW-GS, yüksek oranda prolin ve glisin ve düşük oranda lizin içeriğine sahiptir (Tablo 1.8). Yapısal özellikleri merkezi bir tekrar domaini içerir (kısa amino asit motiflerinden oluşmuş ve protein dizilerinin yaklaşık %85'ini oluşturur) ve iki tane tekrarsız terminal domain içerir ki bunlar da HMW-GS'lerdeki sistein kalıntılerinin büyük bir kısmını içerir. Bu domainler tahminen gluten fonksiyonalitesinde HMW-GS'lerin rolünün moleküler temelinin formudur.

HMW-GS'lerin amino asit kompozisyonu, N- ve C-terminal domainlerin hidrofobik karakteristikleri [211] ve merkezi tekrar domainlerinin hidrofilik doğasını göstermektedir. Farklı amino asitlerin oranı tekrarlı polipeptid motiflerinin dizileri vasıtasıyla temel olarak tanımlanmıştır [152, 153, 207]. Bu dizilerin %90'ından fazlası PGQGQQ ve GYYPTSPQQ formundadır. X-tipin tekrar domainleri üç peptitlik bir motife (GQQ) sahiptir. Y-tip HMW-GS'nin merkez domaini genellikle, bir lösin tarafından yer değiştirilmiş GYYPTSPQQ tekrar motifinde ikinci bir proline sahiptir. x- ve y-tipin her ikisinin de β-sarmal konformasyona uyduğu kabul edilmektedir [217]. HMW-GS Dx5'in tarama transistör mikroskobisi (Scanning tunneling microscapy) β-

sarmalın β-spiral bir yapıda organize olduğunu önermektedir [212]. Aynı zamanda bu bölge sülfürce fakir (0 veya 1 sistein), glutamin, prolin ve glisince zengindir [218].

N-terminal bölge 3-5 sistein kalıntıleri ile birlikte 81-140 kalıntılük tekrarsız bir diziye sahiptir. Sistein kalıntıleri onlarca daltondan milyonlarca daltona kadar değişebilen büyüklükteki protein polimerleri formu için HMW-GS ve LMW-GS'ler arasında moleküller arası disülfit bağları oluştururlar [152, 173, 219]. Bu tamamen korunmuş bir bölgedir. İlk 16 amino asitlik kalıntıde, bu Dy-tip alt ünitede (EGEAS-QLQCERELQE) R (arjinin) veya Dx-tip alt ünitede E (glutamik asit) olabilen 6 kalıntı kadar küçük bir farklılıkla mümkündür. Tüm HMW-GS'lerde 10 pozisyonunda bir C kalıntısü (sistein) vardır. 12 ve 14 pozisyonlarında By7 alt ünitede bazı farklılıklar gözlemlenmiştir [220, 221]. Sonuç olarak C-terminal uç, bir tane sistein kalıntısü içeren 42 kalıntı bulunduran tekrarsız bir domaindir.



Şekil 1.11 Yüksek moleküler ağırlıklı glutenler için yapısal model [211].

1.3.7 Gluten proteinlerinin kimyası

Gluten; buğday unu, nişasta granülleri ve suda çözünebilen bileşenleri uzaklaştırmak için yıkandığı zaman geriye kalan lastik benzeri (rubbery) kütle olarak tanımlanabilir. Tam olarak yıkandığı zaman kuru katı içerik %75-85 protein ve %5-10 lipit; geriye kalan kısmın çoğunluğu da nişasta ve nişasta içermeyen karbonhidrattır. Pratikte, unun su tutma kapasitesi, yapışkanlık, akışkanlık ve elastikiyeti üzerine fikir vererek buğdayın eşsiz pişirme kalitesini belirlemede anahtar bir rol oynadığından dolayı "gluten" proteinler için referans bir terimdir. Gluten, gerek monomer olarak ve gerekse kendi aralarında disülfit bağlarıyla birleşmiş oligo veya polimer olarak bulunabilen protein komponentlerinin yüzlercesini içerir [63]. Glutenler yüksek oranda glutamin ve

prolin, düşük oranda da yüklü yan gruplara sahip amino asitler içerirler. Doğal proteinlerin moleküler ağırlıkları 30 binden 10 milyona kadar değişmektedir. Geleneksel olarak gluten proteinleri, glutenlerin alkol-su (%60 etanol) solüsyonlarında çözünebilirliklerine göre yaklaşık olarak eşit fraksiyonlara bölünmüştür: çözünenler gliadinler, çözünmeyenler ise glutenlerdir. Her iki fraksiyon da unun reolojik özellikleri üzerine önemli katkıya sahiptir, fakat bunların fonksiyonları farklıdır. Suda çözünmüş gliadinler çok az esnektir ve gluteninlere göre daha az yapışkandır; onlar hamur sistemlerinin vizkozitesi ve uzama kabiliyeti üzerine başlıca katkıda bulunanlardır. Bunun aksine suda çözünmüş gluteninler hem akışkanlığa sahiptirler hem de unun sıkılığı ve elastikiyetinden sorumludurlar. Daha basit bir ifadeyle, gluten iki yapıştırıcı komponente sahiptir: bunların içinde gliadinler glutenler için yumuşatıcı veya çözücü olarak farzedilebilir. Her iki fraksiyonun uygun bir karışımı, hamurun viskoelastik özelliklerini ve son ürün kalitesini belirlemede önemlidir.

Sistein, gluten proteinlerinin küçük amino asitlerinden olmasına rağmen (yaklaşık %2), bunlar glutenin yapı ve fonksiyonelitesi bakımından çok büyük öneme sahiptir [64, 65]. Sisteinlerin çoğu okside olmuş durumda bulunmakta veya proteinler arasında arazincir disülfit bağları ya da bir protein içerisinde iç zincir disülfit bağları formundadır. Bu bağlar, çekirdek olgunlaşması, öğütme, hamur hazırlama ve pişirme esnasında görülen birçok redoks reaksiyonu için temel hedef olmaktadır [65]. Ekmek yapma esnasında oluşan kovalent bağlara ek olarak gluten proteinleri arasında tirozin-tirozin çapraz bağları da vardır [66] ve gluten proteinleri ve arabinoksilanlar arasında tirozin-dehidroferulik asit çapraz bağları vardır [67]. Gluten ağlarının kovalent yapısı, kovalent olmayan bağlar (hidrojen bağları, iyonik bağlar, hidrofobik bağlar vs) tarafından birleştirilir. Kimyasal bağların bu sınıfı kovalent bağlardan daha düşük enerjiye sahip olmalarına rağmen, bunlar gluten proteinlerinde agregasyondan ve hamur yapısından açıkça sorumludurlar [68]. Gluten proteinlerinde hidrojen bağlarının varlığının kanıtı; üre benzeri hidrojen bağlarını kıran ajanların hamuru zayıflatıcı etkiye; sıradan su ile karşılaştırıldığında ağır suyun hamuru kuvvetlendirici (sıkılaştırıcı) etkiye sahip olmasıdır. İyonik bağların önemi, amino asitler veya dikarboksilik asit benzeri bipolar iyonların veya tuzun sıkılaştırıcı etkisiyle gösterilebilir. Hidrofobik bağlar gluten yapısının stabilizasyonu için önemli derecede katkı sağlamaktadır. Bunlar diğer

bağlardan farklıdır, çünkü bunların enerjisi sıcaklık arttıkça artar, bu pişirme prosesi boyunca ilave stabilite sağlamaktadır.

1.3.7.1 Gliadinler

Gliadinlerin çoğu monomer olarak bulunur; bunlar ilk zamanlarda düşük pH'larda jel elektroforezindeki mobiliteleri baz alınarak 4 grup içerisinde (azalan mobilite sırasına göre α, β, γ, ω) sınıflandırılmışlardır. Amino asit sekansına dayalı sonraki çalışmalar, bununla birlikte, α ve β gliadinlerin bir grup içerisinde (α/β) dağıldığını ve elektroforetik mobilitenin protein akrabalıklarını her zaman yansıtmadığını göstermiştir. İki boyutlu jel elektroforezi veya RP-HPLC (ters faz yüksek performans sıvı kromotografisi) benzeri modern metotlar yüzden daha fazla bileşenin içerisinden gliadin fraksiyonlarının ayrımına izin vermektedir. Moleküler ağırlık, amino asit kompozisyonu, komple veya kısmi amino asit sekans analizine bağlı olarak bunlar 4 farklı tip içerisinde gruplandırılabilirler (ω5-, ω1,2-, α/β- ve γ gliadinler) (Tablo 1.8) [222].

Tablo 1.8 Gluten protein çeşitlerinin karakterizasyonu

Tip	MW x10^{-3}	Oran (%) [a]	Kısmi amino asit içeriği (%)				
			Gln	Pro	Phe	Tyr	Gly
ω5-Gliadins	49-55	3-6	56	20	9	1	1
ω1,2-Gliadins	39-44	4-7	44	26	8	1	1
α/β-Gliadins	28-35	28-33	37	16	4	3	2
γ-Gliadins	31-35	23-31	35	17	5	1	3
x-HMW-GS	83-88	4-9	37	13	0	6	19
y-HMW-GS	67-74	3-4	36	11	0	5	18
LMW-GS	32-39	19-25	38	13	4	1	3

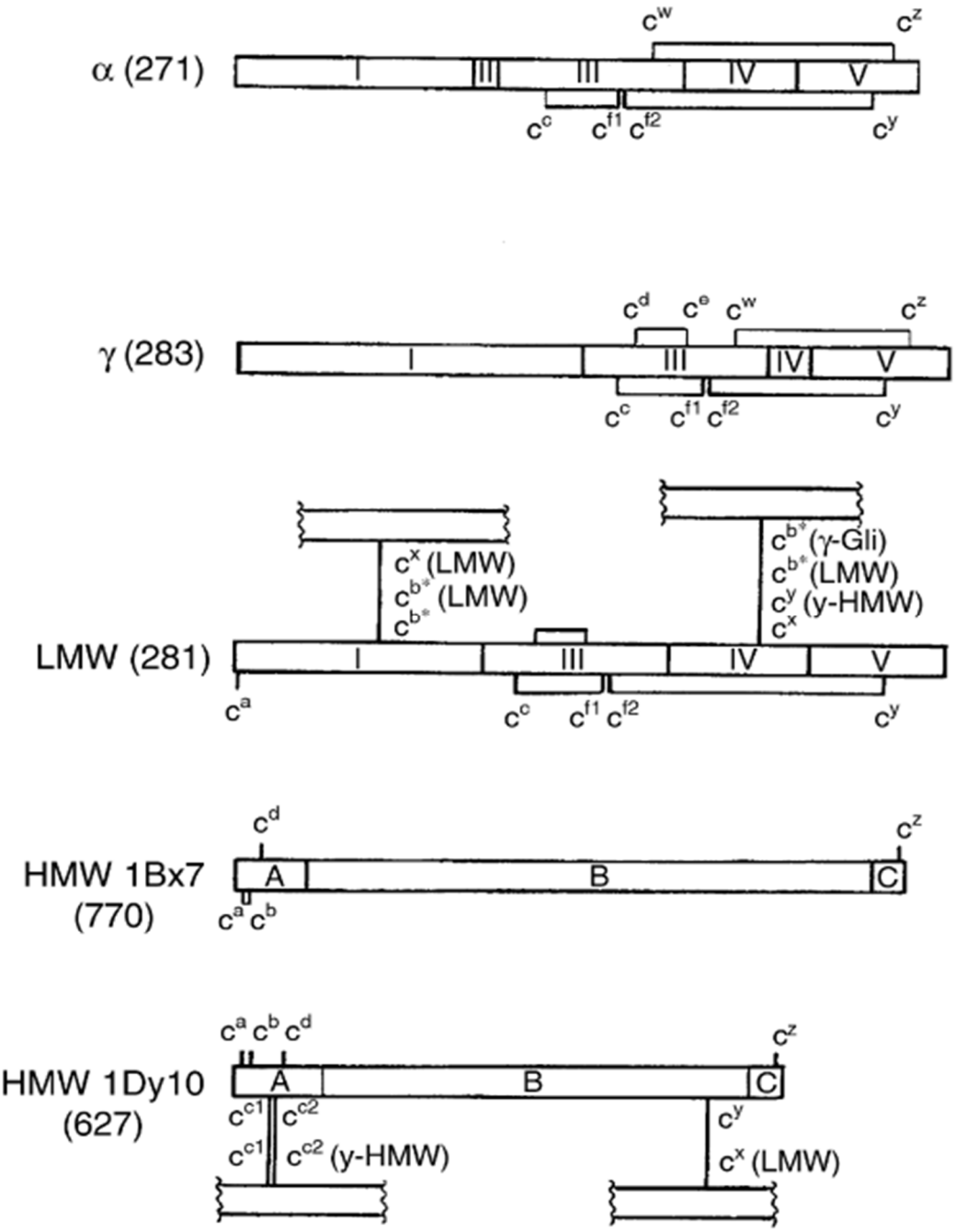
[a] Toplam gluten proteinlerine göre

Her bir çeşit içerisinde, yer değiştirme, delesyon ve tek amino asit kalıntılarının insersiyonundan dolayı küçük yapısal farklılıklar vardır. ω gliadinler, toplam kompozisyonun yaklaşık %80'inden birlikte sorumlu olan glutamin, prolin ve fenil alaninin yüksek içeriği ile karakterizedir. ω-5 gliadinler, ω1-2 gliadinlerden (yaklaşık 40 kDa) daha büyük moleküler ağırlığa (yaklaşık 50 kDa) sahiptirler. Çoğu ω gliadinler sisteince fakirdir, öyle ki disülfit çapraz bağları imkânsızdır. Bu proteinler neredeyse

bütünüyle glutamin ve prolin bakımından zengin tekrar dizilerinden (PQQPFPQQ gibi) meydana gelmektedir. α/β- ve γ gliadinlerin moleküler ağırlıkları üstüste binmiştir (yaklaşık 28-35 kDa) ve glutamin ve prolinlerin yüzdesi ω gliadinlerinkinden çok daha düşüktür (Tablo 1.8). Bunlar tirozin benzeri birkaç amino asitin içeriğinde önemli derecede farklanır. İki çeşidin her birisi açıkça farklı olan iki C ve N terminal domaine sahiptir. N terminal domain (toplam proteinlerin %40-50'si) çoğunlukla glutamin, prolin, fenil alanin ve tirozince zengin tekrar dizilerinden oluşmaktadır. α/β gliadinlerin tekrar üniteleri QPQPFPQQPYP benzeri 12 peptitten oluşmaktadır, genellikle 5 tekrarlıdır ve tek kalıntının yer değiştirmesi ile modifiye olur. γ gliadinlerin tipik ünitesi QPQQPFP'dir, 16 kereye kadar tekrarlanabilir ve eklenen kalıntılar tarafından serpiştirilmiştir. C domaini içerisinde α/β- ve γ gliadinler homologtur. Burada tekrarsız olan diziler vardır. N terminalden daha düşük glutamin ve proline sahiptir ve daha normal bir kompozisyon bulunmaktadır. Birkaç istisna dışında C terminal domainde α/β- gliadinler 6 ve γ gliadinler 8 sistein bölgesi içerirler. Bunlar sırasıyla üç ve dört zincir içi homolog çapraz bağ oluştururlar [64] (Şekil 1.12). Sekonder yapıları üzerine çalışmalar α/β- ve γ gliadinlerin N terminal domainlerinin ω gliadinlerinkine benzer şekilde β-sarmal konformasyonuyla karakterize olduğunu göstermiştir [223]. Tekrarsız C-terminal domainleri α-heliks ve β-katmanının önemli bir yüzdesini içermektedir.

Buna rağmen farklı çeşitler arasında toplam gliadinlerin dağılımı sıkı bir şekilde buğday genotiplerine ve büyüme koşullarına (toprak, iklim, fertilizasyon vb) bağlıdır. α/β- ve γ gliadinlerin büyük komponentler olduğu, oysa ω gliadinlerin çok düşük yüzdelerde görüldüğü genellenebilir [224] (Tablo 1.8).

Gliadinlerin küçük bir kısmı nokta mutasyonundan dolayı sisteinlerin tek bir sayısına sahiptir ve karşılıklı olarak veya glutenlerle bağlıdır. Bunlar ya gliadin fraksiyonlarında alkolde çözünen oligomerlerde ya da alkolde çözünmeyen glutenin polimerlerinde görülürler. Gliadinlerin bu formunun glutenin polimerizasyonunun sonlandırıcısı olarak görev yaptığı öngörülmektedir. Oligomerik fraksiyon, yüksek molekül ağırlıklı gliadin, toplanmış gliadin veya etanolde çözünür glutenin olarak isimlendirilir [225, 226]. Bunlar, α/β- ve γ gliadinleri ve ara zincir disülfit bağlarıyla bağlanmış düşük molekül ağırlıklı alt üniteleri içerirler ve molekül ağırlıkları yaklaşık olarak 100.000-500.000 aralığındadır.



Şekil 1.12 Gluten proteinlerin şematik kurgusu ve disülfit yapısı [64]

1.3.7.2 Gluteninler

Glutenin fraksiyonları ara zincir disülfit bağlarıyla bağlanmış agregat proteinlerden oluşmaktadır. Bunlar büyüklük olarak 500 binden 10 milyona kadar değişen bir aralıkta çeşitliliğe sahiptir [68]. Gluteninler, doğadaki en büyük protinlerdendir. Gluteninlerin moleküler ağırlık dağılımı hamur özellikleri ve pişirme performansını belirleyen temellerden birisi olarak kabul edilmektedir. Glutenin makropolimer (GMP) olarak

adlandırılan en büyük polimerler hamur özelliklerinin en büyük destekçisi olmaktadır ve bunların buğday unundaki miktarı (yaklaşık 20-40 mg/gr) sıkı bir şekilde hamur sıkılığı ve ekmek hacmi ile ilişkilidir.

Disülfit bağlarının redüksiyonundan sonra çıkan glutenin alt üniteleri gliadinlere benzer şekilde sıvı alkollerde çözünürlük gösterir. Predominant protein çeşidi LMW glutenin alt üniteleridir, bunlar toplam gluten proteinlerine göre yaklaşık miktarları %20'dir [224]. LMW-GS'ler moleküler ağırlık ve amino asit içeriği olarak α/β- ve γ gliadinlerle ilişkilidir (Tablo 1.8). Benzer şekilde bunlar iki farklı domain içerirler: QQQPPFS benzeri glutamin ve prolince zengin tekrar dizilerini içeren N- terminal domaini ve bölüm 3 ve 5 içinde α/β- ve γ gliadinlere homolog olan C-terminal domain. LMW-GS'ler 8 sistein içerirler [64, 65]; 6 kalıntısü α/β- ve γ gliadinlerle homolog pozisyona sahiptir ve zincir içinde disülfit bağlarıyla bağlanmış olduğu önerilmektedir (Şekil 1.12). LMW-GS'ler için eşsiz olan iki ek sistein kalıntısı bölüm 1 ve 4'te yerleşmiştir. Bunların zincir içinde bağ oluşturmaları yapısal sebeplerden dolayı mümkün değildir. Sonuç olarak, farklı gluten proteinlerinin sisteinleri ile zincirler arası disülfit bağları oluşmaktadır.

HMW glutenin alt üniteleri (HMW-GS), gluten protein familyası içinde küçük komponentlerdendir (yaklaşık %10). Her bir buğday varyetesi x ve y tip olarak iki farklı çeşit içerisinde gruplandırılabilen, sırasıyla molekül ağırlıkları 83-88 kDa ve 67-74 kDa arasında olan 3-5 HMW-GS içerirler. Bireysel HMW-GS'lerin isimlendirilmesinde kodlayan genom (A, B ve D genomu), x veya y tip oluşu ve SDS-PAGE'deki mobiliteleri baz alınmaktadır. HMW-GS'ler 3 yapısal domainden oluşur: yaklaşık 80-105 kalıntı içeren tekrarsız N-terminal domaini (A); yaklaşık 480-700 kalıntı içeren tekrarlı merkez domaini (B) ve 42 kalıntılü bir C-terminal domaini (C) [152]. A ve C domainleri yüklü kalıntılerin sıklıkla görülmesi ve çoğunlukla veya tamamıyla sisteinlerden meydana gelmesiyle karakterizedir. B domaini, hekzapeptit (YYPTSP) ve tripeptitlerin (QQP veya QPQ) girişi ile bir omurga olarak tekrarlı hekzapeptitler (QQPGQG) içerirler. X ve y tip arasındaki en önemli farklılık A ve B domainlerinde yatmaktadır. Örneğin, y tip domain A iki bitişik sistein içeren 18 kalıntının insersiyonuna sahiptir ve tipik olarak tekrar üniteleri daha düşük sıklıkla tekrar eder, y tip B domaininde ise daha sıklıkla tekrar eder. HMW-GS'ler monomer olarak un ve

hamurda görülmediklerinden dolayı bunlar, genellikle kendi aralarında disülfit bağlarından meydana geldikleri farzedilir.

Dx5 alt ünitesi hariç x tip 4 sisteine sahiptir, üçü A domaininde biri de C domaininde [153] (Şekil 1.12). A domaininin iki kalıntısı içsel zincirlerle bağlanmıştır, diğer ikisi ara zincir disülfit bağlarıyla bağlanmıştır. Dx5 alt ünitesi B domaininin başlangıcında ek bir sisteine sahiptir ve bunun diğer ara zincirlerle bağlanabileceği öne sürülmektedir. Y tip, A domaininde 5, B ve C domainlerinin her birinde birer tane sisteine sahiptir. Hâlihazırda, ara zincir bağları, yalnızca diğer bir y tipin ilgili kalıntısü ile paralelde bağlanmış olan A domaininin bitişik sisteininde ve LMW-GS'lerin bir sisteinine bağlanmış olan domainin sisteininde bulunmuştur.

Çeşitli yaklaşımlar HMW-GS'lerin sekonder yapılarının detaylarını vermek için kombine yapılmıştır. Domain B'nin tekrarlı çalışmaları β-revers sarmalın varlığını göstermiştir [152]. Bu, üst üste binen ve gluten elastikiyetinin kararlılığına katkıda bulunduğu varsayılan gevşek bir spiral formun varlığını önermektedir. Tekrarsız domain A ve C'nin α-heliks globular yapılarına sahip olduğu önerilmektedir. Sayısız çalışmalar göstermiştir ki hamurun özellikleri HMW-GS'lerin miktarından sıkı bir şekilde etkilenmektedir. Hamur özellikleri için x tiplerin katkısı HMW-GS'ler arasında y tiplerinkinden çok daha önemli bulunmuştur [224]. Tek alt üniteye göre Dx5 alt ünitesinin varlığı (ara zincir çapraz bağları için ekstra sisteine sahip) ve Bx7 alt ünitesinin varlığı (en yüksek miktarda görülür) hamur kalitesini ve ekmek hacmi için özellikle önemli olduğu önerilmektedir [227].

1.3.7.3 Disülfit bağları

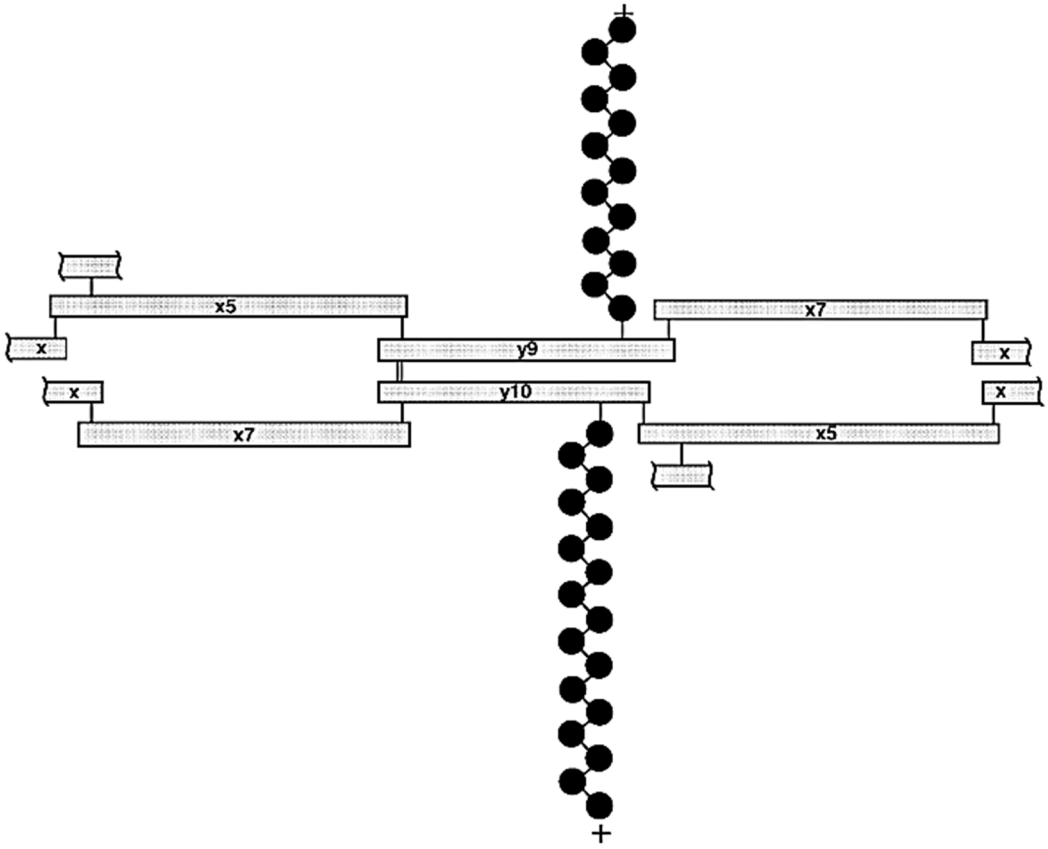
Disülfit bağları gluten proteinlerinin yapı ve özelliklerini belirlemede önemli bir rol oynamaktadır. Monomerik α/ β ve γ gliadinler sırasıyla 3 ve 4 iç zincir disülfit bağı bulundururlar, oysa polimerik LMW ve HMW-GS'ler hem içsel hem de ara zincir bağları içerirler (Şekil 1.12) [153]. Doğal gluteninlerin disülfit yapısı stabil bir durumda değildir, yani son ürün için (örneğin ekmek gibi) olgunlaşan tanelerden sürekli bir değişim sürecindedirler [65, 68]. Gluteninlerin moleküler ağırlık dağılımı hamur kalitesinin temel belirleyicilerinden birisi olarak kabul edilir ve genetik faktörlere (Dx5 alt ünitesinin varlığı, HMW-GS ve LMW-GS'lerin oranı, terminatör zincirlerin miktarı gibi), çevresel faktörlere (sülfür eksikliği, sıcaklık veya su stresi gibi) ve redoks durumu

(redükleyici veya oksitleyici ajanların varlığı) gibi faktörlere bağlı olarak disülfit yapısının durumu tarafından kontrol edilmektedir [68].

Disülfit formasyonu, protein katlanmasının integral bir parçası olarak endoplazmik retikulumun lümeni içinde proteinlerin sentezinden sonra hızlı bir şekilde başlar. İç zincir bağlantı formunun ara zincir bağlardan daha hızlı bir şekilde oluştuğu önerilmektedir [228]. Büyüyen bir polimere katılmak için, proteinlerin ara zincir disülfit bağı oluşumunda en az iki sisteine ihtiyaç vardır. HMW ve LMW-GS'ler genel olarak "zincir uzatıcı" olarak görev yaparlar. Şu ana kadar HMW ve LMW-GS'ler arasında bulunan tek çapraz bağ y-HMW-GS'nin B domaininde bir sistein kalıntısü arasındaki ve LMW-GS'nin C-terminal domaininde bir sistein kalıntısündeki bir disülfit bağıdır. HMW-GS polimerlerinin omurgası muhtemelen baştan sona kadar uç uca kurulmuştur. En azından 4 farklı sistein omurganın dallanmasına öncülük eder.

LMW-GS'ler N-terminal ve C-terminal domainlerin sisteinleri aracılığı ile daima lineer polimer formundadırlar. Polimerizasyon sonlandırıcıları sisteinlerin tek sayısı ile glutatyon veya gliadinler olarak bulunmuştur. Glutenlerin alt ünite kompozisyonları (HMW-GS/LMW-GS oranı 1:2 ve x-tip/y-tip oranı 2.5:1) ve alt ünitelerin moleküler ağırlıkları üzerine kantitatif verilere göre glutenin polimerlerinin temel moleküler "ikili üniteleri" 2 y-tip HMW-GS, 4 x-tip HMW-GS ve ara zincir disülfit bağlarıyla kovalent olarak bağlanmış 30 civarında LMW-GS'den meydana gelmektedir [68] (Şekil 1.13). Bu ikili ünitelerin moleküler ağırlıkları yaklaşık 1.5 milyon civarındadır. Gluten makro polimerleri, x ve y-tip oranı ve HMW/LMW-GS oranı arttığı için bu ikili ünitelerin onlarcasını içermelidir.

Disülfit bağlarının başta gelen önemi, hamur zayıflatıcı, redükleyici ajanların, hamuru kuvvetlendiren tiol bloklayıcı veya oksitleyici ajanların eklenmesiyle gösterilebilir [65]. Ekmek yapma prosesleri boyunca, büyük gluten polimerlerinin durumu üç kompetatif redoks reaksiyonlarıyla karakterizedir. Bunlardan birincisi, polimerizasyonu destekleyen serbest SH gruplarının oksidasyonu, ikincisi, polimerizasyonu durduran terminatörlerin varlığı ve son olarak da depolimerize polimerlerden olan glutation benzeri tiol bileşikleri ve gluteninler arasında SH/SS ara değişim reaksiyonları.



Şekil 1.13 Gluten polimerlerinin HMW-GS (□) ve LMW-GS (●)'nin ara zincir disülfit yapısı için ikili ünite modeli [68].

Oksijenin, hamurun karışım sürecinde büyük gluten polimerlerinin formasyonu için önemli olduğu bilinmektedir. Potasyum bromat, potasyum iyodat ve L-askorbik asit benzeri oksitleyici ajanlar atmosferik oksijene benzer bir etki gösterirler. Pişirme prosesleri glutenin yapı ve fonksiyonelitesinde dramatik bir değişim meydana getirir. Örneğin, ekstraksiyonda üre veya SDS kullanıldığında çözünürlük kuvvetli bir şekilde düşmekte ve α/β- ve γ gliadinleri içeren sisteinlerin çoğu glutenin polimerlerine kovalent olarak bağlanmaktadır. Gliadin ve gluteninler arasında disülfit ara zincir reaksiyonları, sıcaklıkla indüklenmiş etki ile ilişkili olduğu kabul edilmektedir [229].

1.4 Gluten Proteinlerin Kromozomal Düzenlenmesi Ve Haritalaması

1.4.1 Gliadinler

Gluten proteinlerin kromozomal lokasyonları hakkında ilk veriler ekmeklik buğdayın Chinese Spring çeşidinde Sears [230, 231] tarafından elde edilen nulisomik-tetrasomik ve ditelosomik hatların kompensat analizleri kullanılarak nişasta jel elektroforezleri Boyd ve Lee [232] ve Shepherd [233] tarafından sunulmuştur. Bu araştırmacılar gliadin

proteinlerinin homolog grup 1 ve grup 6 kromozomlarının kısa kolları üzerinde bulunan genler tarafından kontrol edildiğini rapor etmişlerdir. Tek boyutlu ayırmanın düşük rezulüsyonu ve bazı gliadin komponentlerinin üst üste binmesi spesifik kromozomda bunların yalnızca bir kaçının belirlenebileceği anlamına geliyordu. Sonra Wrigley ve Shepherd [234] ikinci boyutta asit pH'da nişasta jel elektroforezi ile ilk boyutta izoelektrik fokuslamayı kombine eden iki boyutlu tekniği geliştirdi. Bu *Chinese Spring*'in grup1 ve 6 kromozomlarında bulunan 46 komponentin tamamını belirlemeye olanak verdi. İki boyutlu jel elektroforezi tekniklerinin daha da geliştirilmesi, nişasta jellerin yerine poliakrilamid jellerin kullanılması gibi, belirlenen komponentlerin sayısında ve resulüsyonunda artış sağlamıştır. Ancak, farklı ekmeklik buğday çeşitlerinda olduğu gibi Chine Spring'de de özellikle gliadin kodlayan genlerin kromozomal düzenlenmesini vermemektedir [235-237]. Buğdayın yabani akrabaları ve durum buğdayında benzer çalışmalar [238, 239] bu sonuçları doğrulamıştır [240].

Spesifik çaprazların progenilerinde gliadinlerin kalıtımı üzerine yoğun çalışmalar, büyük gliadin genlerinin, nadiren iç blok rekombinasyonlarına sahip, sıkıca bağlı bloklar olarak adlandırılan kümeler şeklinde bulunduğunu göstermiştir [241]. Günümüzde genel olarak α ve β gliadinler grup 6 kromozomların kısa kolu üzerindeki *Gli-2* bölgesinde (*Gli-A2*, *Gli-B2* ve *Gli-D2*) bulunan genler tarafından kontrol edilirken [37], ω ve γ gliadinlerin homolog grup 1 kromozomların kısa kolu üzerindeki *Gli-1* bölgesinde (*Gli-A1*, *Gli-B1* ve *Gli-D1*) bulunan sıkı bağlantılı gen kümeleri tarafından kontrol edildiği kabul edilmektedir. Kromozom 1'den γ-tip bir genin kromozom 6'ya translokasyonundan kaynaklanan *Gli-2* lokusunda grup 1 ve grup 6 kromozomları üzerinde gliadin genlerinin mekânsal dağılımı eski bir kromozomlar arası yer değişimine bağlanmaktadır [242]. *Gli-1* bölgesinin, bunların ilgili sentromerlerinde bağımsız veya gevşek bağlı bir şekilde grup 1 kromozomların distal parçası üzerinde bulunduğu gösterilmiştir [243]. *Gli-2* bölgesi daha az detaylı çalışılmış olup telosentrik haritalaması sentromer ve *Gli-A2* bölgesi arasında %35 rekombinasyon olduğunu göstermiştir [37].

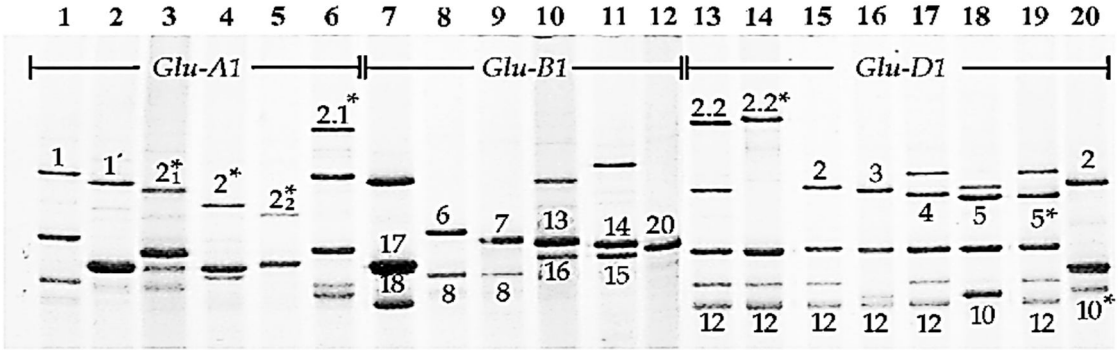
Bireysel *Gli-1* ve Gli-2 bölgeleri elektroforetik tekniklerde de görüldüğü gibi farklı komponentlerin sayısı, yüzdesi ve mobilitelerinde yoğun polimorfizm göstermektedir.

1.4.2 Yüksek molekül ağırlıklı gluten alt üniteleri

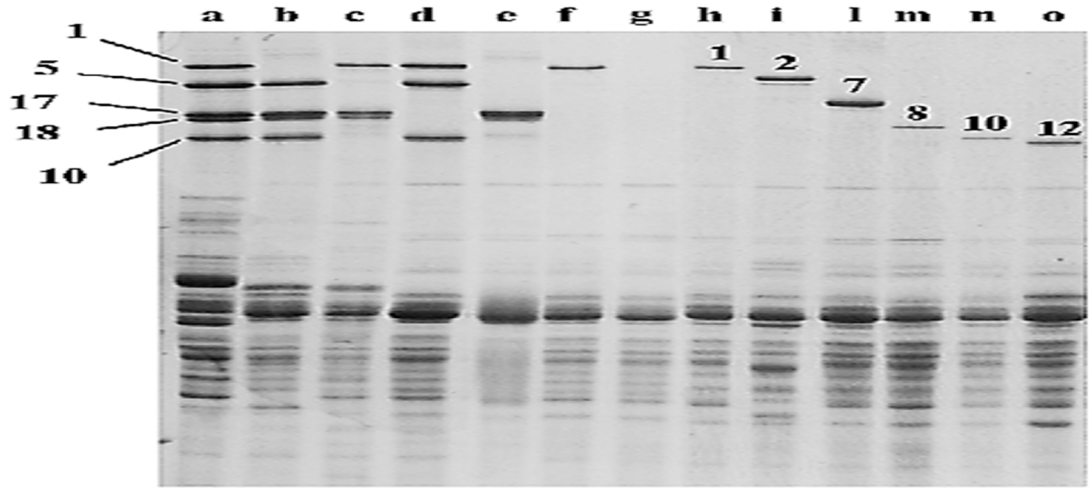
SDS-PAGE ile birlikte redükleyici ajanların kullanımı belirlenmiş olan glutenin alt ünitelerinin genetik kontrolüne izin verir. Anoploit *Chinese Spring* kullanıldığında HMW alt ünite genlerinin homolog grup 1 kromozomlarının uzun kollarında lokalize olduğu Orth ve Bushuk [244] ve Bietzh *et al.,* [245] tarafından bildirilmiştir. Daha sonraları kesikli Laemli [246] SDS-PAGE sistemi kullanılarak diğer ekmeklik buğdaylarda da çalışmalar yapılmıştır [184, 188, 247]. Bu sonuçlar ekmeklik buğday HMW alt ünitelerinin homolog grup-1 kromozomlarının (*Glu-A1, Glu-B1 ve Glu-D1*) uzun kolları üzerinde bulunan *Glu-1* olarak isimlendirilen kompleks bir gen bölgesi tarafından kodlandığına dair kesin kanıt sunmaktadır. Her bir lokus, bunların biyokimyasal karakteristikleri ve moleküler ağırlıkları temeline dayanarak x- ve y-tip olarak isimlendirilen alt üniteleri kodlayan bir birine sıkıca bağlı iki gen içermektedir [248]. Ancak, bazı genlerin sessiz olmasından dolayı, farklı ekmeklik buğday çeşitlerinda yalnızca 3-5 HMW alt ünite geni eksprese olmaktadır. Özellikle, daimi olarak, iki alt ünite *Glu-D1* lokusu tarafından, bir veya ikisi *Glu-B1* tarafından ve bir veya hiç birisi de (null allel) *Glu-A1* lokusu tarafından eksprese edilmektedir. *Glu-A1* veya *Glu-B1* bölgeleri tarafından yalnızca bir alt ünite eksprese edildiği zaman bu daima x-tip olmaktadır. Benzer durum makarnalık buğdayın *Glu-A1* ve *Glu-B1* bölgelerinde de görülmektedir. Ancak, *Glu-A1* lokusunda y-tip gen bireysel olarak kültür ve yabani diploid buğdaylarda (*T. monococcum subsp. monococcum, subsp. boeticum* ve *T. urartu*), yabani tetraploid buğday *T. turgidum subsp. dicoccoides* [187, 249] ve genomik formülü AAGG olan tetraploid buğdayın kültür ve yabani formlarında (*T. timopheevii subsp. timopheevii* ve *subsp. araraticum*) [250] eksprese olabilmektedir.

Ekmeklik buğday çeşitlerinda her bir *Glu-1* lokusunda kodlanan alt ünitelerde gözlenen allelik varyasyonlar rapor edilmiş [41, 188] ve farklı allelik alt üniteleri tanımlamak için bir numaralandırma sistemi geliştirilmiştir (Şekil 1.14). Yerel ekmeklik buğdaylarının geniş koleksiyonlarının analizleri farklı *Glu-1* bölgeleri üzerindeki nadir allellerin tanımlanmasını sağlamıştır. Payne *et al.,* [251] ve Lafiandra *et al.,* [55] *Glu-D1* ve *Glu-A1* bölgeleri tarafından kodlanan yüksek molekül ağırlıklı alt ünitelerin tanımlanmasını tarif etmişlerdir (Şekil 1.14'de 6, 13 ve 14 nolu örnekler). X- ve/veya y-tip alt üniteleri olmayan null formlar, yerel ekmeklik buğday Nap Hal'de *Glu-D1* lokusu tarafından kodlanan x- ve y-tip alt ünitelerin her ikisinin de olmadığı tohumun Bietz *et al.,* [245]

tarafından rapor edilmesiyle belirlenmiştir. Diğer null tipler Payne *et al.,* [252] ve Lafiandra *et al.,* [253] tarafından rapor edilmiştir. Farklı null *Glu-1* allellerinin kombinasyonu benzersiz HMW alt ünite kompozisyonlarına sahip genotiplerin oluşumuyla sonuçlanmıştır (Şekil 1.15). Örneğin, Lafiandra *et al.,* [254] tek bir x- veya y-tip alt ünitesine sahip buğday hatları geliştirmişken, Lawrence *et al.,* [255] kademeli olarak sıfırdan beşe kadar artan alt ünitelere sahip ekmeklik buğday hatlarının bir setini geliştirmişlerdir. Bu materyaller unun ekmek olma özellikleri ve farklı son kullanımlar için uygun olan buğdayları geliştirme üzerine bireysel HMW alt ünitelerinin göreceli etkilerini belirleme olanağı sunmuştur [255-257].



Şekil 1.14 Üç *Glu-1* bölgesi üzerinde bulunan allelik HMW glutenin alt ünitelerinin SDS-PAGE görüntüsü [109].



Şekil 1.15 Glu-1 bölgesinde null allele sahip ekmeklik buğdayda bulunan HMW glutenin alt ünitelerinin SDS-PAGE'si ve ekmeklik buğday çeşidi Yecora Roja'da (sıra 1) bunların varlığı ile karşılaştırması. Glu-A1 null (b), Glu-D1 null (c), Glu-B1 null (d), Glu-A1/Glu-D1 null (e), Glu-B1/Glu-D1 null (f ve h) ve Glu-A1/Glu-B1/ Glu-D null (g). Tek bir Dx (i), Bx (1), By (m), veya Dy alt ünitesi (n ve o). Lawrence et al., [255]

1.4.3 Düşük molekül ağırlıklı gluten alt üniteleri

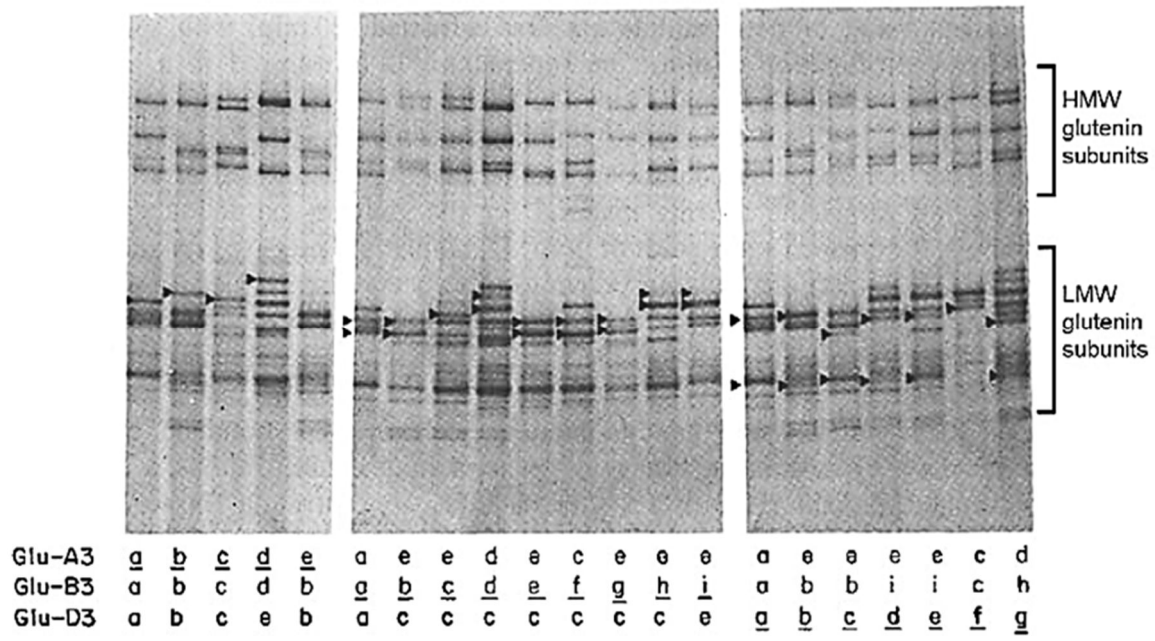
LMW glutenin alt ünitelerinin birbirinden ayrılması kompleksite, heterojenite, birbirine ve diğer gliadin komponentlerine benzemeleri nedeniyle çok zordur. Bu problemin üstesinden gelmek için Jackson *et al.,* [142] total endosperm proteinlerini iki farklı 2-D sistemiyle ayırmıştır.

Bu sistem ya IEF ya da dengelenmemiş pH gradiyent elektroforezini birinci boyutta birleştirmiş, ardından da ikinci ayırmada SDS-PAGE kullanmıştır (Şekil 1.7). *Chinese Spring* anöploidlerini analiz etmek için bu sistem kullanıldığında LMW alt ünite genlerinin homolog grup 1 kromozomların kısa kollarına yerleştiği belirlenmiştir [142]. Takip eden genetik analizler LMW alt üniteleri ve gliadinleri kodlayan genler arasında herhangi bir rekombinasyon göstermemiştir. Bu nedenle Payne *et al.,* [258] kompleks *Gli-1* lokusunun ω ve γ gliadinler ve LMW alt ünitelere karşılık gelen üç gen ailesi içerdiği sonucuna varmıştır.

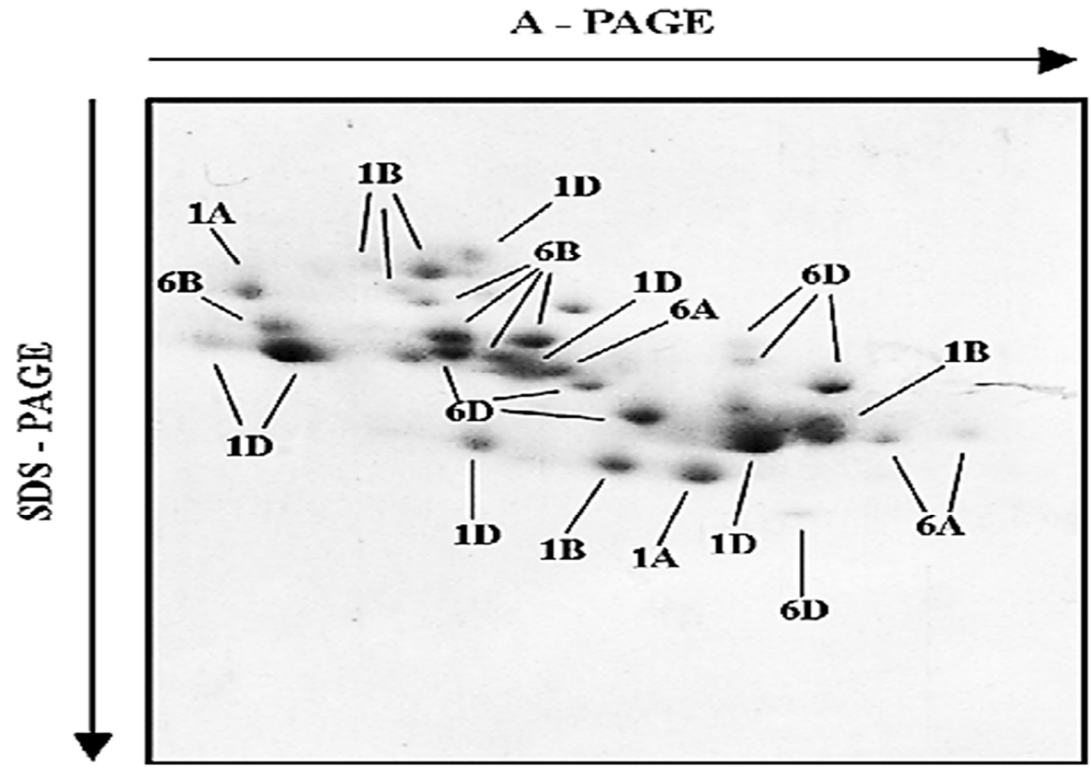
Buna karşılık Singh ve Shepherd [132] ω gliadin ve B-tip LMW alt ünite proteinleri kodlayan genlerde rekombinasyon delilleri olduğunu belirtmişlerdir. Bu durum daha sonra diğer araştırmacılar tarafından da teyit edilmiş olup B-tip LMW alt üniteleri kodlayan lokus *Glu-3* ile sembolize edilmiştir [259, 260]. Ayrıca *T. durum*'un 1A ve 1B kromozomundaki *Gli-A1* ve *Gli-B1* lokuslarınca kodlanan gliadinler ve B-tip LMW glutenin alt üniteleri arasında rekombinasyon gözlenmiştir.

Ruiz ve Carrillo [261] *Glu-A3* ve *Gli-A1* arasında 1.3 cM ve *Glu-B3* ile *Gli-B1* arasında 2 cM harita mesafesi olduğunu belirtmiştir. Daha sonraki bir araştırma grubu ayrıca *Glu-B3*'ün 1B kromozomundaki *Gli-B1* ve sentromer arasında yerleşmiş olduğunu belirtmişlerdir [262, 263]. Ekmeklik buğdayın üç tane *Glu-3* lokusunda büyük allelik varyasyonlar olduğu rapor edilmiştir. Farklı alleller lokusun farklı isimleriyle belirtilmiştir (Şekil 1.16) [48, 264].

C-tipi LMW alt ünitelerinde bolca bulunan fraksiyonların saflaştırılması için metotların geliştirilmesi, grup-1 ve grup-6 kromozomda genlerin haritalanmasına olanak vermiştir (Şekil 1.17). Bunların ya sıkıca birbirine bağlantılı olduğu ya da *Gli-1* ve *Gli-2* lokusunda bulunduğu belirtilmiştir [265]. Bu durum daha önceki raporları destekliyor olup grup-6 kromozomların gluten tipi protein kodladığını göstermektedir [260, 262, 263].



Şekil 1.16 Farklı ekmeklik buğday çeşitlerinda var olan HMW ve LMW glutenin alt ünitelerinin SDS-PAGE dağılımı. *Glu-3* bölgesindeki farklı allellerin gösterimi alt kısımda verilmiştir. Oklar *Glu-3* allellerini göstermektedir. Singh *et al.,* [48]

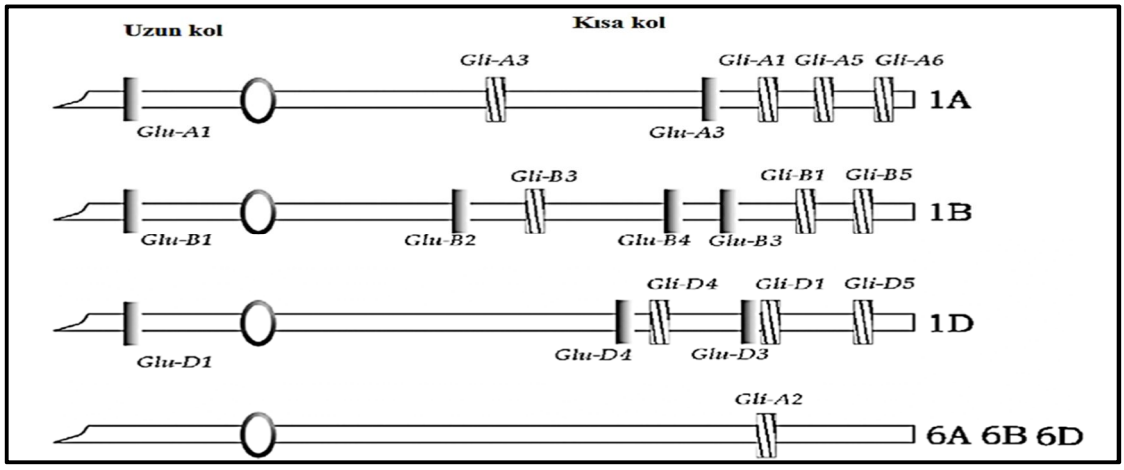


Şekil 1.17 *Chinese Spring* çeşidinde C-tip LMW glutenin alt ünitelerinin iki boyutlu elektroforez görüntüsü ve bunların kromozomal yerleşimi [109].

1.4.4 Küçük gliadin ve glutenin alt ünite lokusları

Yukarıda da bahsedildiği gibi çoğu ω ve γ gliadinleri kodlayan genler kromozom 1A, 1B ve 1D'nin kısa kolunun uç kısmında *Gli-A1*, *Gli-B1* ve *Gli-D1* lokusunda sıkıca bir arada kümelenmiştir [37]. Buna karşılık birkaç gliadin komponentinin ilave dağınık genlerce kodlandığı gösterilmiştir (Şekil 1.18). İlave bir *Gli-B3* lokusu kromozom 1B'nin kısa kolunda sentromer ve *Gli-B1* lokusu arasında haritalanmış ve *Gli-B3* olarak belirtilmiştir [175, 177, 266]. Daha sonra *Gli-B3* lokusu ile uyumlu bir pozisyonda kromozom 1A'nın kısa kolu üzerinde başka bir gliadin lokusu daha tanımlanmış ve *Gli-A3* olarak isimlendirilmiştir [266, 267]. *Gli-B3* lokusunun, içerisinde sıkıca birbiri ile bağlantılı ω gliadin ile B-tip LMW alt üniteleri kodlayan genleri içerdiği görülmüştür [261].

Ekmeklik buğday Salmone ve diğer 6 italyan çeşidi arasındaki çaprazlamalar ile yapılan gliadin gen kalıtım çalışmaları ilave bir gliadin lokusu olduğunu ortaya koymuştur. *Gli-B5* olan bu lokus, *Gli-B1/Glu-B3* ile rekombine bir gen tarafından kodlanan B-tip LMW alt ünitelerinde *Gli-B1*'den 1.4 cM uzakta ve %24.8 frekansta bulunmuştur. Liu ve Shepherd [268]'e göre bu yeni lokus *Glu-B2* olarak tanımlanmıştır. Buna ilaveten 30 bin ile 32 bin dalton (N-terminal amino asit dizileri B- ve C-tip LMW alt üniteleri ile homologtur) ağırlığındaki iki polipeptit Sreeramulu ve Singh [181] tarafından tanımlanmıştır. Bu proteinler kromozom 1D ve 7D'de sırasıyla *Glu-D4* ve *Glu-D5* lokusu olarak tanımlanmıştır. Bunlardan *Glu-D4* lokusu *Gli-D1/Glu-D3* ile gevşek bağlıdır.



Şekil 1.18 Ekmeklik buğdayda büyük ve küçük gliadinler ile gluten alt ünitelerinin kromozomal lokasyonları [109].

1.5 Gluten protein multigen bölgelerinin analizi

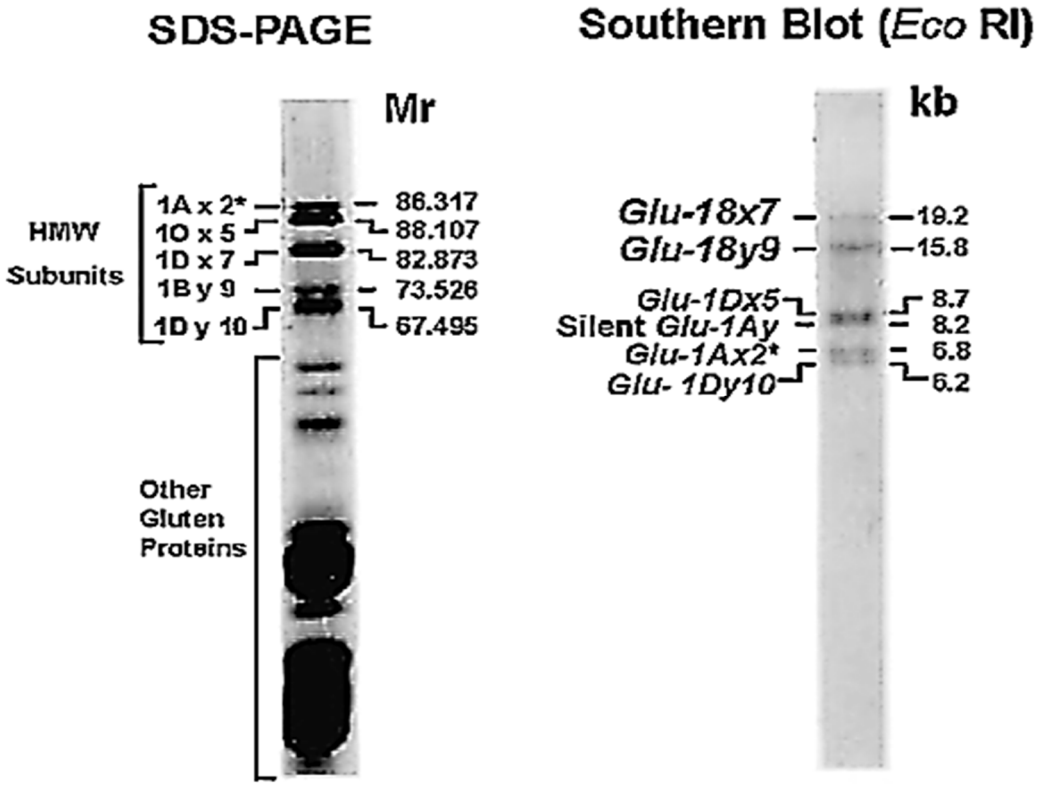
Buğday prolaminlerini kodlayan multigenik lokusların yapı ve organizasyonlarının analizi iki faktörle yapılır: ayrı genomların üzerindeki ilişkili genlerin varlığı ve southern blotta yoğun çapraz hibridizasyona yol açan kodlanan proteinler arasında yüksek sekans homolojisi ile.

1.5.1 **Gli-1 lokusu**

En basit yapı glutenlerin yüksek moleküler ağırlıklı alt ünitelerini kodlayan *Glu-1* bölgelerinde görülmektedir. Bireysel *Glu-1* genleri aralında çapraz hibridizasyon görülmesine rağmen, bu proteinleri ve diğer gluten protein genlerini kodlayan DNA dizileri arasında çapraz hibridizasyon yoktur. Hekzaploid buğday varyetelerinden DNA'nın southern blot analizi genellikle *Glu-A1x*, *Glu-A1y*, *Glu-B1x*, *Glu-B1y*, *Glu-D1x* ve *Glu-D1y*'den sorumlu fragmentlerin varlığını göstermektedir, ancak bazı restriksiyon enzimleri kodlayan dizi içerisinden kesebildiklerinden dolayı altı fragmentten daha fazla fragmentte görülebilmektedir [42, 269]. Bireysel fragmentler, nullisomik-tetrasomik ve ditelosomik hatların analiziyle grup 1 kromozomların uzun kolları üzerinde tayin edilebilir ve klonlanan genomik fragmentlerin restriksiyon kesiminden türetilenler ile bunların büyüklüklerinin karşılaştırılmasıyla bireysel x- ve y-tip proteinler ayrılabilir (Şekil 1.19). HMW alt ünite genleri genel olarak tek kopya halinde görülür. Ancak, D'Ovido *et al.,* [270], 1Bx7 genini kodlayan *Glu-B1x* geninin Red River 68 kültüvarında duplike olduğunu rapor etmişlerdir. Bu durum alt ünite proteinlerinin miktarının artmasına va aşırı sert hamur özelliklerine neden olmaktadır [46, 270].

Genelde, tüm hekzaploid ekmeklik buğday varyeteleri 6 HMW alt ünite geni içerir, ancak enterasan bir şekilde bunların 3, 4 veya 5 tanesi eksprese olur [205, 271]. Bununla birlikte, Margiotta *et al.,* [271] 1D kromozomundan sorumlu fragmente sahip olmayan mutant bir varyete (Nap Hal) olduğunu göstermişlerdir. Alışılmadık şekilde büyük *1Dx* veya *1Dy* alt üniteleri içeren bazı ekmeklik buğday hatları büyük hibridizasyon fragmentleri şeklinde görülür. Bu da fragment büyüklüğündeki farklılıktan dolayı HMW alt ünitelerinin merkez konumundaki tekrarlı DNA dizilerinin tekrar derecesinde farklılığa yol açabildiğini gösterir. D'Ovido *et al.,* [272], 187 amino asitlik bir insersiyon içeren yüksek moleküler ağırlıklı *1Dx2.2**'ın tekrar domainini göstermişler ve bu genden elde edilen PZR ürünleri ile *1Dx2* kodlayan genden elde

edilenleri kıyasladıklarında bant büyüklüklerinin farklı olduğunu göstermişlerdir. *Glu-1* bölgesinde polimorfizm çeşitleri tanımlamada ve Reddy ve Appels [273]'ın tanımladığı gibi yetiştirme programlarında allellerin takibinde kullanılabilir.



Şekil 1.19 Ekmeklik buğday *Cheyenne* çeşidinin SDS-PAGE'de HMW alt ünite proteinlerinin dağılımı ve Sothern blot ile *Glu-1* genlerinin belirlenmesi [211]

1.5.2 *Gli-2* lokusu

α-tip gliadinleri kodlayan *Gli-2* bölgesi grup 6 kromozomlar üzerinde bulunur. *Gli-2* gen familyası içerisinde yoğun bir şekilde çapraz hibridizasyon olmasına rağmen α-tip gliadinler ve diğer prolaminleri kodlayan diziler arasında çapraz hibridizasyon rapor edilmemiştir.

Harberd *et al.,* [274] *Chinese Spring*'in HindIII ile kesimi sonucu 12 banda kadar α-gliadin cDNA hibridizasyonu oluşabildiğini rapor etmişlerdir. Bu durumda, her bir haploid genomda toplamda 25-30 kopya bulunduğu için, her bir genin 1 ila 5 kopya içerebileceği tahmininde bulunulabilir. Nullisomik-tetrasomik hatlar kullanıldığında tüm bantlar grup 6 kromozomlarda (6A, 6B, 6D) görülebilir.

Bunun aksine, her bir haploid genomda, Okita *et al.,* [203] yaptığı çalışmada 100'den fazla, Anderson ve Greene [275] yaptığı çalışmada ise 150'den fazla kopya sayılı üyeler de rapor edilmiştir.

Bu ve benzeri çalışmalara dayanarak α-gliadin genlerinin hesaplanan sayısı pseudogenlerden dolayı, iki boyutlu jel elektroforezinden elde edilen α-tip gliadinlerin toplam sayısından fazladır. Gerçekte, Anderson ve Greene [275], pseudogenlerden sorumlu olduğu gösterilmiş olan, dur kodonu içeren genomik α-gliadin gen dizilerinin bir kısmını yayınlamışlardır. Gluteninlerin C-tip LMW alt ünitelerinden sorumlu olduğu bildirilen α-tip gliadin dizilerinde ekstra sistein kalıntılerinin varlığı ekmeklik [203] ve makarnalık [276] buğdaylarda rapor edilmiştir.

Vaccino ve Metakovsky [277] *Gli-2* bölgesindeki polimorfizmi çalışmak için α-tip gliadinleri kodlayan cDNA probları kullanmıştır. Bu prob ayrı *Gli-A2* allellerini tanımakta ancak *Gli-B2* ve *Gli-D2* allellerini tanımamaktadır. Benzer şekilde D'Ovido *et al.,* [278] da *Aegilops* ve *Triticum*'un diploid, tetraploid ve hekzaploid türlerinde *Gli-2* bölgesindeki polimorfizmi çalışmak için makarnalık buğdaydan α-gliadin dizilerini kullanmışlardır.

1.5.3 *Gli-1/Glu-3* Lokusu

LMW alt ünitelerinin D gruplarını içeren γ- ve ω- gliadinleri kodlayan gen ailelerinin analizleri bu dizileri kodlayan dizilerin çapraz hibridizasyona sahip olmasından dolayı zordur. γ-gliadin dizileri ile yapılan çalışmalar γ- ve ω- gliadinlerin fragmentlerini tanımlamayı mümkün kılmıştır. Sabelli ve Shewry [279], bu problemi ortadan kaldırmak için, γ-gliadin cDNA'ları ile C hordein cDNA'sı (γ- ve ω-gliadinlerin her ikisi ile de hibridizasyona sahip) ve γ-gliadin cDNA'larının (γ-tip gliadinler için spesifik olan) 3' kısımlarından elde edilen hibridizasyon desenlerini karşılaştırmışlardır. Bu problar ile elde edilen hibridizasyon desenlerinin karşılaştırması bundan başka hesaplanan γ- + ω-tip ile γ-tip genlerden ω-tip genler çıkarılarak kopya sayılarının bulunmasına olanak verir.

Vaccino ve Metakovsky [277] tarafından ekmeklik buğdayın değişik varyetelerinin DNA restriksiyon fragment desenleri karşılaştırıldığında γ- ve ω-gliadinler arasında bir fark görülmemiştir. γ-gliadinlerde bazı sessiz genlerin varlığı Rafalski [280] tarafından gösterilmiştir. Bu araştırmacı, bir eksprese olan ve bir de sessiz gen kodlayan genomik

fragment izole etmiştir. Bu, Vaccino ve Metakovsky [277]'nin sonuçları ile doğrulanmıştır. Benzer şekilde Hsia ve Anderson [155] ω-gliadin kodlayan iki gen izole etmişlerdir. Bunlardan biri dur kodonu içerirken diğeri pseudogen olarak kabul edilmektedir.

Sabelli ve Shewry [279] gluteninlerin B-tip alt ünitelerini kodlayan *Glu-3* bölgelerinin analizi için yukarıda tartışılan uygulamalara benzer bir uygulama gerçekleştirmiştir. Bu araştırmacılar, Cassidiy *et al.,* [208]'nın da belirttiği gibi, LMW alt ünite genlerinin tümü aynı seviyede yoğunlukta hibridize olmadıkları için, çalışmalarında γ- ve ω-gliadinlere hibridize olmayan prob kullanmışlardır. Restriksiyon enzimlerine bağlı olarak *Chinese Spring* çeşidinde tamamı grup 1 kromozomları üzerinde bulunan 22-39 arasında gen kopyası tahmin edilmektedir.

Cassidy *et al.,*[208], B-tip LMW alt ünitesinin elde bulunan dizilerini (toplamda 17 tane) gözden geçirmişler ancak herhangi bir pseudogen tanımlayamamışlardır.

1.5.4 *Gli-1/Glu-3* lokusundaki null mutantların analizi

Elektroforez ile germplasm koleksiyonlarının taranması sonucu spesifik ω- ve γ-gliadin proteinlerine sahip olmadığı bariz olan bir makarnalık buğday ile dört ekmeklik buğday tanımlanmıştır [239, 281]. γ-gliadin cDNA probları ile Southern blot kullanılarak yapılan analizlerde (γ- ve ω-tip gliadinlerin hibridize olması beklenir), durum buğdayının 1B kromozomundan veya ekmeklik buğdayın 1D kromozomundan yoksun olan birkaç hibridizasyon fragmenti tanımlanmıştır [281]. Ek olarak, null hatlarda olmayan LMW alt ünite probları için hibridize olan fragmentler, γ-, ω-gliadinler ve LMW alt ünitelerinde görülen kodlayan genlerin eş zamanlı delesyonlarını işaret etmektedir.

1.6 Gluten Protein Genlerinin İzolasyon, Karakterizasyon ve Ekspresyonu

1.6.1 Yüksek moleküler ağırlıklı alt ünite genlerinin yapı ve evrimi

İlk HMW glutenin alt ünite sekansı Forde *et al.,* [282] tarafından 1983 yılında izole edilen kısmi cDNA'lardır. İlk tam uzunluk HMW alt ünite gen dizisi 1985 yılında rapor edilmiştir. Bunlar arasında *Cheyenne* çeşidinden sessiz *Glu-A1y* geni [205], *Tamhill* çeşidinden *Glu-D1x* geni [283] ve *Chinese Spring*'den 1Dy12 alt ünitesini kodlayan *Glu-D1y* geni [284] vardır. *Cheyenne* çeşidinde HMW glutenin alt ünite genlerinin

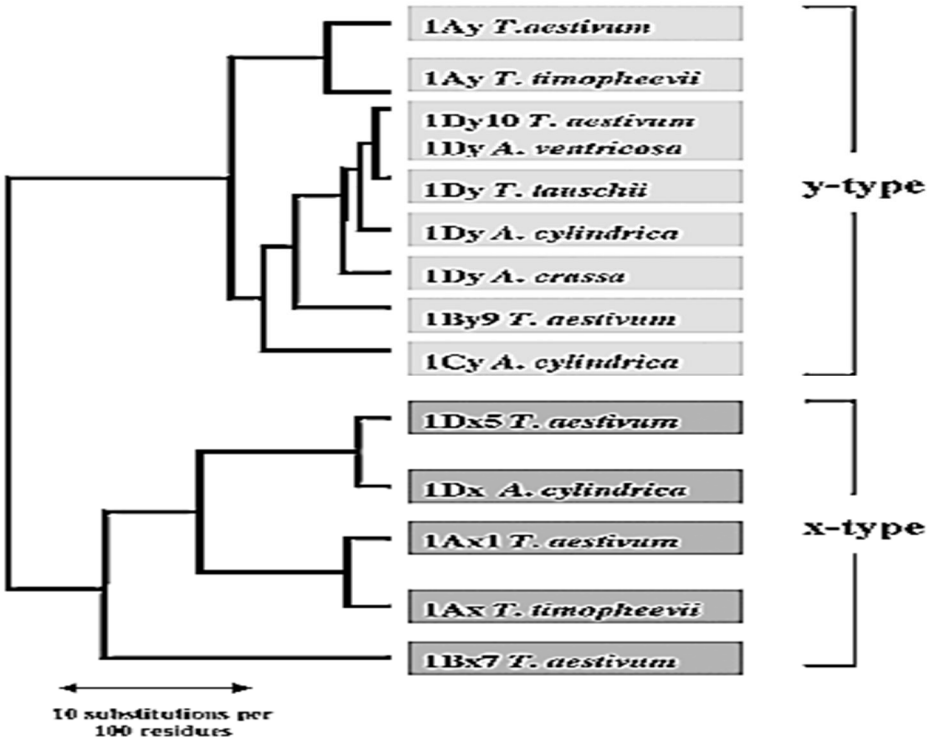
diğerleri daha sonra izole edilmiş ve sekanslanmıştır. Bunlar arasında HMW alt ünite 1Ax2* kodlayan *Glu-A1x* [207], 1Bx7 HMW alt ünitesini kodlayan *Glu-B1x* [207], 1By9 alt ünitesini kodlayan *Glu-B1y* [206], 1Dx5 alt ünitesini kodlayan *Glu-D1x* [285] ve 1Dy10 alt ünitesini kodlayan *Glu-D1y* [339] vardır. Hope çeşidinde 1Ax1 alt ünitesini kodlayan *Glu-A1x* geni [35] ve iki sessiz *Glu-A1x* allellerinin [52, 286] dizileri de rapor edilmiştir.

T. timopheevii'den *Glu-A1x* ve *Glu-A1y* genlerinin [287], *A. cilindrica*'dan *Glu-C1y* ve sessiz *Glu-D1x* alleli [287], *T. tauschii* [288] ve *A. cilindrica*'dan [287] *Glu-D1y* geni ve *A. crassa*'dan sessiz bir *Glu-D1y* allelinin tam sekans uzunluğu elde edilmiştir. Bazı durumlarda x-tip genler *Glu-X1x* yerine *Glu-X1-1* ve y-tip genler de *Glu-X1-2* olarak belirtilebilmektedirler.

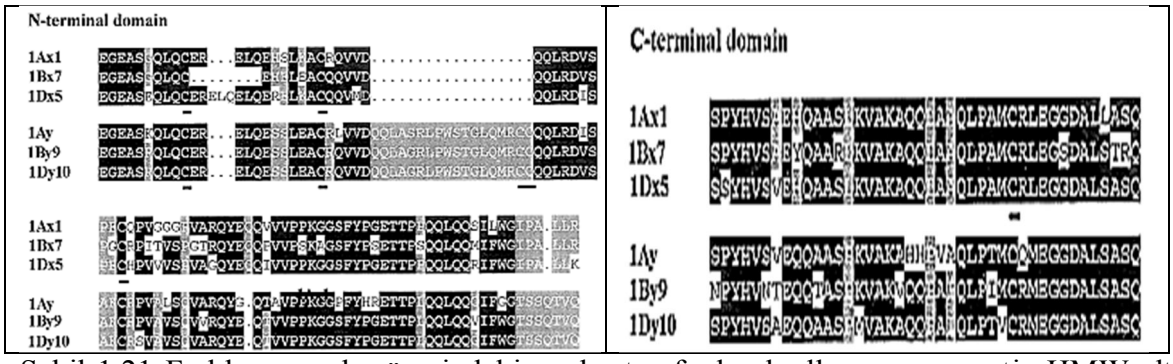
Buğday tanelerinin işleme özellikleri için HMW alt ünitelerinin önemine rağmen tam uzunluk gen dizileri sadece bu rapor edilenlerle sınırlıdır. HMW alt ünite transkriptlerinin uzunluğu (tipik olarak 2 kb'den daha büyük) ve bunların tekrarlı doğasından dolayı bunların tam uzunluk cDNA'larını elde etmek uzun kütüphane kurma ve bunları taramaya araştırmacılar gönülsüz olduğu için bitki moleküler biyolojisinin ilk yıllarında zor olmuştur. Polimeraz zincir reaksiyonuyla amplifiye ederek tam uzunluklu HMW alt ünite genlerinin ispatı, bunların uzun ve tekrarlı yapılarından dolayı zordur. Ancak mümkün olduğunca güvenilir ve sağlıklı polimerazlar kullanılarak bu zorluğun üstesinden gelinebilir [54, 287].

HMW alt ünite amino asit sekansları, proteinlerin özellikleri ve bunların gluten yapısındaki rolleri, proteinlerin ikincil ve daha yüksek seviyede yapılarında daha önceden verilmiş olan ilkin amino asit dizileri arasında bağ yapabilme yeteneğine sahip olan genlerden türetilir. Bu yöntemle iyi veya zayıf ekmek yapım kalitesi ile ilgili belirli HMW alt ünitelerinin varlığı veya yokluğunu belli eden spesifik kalıntıların tanımlanmasını mümkün kılmaktadır. Sekanslar genlerin nasıl evrimleştiği ve farklılaştığı konusuna ışık tutacak ve bunların promotorlarının karakterizasyonu için çalışmalara öncülük edecektir. HMW alt ünite genlerinin tümünde kodlanan proteinler, her birisi 21 amino asit sinyal peptidi ve daha yoğun tekrar domainleri ile sarılan kısa N ve C terminal domainleri içerir (Şekil 1.9). Farklı proteinlerin evrimsel ilişkilerini gösteren dendogram Şekil 1.20'de verilmiştir. Dendogramda, merkez domaininin yüksek oranda tekrarlı doğasından dolayı analizlerden çıkarılması ve sadece N ve C

terminal domain dizilerinin kullanılmasıyla elde edilmiştir. 1Ax1, 1Bx7, 1Dx5, 1Ay (sessiz) ve 1By9 HMW alt ünitelerinin N- ve C- terminal domain dizileri Şekil 1.21'da verilmiştir.



Şekil 1.20 Farklı buğday türlerinden ve farklı genomlar üzerindeki genler tarafından kodlanan HMW alt üniteleri arasındaki ilişkiyi gösteren dendogram [109].



Şekil 1.21 Farklı genomlar üzerindeki genler tarafından kodlanan x- ve y-tip HMW alt ünitelerinin N- ve C-terminal amino asit dizilerinin yerleşimi. X- ve y-tip alt ünitelerde korunmuş diziler koyu olarak, bazı çeşitlerde korunmuş olmasına rağmen bazılarında korunmuş olmayan diziler ise gri olarak işaretlenmiştir. Sisteinler bireysel çubuklar olarak gösterilmiştir [109].

Yapılan analizler [206, 211, 287] SDS-PAGE'de bunların mobilitelerine bağlı olarak x- ve y-tip olarak sınıflandırıldıklarını ve iki farklı alt sınıfta temsil edildiklerini doğrulamıştır. Modern buğday ve bunların akrabalarında HMW alt ünitelerinin farklılanmasına öncülük eden evrimsel proseslerde ilk adım, tek bir atasal genin (*Glu-X1*) sıkı bir şekilde bağlantılı iki gene (*Glu-X1x* ve *Glu-X1y*) duplikasyonudur. Bu kopyalar sonra farklanır ve bunları kodlayan proteinler (x- ve y-tip HMW alt üniteleri) modern kültür buğdayı ve bunların yabani akrabalarının nihai atasını veren spesifik olaylar görüldüğü zaman ayırt edilebilir. Sonuç olarak, *T. aestivum*, *T. tauschii*, *A. cylindrica* ve *A. crassa*'dan *Glu-A1*, *Glu-B1*, *Glu-C1* ve *Glu-D1* kodlayan y tip HMW alt üniteleri, aynı genomdaki genler tarafından kodlanan x tip HMW alt ünitelerinden daha fazla benzerliğe sahiptir (Şekil 1.20).

Ekmeklik buğdayın genomunun orjinini belirleme ve buğdayın yabani akrabalarının HMW alt ünitelerini karakterize etmeye dayalı analizler gerçekleştirilmiştir [287]. Ancak, ekmeklik buğdayın gen sekanslarına dayalı oligonükleotit primerleri kullanarak birçok farklı genomun HMW alt ünite genlerini PZR kullanarak amplifiye etmek mümkün olmayabilir [276, 287]. Örneğin, *T. timopheevii*'nin *Glu-G1x* ve *Glu-G1y* genlerinin ve *A. cylindrica*'nın *Glu-C1x* genlerinin, çeşitli kombinasyonlarda primerler kullanılarak amplifikasyon girişimi başarısız olmuştur [287].

y-tip HMW glutenin alt üniteleri C-terminal domainde bir ve N-terminal domainde beş sistein kalıntısü içerir. X-tip alt ünite iki sistein kalıntısü içeren N-terminal domainde kısmi amino asit delesyonlu 18 amino asit içerir. Ancak, 1Dx5 alt ünitesi daima, 1Dx2 allelik form da dâhil diğer hiçbir alt ünitede bulunmayan tekrar domaininin N-terminal ucunda bulunan bir sistein kalıntısü içerir. HMW alt ünite proteinlerinde sistein kalıntılerinin sayısı ve dağılımı arazincir disülfit bağlarıyla stabilize edilen yüksek moleküler ağırlık polimer formlarının oluşumundan sorumludurlar [153].

Farklı HMW alt üniteleri arasındaki büyüklük farklılığını, merkezi tekrar domainlerindeki tekrar bloklarının insersiyonu ve duplikasyonu büyük oranda artırmaktadır. X-tip alt ünitede, tekrar domaini üç tip tekrardan oluşur: Pro-Gly-Gln-Gly-Gln-Gln konsensüs dizili hekzapeptit tekrarı; Gly-Gln-Gln konsensüs dizili üç tripeptit ve bir hekzapeptit içeren 9 amino asit tekrarı ve bir hekzapeptide ek olarak Gly-Tyr-Tyr-Pro-Thr-Ser-Pro-Gln-Gln konsensüs dizili bir nonapeptit içeren 15 amino asit tekrarı [206, 211]. Y-tip alt ünite tekrar domaini yalnızca hekzapeptit,

hekzapeptit/nonapeptit ve 7 pozisyonunda yaygın bir şekilde prolin bulunan nonapeptit lösin tekrarlarından oluşur [211]. X- ve y-tip HMW alt ünitelerinin her ikisinin de tekrar domainlerinin N-terminal ucunda diğer tekrarlara benzeyen fakat aynı yapıda olmayan 23 amino asit kalıntısü vardır ve tekrar domaininin C-terminal ucunda tek bir trunkat hekzapeptit/nonapeptit tekrarı vardır.

1.6.2 Gen Ekspresyonu

Ekmeklik buğday 6 farklı HMW-GS içerebilir ancak bu genlerin bazıları "sessiz" olarak kabul edilir, birçok yaygın buğday kültüvarı 3 ila 5 HMW-GS'ye sahiptir (durum buğdayında 1 ila 3 alt ünite). Bu şekilde, bazı çeşitler sadece 1By alt ünitesi ve 1Ax alt ünitesi içeriyorken, tüm hekzaploid buğdaylar en az 1Bx, 1Dx ve 1Dy alt ünitelerini içerir. Bu demek oluyor ki 1Ay alt ünitesini kodlayan gen daima sessiz durumdadır. Bununla birlikte 1Ay alt ünitesi, *T. monococcum ve T. urartu* [187] diploid türlerinde A genomunda rapor edilmiştir ve son zamanlardaki çalışmalarda, 6 HMW-GS'ye sahip ekmeklik buğdaylarda rapor edilmiştir [189, 290]. Yoğun elektroforetik analizler heksaploit ve tetraploid buğdayların her ikisinde de belirli alt üniteleri olmayan genotiplerin varlığını göstermiştir [253]. Ekmeklik buğdayda kromozom 1D tarafından kontrol edilen alt üniteden yoksun mutantlar ilk kez Bietz *at al.,* [183] tarafından Nepal yerel çeşitlerinde rapor edilmiştir. Diğer taraftan 4 ve 6 HMW-GS'ye sahip ekmeklik ve durum buğdaylarının üretimi, sırasıyla, x-tip ve y-tip alt ünitelerin ekspresyonunu yapan allelik formlar ile *Glu-A1* lokusundaki sessiz genlerin yerlerinin değiştirilmesi ile başarılmıştır. Polimerik proteinlerin miktarındaki artış ve daha iyi un yapma gösterilmiştir [291-293].

Genel olarak, aynı lokusun alleleri karşılaştırıldığı zaman bireysel alt ünitelerin sentezlenmesinin miktarında çok az varyasyon vardır. Ancak, İsrail (hat TAA36), Kanada (Glenlea, Roblin ve Bluesky benzeri buğday çeşitleri) ve Amerika (Kırmızı Nehir 68 kültüvarı)'dan genotipler diğer HMW-GS'ler ile karşılaştırıldığı zaman 1Bx7alt ünitesi aşırı ifade edilmektedir [46, 47, 270]. İsrail landrace TAA36 benzer sonuçlar göstermektedir. Diğer taraftan, Glenlea'dan alt ünite 7, tek bir gen düzeni tarafından kodlanmaktadır [46]. Bu durumda, daha etkili bir transkripsiyon veya daha verimli bir translasyon aşırı ifadenin muhtemel bir nedenidir.

1.7 Gluten Proteinler ve Tane Kalitesi

1.7.1 Gliadinler

Gluten proteinlerin elektroforetik dağılımı, özellikle segregasyon populasyonları, rekombinant yetiştirme hatları, biyotipler, çeşitler arası kromozom değişim hatları, yakın izogenik hatlar ve duble haploit hatlar gibi genetik materyallerin gelişimi ve kullanımı ile kombine edildiği zaman fonksiyonel özellikler ile ilişkili olan spesifik komponentlerin varlığı veya yokluğunu tespit etmeye olanak sağlar.

Sozinov ve Poperelya [241, 294], ekmek yapım kalitesindeki farklılıklarla ilişkili olan *Gli-1* ve *Gli-2* bölgesindeki allelik varyasyonu göstermek için birçok farklı çaprazdan elde edilen projenileri analiz etmiş ve gliadin komponentlerinin farklı bloklarının sıralanma düzenini göstermiştir.

Ekmek yapma performansındaki varyasyon bakımından farklı gliadin komponentlerinin katkısı Pogna *et al.,* [295], Wrigley et al., [296], Branlard ve Darvedet [297] ve Metakovsky *et al.,* [298, 299] tarafından da çalışılmış ve *Gli-2* bölgesi ile karşılaştırıldığında ekmek yapma özelliklerini etkilemede *Gli-1* bölgesinde bulunan allelik varyasyonların daha etkili olduğunu belirtmişlerdir. Unun gluten içeriği ve ekmek yapma kalitesi arasındaki ilişkiyi gösteren çalışmaların çoğu SDS sedimentasyon testi ile gerçekleştirilmiştir. Dolaylı bir test olan SDS sedimentasyon testinde iyi ekmek olma performansı, un laktik asit ve SDS içeren suda çözüldüğünde büyük bir tortu formu oluşturmaktadır.

Moonen *et al.,* [300] ve Payne *et al.,* [301], özellikle büyük ve daha az çözünür olan gluten polimerlerinden oluştuğu zaman, büyük sedimentasyon hacimlerinin yoğun jel formu ile sonuçlandığını göstermişlerdir. Bu sonuçlar bir çok tartışmayı beraberinde getirmiş ancak yapılan genetik çalışmalar bu sonuçları desteklemiştir [259, 302]. Öyleki en üstün kalite, *Glu-3* bölgesi üzerinde LMW alt ünitelerini kodlayan genlerle bağlantı sonucu olan *Gli-1* bölgesindeki gliadinlerle ilişkilidir.

Benzer şekilde, hamur sıkılığı, grup 6 kromozomları üzerindeki genler tarafından kodlanan gliadin komponentleri ile yakın ilişkili oldukları rapor edilen C tip LMW glutenin alt üniteleri ile birlikte ilişkili olan belirli *Gli-2* allellerinin varlığı ile ilişkilidir [265, 298, 303].

1.7.2 Gluten alt üniteleri

Ekmek yapma kalitesindeki genetik varyasyon için en büyük destekçisi olarak HMW glutenin alt ünitelerindeki allelik varyasyonların tespitinde 1970'lerin sonlarında Payne *et al.,* [124] tarafından başlatılan bir seri çalışma öncülük etmiştir.

Payne *et al.,* [40], SDS sedimentasyon testlerinden elde edilen verilere dayanarak ekmek olma özellikleri ile çelişen ve farklı HMW alt üniteleri ile hatlar arasında çeşitli çaprazlamalar yaparak elde edilen tesadüfi projenileri çalışmışlardır. Örneğin *Glu-1* lokusu tarafından kodlana 1Dx5+1Dy10 ve 1Dx2+1Dy12 HMW alt ünitelerinin allelik parçaları sırasıyla iyi ve kötü ekmek olma özellikleri ile ilişkilendirilmiştir. Benzer şekilde, *Glu-B1* ve *Glu-A1* bölgeleri tarafından kodlanan allelik alt ünitelerin farklı olan etkileri de gösterilmiştir. Farklı ülkelerde yetiştirilen varyetelerin analizleri ekmek yapma özelliklerini belirlemede üç *Glu-1* bölgesi üzerindeki allelik farklılığın rolünü önemli ölçüde doğrulamıştır [304].

1980'lerin ortalarında yoğun genetik ve biyokimyasal çalışmalar, gluten polimerlerinin miktar ve büyüklük dağılımına tesir ederek ekmek yapma özelliklerini sıkı bir şekilde etkileyen HMW glutenin alt ünitelerinin sayı ve çeşitlerindeki farklılık olduğunu açık bir şekilde ortaya koymuştur.

Halford *et al.,* [35] 22 ekmeklik buğday çeşitlerinden total protein ekstraksiyonu yaparak kantitatif analizler gerçekleştirmişler ve null allelle karşılaştırıldığında 1Ax1 ve 1Ax2* allellerinin varlığında, toplam HMW alt ünitelerinin oranı yaklaşık %8-10 arttığını göstermişlerdir. Bu sonuçlar, 1Ax1 ve 1Ax2* HMW alt ünitelerinin varlığının büyük gluten polimerlerinin miktarında artışa neden olmasından dolayı iyi ekmek olma kalitesini artırdığını savunan araştırmacılara dayanak teşkil etmiştir. Popineau *et al.,* [305], ekmeklik buğday çeşidi Sicco'da geliştirilen yakın-izojenik hatlar kullanmış ve *Glu-A1* ve *Glu-D1* bölgeleri ile ilişkili HMW alt ünitelerinin eliminasyonunun geniş çaplı gluten polimerlerinin miktarında şiddetli bir düşüşe neden olduğunu ve bunun da gluten vizkoelastisitesinde düşüne neden olduğunu büyüklük ayırma kromotografisi (SE-HPLC) kullanarak göstermişlerdir. Sicco'da normal olarak bulunan 1Dx5+1Dy10 parçalarının 1Dx2+1Dy12 ile yer değiştirmesi gluten polimerlerinin kütle dağılımını ve vizkoelastisitesini olumsuz etkilemektedir. Benzer sonuçlar Gupta ve MacRitchie [306] tarafından da elde edilmiştir. Bu araştırmacılar doğal rekombinant hatlar ve *Glu-D1*

(1Dx5+1Dy10 ve 1Dx2+1Dy12) veya *Glu-B1* (1Bx17+1By18 ve 1Bx20+1By20) allelik kompozisyonunda farklılık bulunan biyotipler kullanmışlar ve 1Bx17+1By18 ve 1Dx5+1Dy10 allelik parçalarının büyük kütleli gluten polimerlerinin fazla miktarda üretilmesi ile ilişkili olduğunu göstermişlerdir. Test edilen allelik kombinasyonların parçaları arasında kantitatif bir farklılığın olmadığı bulunmuştur. Ancak, 1Bx17 alt ünitesi 4, 1Bx20 alt ünitesi ise 2 sistein kalıntısı içeriyorken 1Bx2 alt ünitesi ile karşılaştırıldığında 1Dx5 alt ünitesi ek sistein kalıntılarına sahiptir. Bu farklılığın gluten polimerlerinin kütle dağılımını belirlemede kritik öneme sahip olduğu varsayılmaktadır [306-308].

Daha sonraları ekmek olma özelliklerini etkilemede HMW alt ünitelerinin katkılarının detaylı çalışmalarında double haploit hatlar kullanılmaya başlanmıştır [309-312]. Killermann ve Zimmermann [310] *Glu-1* ve *Glu-3* bölgelerinde ilişkili glutenin alt ünitelerinde farklılanan dört double haploit populasyon kullanmış ve materyallerin genetik geçmişlerine sıkı bir şekilde bağlı olan farklı allellerin etkisini göstermişlerdir. Gerçekte, *Glu-A1* lokusunda alt ünite 1 ile null allellerin karşılaştırılmasında yalnızca bir populasyonda önemli derecede pozitif etki görülmüşken, 1Dx2+1Dy12 ye karşı 1Dx5+1Dy10 ve 1Bx6+1By8 ye karşı 1Bx7+1By9 allelik parçaları karşılaştırıldığında 1Dx5+1Dy10 ve 1Bx7+1By9 sürekli olarak daha üstün etki göstermiştir.

LMW alt üniteleri için yeni ayırma tekniklerinin geliştirilmesi hamur sıkılığı ve esneyebilirliği üzerine bunların etkilerini anlamada ekmeklik buğdayın *Glu-3* bölgesindeki allelik varyasyonların kapsamlı analizlerini yapabilmek için kritik öneme sahiptir [48, 132, 312-317].

HMW alt ünitelerinde olduğu gibi, LMW glutenin alt ünite kompozisyonları ve ekmek olma özellikleri arasındaki ilişkiyi kurmada belirli genetik stokların geliştirilmesi ve akılcı kullanımı çok büyük öneme sahiptir. Payne *et al.,* [301] ekmek yapma özellikleri bakımından bireysel gluten proteinleri ile ilgili rastgele hatlar kullanmanın bazı dezavantajlara sahip olduğunu vurgulamıştır. Bunlardan en önemlisi, iki ebeveynin çaprazı oldukça büyük genetik varyasyon oluşturacak ve bunların birçoğunun değerlendirilmeye ihtiyacı olacaktır. Bundan kurtulmak için bu araştırmacılar, türler arası kromozom değişim hattı CS (Hope 1A çeşidi) ile *Chinese Spring* çeşidini çaprazlamışlar ve daha sonra bu kromozom 1A hariç *Chinese Spring* çeşidi için tanımlayıcı olan Hope çeşidinin 1A kromozomuyla yer değiştirmiştir. Bu özel

kombinasyon iki ata (*Chinese Spring* ve Hope çeşitleri)'nın *Glu-A1* (null; 1Ax1) ve *Glu-A3* (*Glu-A3a*; *Glu-A3e*) bölgelerindeki gluten kompozisyonlarındaki farklılıktan dolayı seçim olanağı sunmaktadır.

Gluten polimerlerine önemli derecede katkı sağlamalarına rağmen LMW alt ünitelerinin C- ve D- gruplarının kalite üzerine etkileri detaylı olarak çalışılmamıştır [318]. Araştırmacılar bu gliadinlerle ilişkili alt ünitelerin bir çoğunun moleküller arası disülfit bağlarına katılmaları olası olduğundan dolayı, bunların gelişen gluten polimerlerinin uzaması veya sonlanmasına neden olabileceğini belirtmektedirler [308, 319]. Gluten polimerlerinin ortalama moleküler ağırlıklarını düşürmesine bağlı olarak hamur sıkılığı üzerine negatif bir etki göstereceği beklenmektedir. Bu durum D-tip LMW glutenin alt ünitesinden kodlanan 1D kromozomunda kanıtlanmıştır [158, 159].

1.7.3 *Glu-1* ve *Glu-3* bölgeleri arasındaki interaksiyonlar

Glu-1 ve *Glu-3* bölgeleri arasındaki ilişki ekmek yapma kalitesini etkiler. Lorenzo *et al.,* [320] SDS sedimentasyonu üzerine bireysel *Glu-1* allellerinin etkisi diğer iki genom tarafından kodlanan *Glu-1* allelleri ile etkileşerek etkilediğini test etmiştir. Benzer şekilde Rousset *et al.,* [321] üç lokusun tümünde de farklı allelere sahip olan iki ekmeklik buğday çeşitleri arasındaki çaprazlamalardan elde edilen rekombinant inbred ırklardaki *Glu-1* lokusunun allelerinde eklemeli ve epistatik etkilerini göstermişlerdir. HMW ve LMW alt ünite lokusları arasındaki eklemeli ve epistatik etkiler de bildirilmiştir. Payne *et al.,* [301] *Chinese Spring* ve Hope 1A çeşitleri çaprazlarından elde edilen projenileri analiz etmiştir. Çoğu projenide iki üstün allelin eklemeli etkisi *Chinese Spring'*ten elde edilen *Glu-A3*'e karşı Hope'den elde edilen *Glu-A1*'in üstünlüğünü doğrulamaktadır.

Benzer şekilde Gupta ve MacRitchie [306] *Glu-1* ve *Glu-3* lokuslarındaki varyasyon için bir dizi rekombinant inbred ırkları analiz etmiş ve ekmek yapma özellikleri üzerine allelik varyasyonun etkilerini belirlemişlerdir. Bunlar, *Glu-1* ve *Glu-3* lokusları arasında veya farklı *Glu-1* lokusları arasındaki ilişkilerden eklemeli ve epistatik etkileri üzerine çıkardıkları sonuçlarda *Glu-1* skorunun yetersiz olduğunu rapor etmişlerdir [304]. Aynı şekilde Rodri'quez-Quijano ve Carillo [322] farklı ekmeklik buğday çeşitleri arasındaki *Glu-1* ve *Glu-3* lokusları arasındaki ilişkileri analiz etmiş ve gluten dayanıklılığı bakımından varyasyonlara önemli derecede katkı sağlamışlardır.

2. BÖLÜM

MATERYAL VE YÖNTEM

2.1 MATERYALLER

2.1.1 Bitki Materyalleri

Araştırmada kullanılan buğday materyalleri "Tarla Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsü ve Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü'nden temin edilmiştir. Standartların 9 tanesi daha önceki çalışmalarda kullanılan ıslah çeşitleridir. Standartların diğerleri uluslararası standart çeşitlerdir ve 1 tanesi (Chinese Spring) Bitlis Üniversitesi'nden, diğer 5 tanesi ise (Drago, Lobeiro, Svevo, Lira, Durambo) İtalya Tusci Üniversitesi'nden Prof. Dr. Domenico Lafiandra'dan temin edilmiştir. Çalışmalar Türkiye orjinli 116 adet yerel ekmeklik buğday çeşidi üzerinde gerçekleştirilmiştir.



Şekil 2.1. Çalışılan yerel materyalin bölgesel dağılımı (siyah ile boyanmış olan bölgelerden çeşitler ile çalışılmıştır).

2.1.2 Kullanılan Buğday Materyalleri

Tablo 2.1. Kullanılan Buğday Materyalleri

S. No	Gen Bankası Aksesyon Numarası	S. No	Gen Bankası Aksesyon Numarası	S. No	Gen Bankası Aksesyon Numarası
1	TR32650-5-Erzurum	**40**	TR45420-5-Hakkari	**79**	TR55127-6-Kütahya
2	TR32668-2-Erzurum	**41**	TR45422-2-Hakkari	**80**	TR55140-1-Kütahya
3	TR32780-2-Erzurum	**42**	TR14857-3-Gümüşhane	**81**	TR55144-1-Kütahya
4	TR32846-6-Erzurum	**43**	TR14861-5-Gümüşhane	**82**	TR55174-1-Kütahya
5	TR45370-2-Erzurum	**44**	TR44487-4-Gümüşhane	**83**	TR55201-4-Kütahya
6	TR48034-6-Erzurum	**45**	TR46873-4-Gümüşhane	**84**	TR55153-4-Eskişehir
7	TR32273-4-Van	**46**	TR44365-4-Samsun	**85**	TR55164-1-Eskişehir
8	TR39676-4-Van	**47**	TR44365-5-Samsun	**86**	TR55180-1-Eskişehir
9	TR45402-3-Van	**48**	TR44984-5-Samsun	**87**	TR57999-2-Eskişehir
10	TR45398-4-Van	**49**	TR44388-6-Tokat	**88**	TR57999-6-Eskişehir
11	TR47993-1-Van	**50**	TR44433-5-Tokat	**89**	TR37383 Çorum
12	TR32761-6-Kars	**51**	TR48373-1-Tokat	**90**	TR32034 Kayseri
13	TR32881-2-Kars	**52**	TR54988-1-Tokat	**91**	TR32218 Şırnak
14	TR39660-1-Kars	**53**	TR54989-4-Tokat	**92**	TR26233 İçel
15	TR45105-6-Kars	**54**	TR35147-4-Yozgat	**93**	TR26746 Bilecik
16	TR48025-3-Kars	**55**	TR45303-4-Yozgat	**94**	TR44365 Sakarya
17	TR33264-6-Edirne	**56**	TR45306-2-Yozgat	**95**	TR31678 Mardin
18	TR51937-1-Edirne	**57**	TR45306-5-Yozgat	**96**	TR45080 Adapazarı
19	TR51937-2-Edirne	**58**	TR45308-2-Yozgat	**97**	TR45094 Ankara
20	TR33500-4-Kırklareli	**59**	TR53862-5-Yozgat	**98**	TR46804 Hatay
21	TR33500-6-Kırklareli	**60**	TR46810-5-Adıyaman	**99**	TR45105 Artvin
22	TR38316-4-Kırklareli	**61**	TR46822-2-Adıyaman	**100**	TR47944 Çankırı
23	TR36948-1-Bolu	**62**	TR38888-6-Adıyaman	**101**	TR47961 Muş
24	TR46861-3-Bolu	**63**	TR50455-4-Adıyaman	**102**	TR48050 Erzincan
25	TR37492-1-K. Maraş	**64**	TR49018-1-Adıyaman	**103**	TR50443 Diyarbakır
26	TR37492-2-K. Maraş	**65**	TR46889-2-Sivas	**104**	TR52645 Balıkesir
27	TR37492-4-K. Maraş	**66**	TR45324-2-Sivas	**105**	TR52669 Bursa
28	TR32009-5-K. Maraş	**67**	TR48061-4-Sivas	**106**	TR52784 Muğla
29	393-5 Kahramanmaraş	**68**	TR53299-1-Sivas	**107**	TR52873 Manisa
30	TR31894-3-Malatya	**69**	TR53343-5-Sivas	**108**	TR51937 Kocaeli
31	TR31894-6-Malatya	**70**	TR55002-3-Sivas	**109**	TR55316 Adana
32	TR32014-5-Malatya	**71**	TR63316-4-Konya	**110**	TR55110 Antalya
33	TR37234-1-Kastamonu	**72**	TR35409-1-Konya	**111**	TR56099 Afyon
34	TR32125-3-Kastamonu	**73**	TR52021-6-Konya	**112**	TR62808 Isparta
35	TR32218-1-Siirt	**74**	TR52021-3-Konya	**113**	TR63322 Tunceli
36	TR32218-5-Siirt	**75**	TR35408-4-Konya	**114**	TR63329 Ardahan
37	TR32218-6-Siirt	**76**	TR52860-3-Denizli	**115**	TR63536 Nevşehir
38	TR32231-5-Hakkari	**77**	TR52860-6-Denizli	**116**	TR63538 Karaman
39	TR32231-6-Hakkari	**78**	TR52865-1-Denizli		

Tablo 2.2. Kullanılan Standart çeşitler

No	Standart çeşit	No	Standart çeşit	No	Standart çeşit
1	Chinese Spring (2+12, 7+8)	**6**	Duramba (2*, 13+16)	**11**	Mızrak (n, 7+9, 5+10)
2	Lira (20)	**7**	Ak 702 (2+12, 6+8)	**12**	Yakar (2*, 13+16, 5+10)
3	Lobeiro (1, 14+15)	**8**	Bezostaya 1 (2*, 7+9, 5+10)	**13**	Atay 85 (2*, 7, 5+10)
4	Drago (1, 6+8)	**9**	KateA1 (1, 7, 2+12)	**14**	Gerek 79 (7+8, 2+12)
5	Svevo (7+8)	**10**	Bayraktar (2*, 7+8, 5+10)	**15**	Tosunbey (1, 17+18, 5+10)

2.2 YÖNTEM

2.2.1 DNA Saflaştırma

Çimlendirilmiş buğday filizlerinden DNA izolasyonu için Doyle ve Doyle [323] ve tohumdan DNA izolasyonu için ise McCarthy'nin metodu [324] modifiye edilerek kullanılmıştır.

Tohumdan DNA izolasyonu için, 1 adet tohum alınarak havanda un haline getirilmiş ve bu un alınarak 1,7 ml ependorf tüpüne konmuştur. Üzerine 500 µl ekstraksiyon tamponu (7 M üre, %2 SDS ve 5 mM EDTA) eklenmiştir. Tüpler vortekslenerek karıştırıldıktan sonra üzerine eşit hacimde fenol:kloroform:izoamil alkol (25:24:1) eklenmiş ve tekrar vortekslenmiştir. Örnekler 8000xg de oda sıcaklığında 5 dakika santrifüj edilmiştir. Her bir tüpten 400 µl süpernatant alınarak yeni bir santrifüj tüpüne aktarılmış ve üzerine 0,3 hacim %95'lik etil alkol eklenmiştir. Numuneler ters-düz edilerek karıştırılmış ve 8000xg de 10 dakika santrifüj edilmiştir. Süpernatant tekrar yeni bir tüpe alınarak 3M sodyum asetattan 0,1 hacim, soğuk 2-propanolden 0,7 hacim eklenmiş, yavaşça ters-düz edilerek karıştırılmış ve +4 $^{\circ}$C'de 10000xg de 10 dakika santrifüj edilmiştir. Süpernatant atılarak pellet 1 ml %70 etil alkol içerisinde yıkanmış ve +4 $^{\circ}$C'de 10000xg de 10 dakika santrifüj edilmiştir. Pellet oda sıcaklığında kurutulduktan sonra DNA'lar kullanımdan önce 100 µl TE içerisinde çözülerek spektrofotometre aracılığıyla miktar tayini yapılmıştır. Agaroz jel elektroforezi yapılarak elde edilen DNA'lar görüntülenmiş ve kirlilik durumları gözden geçirilmiştir.

Çimlendirilmiş buğday filizlerinden DNA izolasyonu için, 50 mg taze doku 1,2 ml ekstraksiyon tamponunda (%2 W/V CTAB, 100 mM Tris-HCl pH 8.0, 1.4 M NaCl, 20 mM Na_2EDTA pH 8.0 ve %0.2 β-merkapto etanol) ezilmiş 62 °C'de 30-60 dakika ara sıra ters düz edilerek inkübe edilmiş, 800 µl kloroform:oktanol (24:1) eklenmiş ve 100 defa ters düz ederek nazikçe karıştırılmıştır. Örnekler 14000xg'de oda sıcaklığında 5 dakika santrifüj edilmiş ve süpernatant alınmıştır. Süpernatantın üzerine toplam hacmin 2/3'ü kadar soğuk izopropanol eklenmiştir. Örnekler -20 °C'de 30 dakika bekletilmiş ve tekrar 14000 xg'de 1 dakika santrifüj edilmiştir. Pellet alınarak üzerine 500 µl yıkama çözeltisi (%76 etil alkol, 10 mM amonyum asetat) eklenmiştir. Örnekler oda sıcaklığında 10 dakika bekletilmiş ve 14000 xg'de 1 dakika santrifüj edilmiştir. Pellet alınarak üzerine 300 µl TE (10 mM Tris, 0.1 mM EDTA, pH 7.4) eklenmiştir. Pellet oda sıcaklığında gece boyu veya 65 °C'de 1 saat bekletilmiş, pellet üzerine 10 µg/ml RNase ilave edilmiş ve 37 °C'de 30 dakika inkübe edilmiştir. Üzerine 200 µl TE, 15 µl amonyum asetat (10 M, pH 7.7) ve 2 hacim de soğuk etanol eklendikten sonra 20 dakika veya -20 °C'de gece boyu bekletilmiş, 14000 xg'de +4 °C'de 2 dakika santrifüj edilmiştir. Süpernatant uzaklaştırılarak pellet üzerine 100-200 µl TE ilave edilerek çözünmesi sağlanmıştır. Agaroz jel elektroforezi ile DNA'ların saflık durumları kontrol edilmiş, spektrofotometre ile konsantrasyonları belirlenmiş ve istenilen konsantrasyonlar ayarlanmıştır.

2.2.2 Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR) Analizleri ve Agaroz Jel Elektroforezi

PZR reaksiyonu; 50 nmol primer, 0,33 nmol dNTPs, 1-2U Taq DNA polimeraz, 1,5 µl 10X tampon, 1,5-2,5 mM $MgCl_2$, 30 ng kalıp DNA ve 10 µg/µl BSA içeren 15 µl reaksiyon karışımında gerçekleştirilmiştir. Bireysel PZR reaksiyon içerikleri, döngüleri ve yürütülen agaroz jel konsantrasyonları Tablo 2.5'te verilmiştir.

2.2.3 Glutenlerin Ekstraksiyonu

Gluten proteinlerin ekstraksiyonunda aşağıdaki protokoller ile optimizasyon çalışmaları yapılmış, üç nolu izolasyon ile en iyi sonuçlar alınmış ve çalışmalara da bu protokol ile devam edilmiştir.

2.2.3.1 Gluten izolasyonu yöntem I [48]

1. 1 adet tesadüfi tohum seçilmiş, bu tohum alüminyum folyaya sarılarak havan ve havaneli vasıtasıyla ezilerek un elde edilmiştir.
2. Elde edilen bu un temiz bir eppendorf tüpe alınmıştır.
3. Üzerine 1000 µl %70 etil alkol ilave edilip oda sıcaklığında 30 dakika bekletilmiştir. Bekleme süresi boyunca örnekler en az 2 defa vortekslenmiştir.
4. 13500 rpm de oda sıcaklığında 15 dakika santrifüj edilmiştir.
5. Pellet üzerine 1000 µl 0.5 M NaCl ilave edilip oda sıcaklığında 30 dakika bekletilmiştir. Bekleme süresi boyunca örnekler en az 2 defa vortekslenmiştir.
6. 13500 rpm de oda sıcaklığında 15 dakika santrifüj edilmiştir.
7. Pellet üzerine 1000 µl %85 izopropanol ilave edilip 65 °C'de 30 dakika inkübe edilmiştir. Bekleme süresi boyunca örnekler en az 2 defa vortekslenmiştir.
8. 13500 rpm de oda sıcaklığında 15 dakika santrifüj edilmiştir. (7 ve 8. aşamalar toplamda 3 kez tekrarlanmıştır).
9. Pellet üzerine 200 µl %50 izopropanol + %50 80 mM Tris-HCl pH 8.5 + 20 mM DTT ilave edilip 65 °C'de 30 dakika inkübe edilmiştir. Bekleme süresi boyunca örnekler en az 2 defa vortekslenmiştir.
10. Üzerine 200 µl %50 izopropanol + %50 80 mM Tris-HCl pH 8.5 + 40 mM 4-vinlpyridine %95 ilave edilip 65 °C'de 90 dakika inkübe edilmiştir. Bekleme süresi boyunca örnekler en az 6 defa vortekslenmiştir.
11. Üzerine 1000 µl %80 aseton eklenerek oda sıcaklığında 15 dakika bekletilmiştir. Bekleme süresi boyunca örnekler en az bir defa vortekslenmiştir.
12. 13500 rpm de oda sıcaklığında 15 dakika santrifüj edilmiştir.
13. Pellet üzerine 100 µl ekstraksiyon solüsyonu (%30 gliserol, %10 6M üre, %10 25 mM asetik asit, %50 %10 SDS, %0.1 brom fenol mavisi) eklenmiştir. Oda sıcaklığında 30 dakika bekletilmiştir.
14. 13500 rpm de oda sıcaklığında 15 dakika santrifüj edilmiştir.
15. Supernatant temiz bir eppendorf tüpüne alınarak glutenin proteinleri elde edilmiştir.

- DTT ve 4-vinlpyridine %95 kullanmadan hemen önce taze olarak hazırlanır.

2.2.3.2 Gluten izolasyonu yöntem II [325]

1. Yaklaşık 30 mg tohum un haline getirilmiştir.
2. 120 µl % 70 etil alkol eklenmiştir.
3. 30 dakika oda sıcaklığında bekletilmiş, ara sıra vortekslenmiştir.
4. 13000 rpm de 10 dakika santrifüj edilmiştir.
5. 500 µl % 55 izopropanol eklenmiştir.
6. 65 ^{0}C'de 30 dak inkübe edilmiştir.
7. 13000 rpm de 10 dakika santrifüj edilmiştir.
8. Supernatant uzaklaştırılır (supernatant gliadin ekstraksiyonu için kullanılabilir).
9. 500 µl % 55 izopropanol eklenmiştir.
10. 65 ^{0}C'de 30 dakika inkübe edilmiştir.
11. 13000 rpm de 10 dakika santrifüj edilmiştir.
12. Supernatant uzaklaştırılmıştır.
13. Pellet üzerine 100 µl ekstraksiyon tamponu eklenmiştir.

    %50 izopropanol
    80mM Tris-HCl pH 8.0
    %1 DTT
14. 65 ^{0}C'de 30 dakika inkübe edilmiştir.
15. 100 µl ekstraksiyon tamponu eklenmiştir.

    %50 izopropanol
    80 mM Tris-HCl pH 8.0
    % 1.4 4-vinylpyridine
16. 65 ^{0}C'de 30 dakika inkübe edilmiştir.
17. 13000 rpm de 15 dakika santrifüj edilmiştir.
18. Supernatant -20 ^{0}C'de muhafaza edilmiştir.

2.2.3.3 Gluten izolasyonu yöntem III [326]

1. Tohum ezilerek 30 mg un alınmış ve 2 ml'lik santrifüj tüpüne konulmuştur.
2. 400 µl %15 etil alkol eklenmiştir.
3. 65 °C'de 15 dakika inkübasyona bırakılmıştır.
4. 15 saniye vortekslenmiştir.
5. 65 °C'de 15 dakika inkübasyona bırakılmıştır.
6. 15 saniye vortekslenmiştir.

7. 2000 xg'de 10 dakika santrifüj edilmiş, süpernatant gliadin izolasyonunda pellet ise gluten izolasyonunda kullanılmıştır.
8. Pellet alınmıştır.
9. %50 1-propanol ile iki kez yıkanmıştır.
10. %1 DTT içeren 100 µl %50 1-propanol 80 mM Tris-HCl pH 8.0 eklenmiştir.
11. 65 °C'de 30 dakika inkübasyona bırakılmıştır.
12. Disülfit bağlarının reformasyonunu önlemek ve bant rezulosyonunu artırmak için protein alt üniteleri 65 °C'de %1.4 4-vinil piridin içeren 100 µl %50 1-propanol 80 mM Tris-HCl pH 8.0 eklenerek 15 dakika alkillenmiştir.
13. 2000 xg'de 10 dakika santrifüj edilmiştir.
14. Süpernatant temiz bir tüpe alınmıştır.
15. 200 µl örnek tamponu eklenmiştir.
16. 10 saniye vortekslenmiştir.
17. 65 °C'de 15 dakika inkübasyona bırakılmıştır.
18. Örnekler -20 °C'de saklanmıştır.

2.2.4 Elektroforez İşlemi

Gluten proteinlerinin elektroforez işleminde Li *et al.,* [327]'un yöntemi küçük modifikasyonlarla kullanılmıştır. Yüksek molekül ağırlıklı glutenin alt ünitelerindeki varyasyonun belirlenebilmesi için en uygun jel konsantrasyonunu tayin etmek amacıyla değişik akrilamid konsantrasyonunda jeller (%5, %8, %10, %12, %15, %17.5 ve %20) ile optimizasyon çalışmaları yapılmıştır. Gluten proteinleri 20 kuyucuklu tarağa 10 µl yüklenmiştir.

Yerel çeşitler ile birlikte 15 adet standart çeşit ve bir adet de protein standardı (Fermentas SM 0661) ile çalışılmıştır. Elektroforez işlemi Scie Plus marka cihazda jel başına 30-60 mA akım uygulanarak gerçekleştirilmiştir.

Yürütme işleminden sonra jeller boya solüsyonuna alınarak 12-14 saat boyamaya bırakılmıştır. Boya solüsyonundan alınan jeller 6-8 saat yıkama solüsyonunda bekletilmiş, bunun ardı sıra da 5 saat boyunca distile su içerisinde bekletilmiştir. Bu sürenin sonunda jel görüntüleme işlemi gerçekleştirilmiştir.

2.2.4.1 Ayırma Jeli

Tablo 2.3. SDS-PAGE'de kullanılan poliakrilamid jel içeriği

	Ayırma Jeli				Yükleme Jeli
Monomer komsantrasyonu	**% 8**	**% 10**	**% 12**	**% 20**	**% 4**
Akrilamid/Bis (%30 T, 2.67% C)	13.32	16.6	20.0	33.3	1.3
Distile Su	23.43	19.8	16.75	3.5	6.1
1.5M Tris-HCl, pH 8.8	12.5	12.5	12.5	12.5	-
0.5M Tris-HCl, pH 6.8	-	-	-	-	2.5
%10 (w/w) SDS	0.5	0.5	0.5	0.5	0.1
%10 APS	0.25	0.25	0.25	0.25	0.05
TEMED	0.05	0.05	0.05	0.05	0.01
Toplam Monomer (ml)	50	50	50	50	10

2.2.4.2 Koşturma Tamponu, pH 8.3 (1Litre)

14.4 g Glisin, 3.0 g Tris-HCl ve 1.0 g SDS tartılmış, bir miktar distile su içerisinde çözüldükten sonra hacim 1 litreye tamamlanmış ve pH 8.3'e ayarlandıktan sonra koşturma işleminde kullanılmıştır.

2.2.4.3 Stok Boya Solüsyonu (1L)

1.2 g Coomassi Brillant Blue R-250 (CBB-R 250) tartılarak bir miktar metanol içerisinde çözülmüş ve son hacim metanol ile 1 litreye tamamlanmıştır.

2.2.4.4 Boyama Solüsyonu (1 Jel İçin) (320 ml)

60 ml CBB-R 250 stok boya solüsyonundan alınarak üzerine 240 ml %10 TCA ve 20 ml Glasiyel Asetik Asit eklenerek hazırlanmıştır.

2.2.4.5 Yıkama Solüsyonu (1 Jel İçin) (300 ml)

100 ml metanol, 30 ml %10 TCA ve 170 ml distile su karıştırılarak hazırlanmıştır.

2.2.5 *Glu-1* Kalite Skorunun Hesaplanması

Yerel buğday çeşitlerinde *Glu-1* kalite skoru, Payne [37]'un metoduna göre bireysel HMW alt üniteleri ve kalite arasındaki ilişkiler SDS-PAGE'de alt ünitelerin dağılımı baz alınarak belirlenmiş ve Payne [37] ve Lukow *et al.,* [328]'un belirtmiş olduğu bireysel alt ünite kalite skorları kullanılarak skorlanmıştır.

Tablo 2.4. HMW Gluten Alt Ünitelerinin Kalite Skorları

Skor	Kromozom		
	1A	**1B**	**1D**
4	-	-	5+10
3	1, 2*	17+18, 7+8, 13+16	-
2	-	6, 7+9	2+12, 3+12
1	Null	7, 20, 6+8	4+12
?		14+15, 14+16, 8, 13, 13+15, 16, 17, 9	12, 12*,5

2.2.6 İstatistiksel Analizler

Yerel buğday çeşitlerinde *Glu-1* bölgesi (*Glu-A1, Glu-B1* ve *Glu-D1*) tarafından kodlanan allellerin frekans hesaplamasında Gupta *et al.,* [314]'un önerdiği şekilde, bireysel allellerin sayısının toplam çeşit sayısına oranının yüzdelik gösterimi ile elde edilmiştir.

Allelik kombinasyon frekansları, her bir allelik kombinasyonun toplam gözlenme sayısının toplam populasyon sayısına bölünmesi ile hesaplanmıştır.

İstatistiksel analizlerde POPGENE32, versiyon 1.31 paket programı kullanılmıştır. Genetik varyasyon analizleri, allel frekansları kullanılarak Nei [329]'ye göre yapılmıştır. Burada Na; allellerin gözlenme sayısı, Ne; allellerin etki sayısı [330], h; Nei gen çeşitliliğini ve I; Shannon bilgi indeksini [331] vermektedir. Polimorfizm yüzdesi "polimorfik allel sayısı/ toplam allel sayısı" bağlantısından faydalanılarak hesaplanmıştır.

Populasyonlarda Ewens-Watterson (EW) homozigotluk (veya nötralite) testi, nötral allellerin örnek dağılımından faydalanılarak Manly [332, 333]'e göre hesaplanmıştır. Gözlenen F değeri örnek homozigositesini vermektedir. Allel frekansları kullanılarak seleksiyonun etkisini belirlemek için bir metot sunmaktadır. EW testi gözlenen homozigosite istatistiği (Fgöz; allel frekanslarının kareleri toplamı olarak tanımlanır) kullanılır ve bunu beklenen değer ile karşılaştırır. Belirli bir örnek büyüklüğü (2n) ve allel sayısı (k) için Ewens [334] tarafından tanımlandığı gibi doğal evrim altında homozigosite (rastgele nötral mutasyon ve genetik sürüklenme) beklenmektedir.

Alt populasyonlarda genetik çeşitlilik analizleri Nei [335]'ye göre yapılmıştır. Burada Ht; ortalama genetik çeşitliliği, Hs; populasyonlar içerisinde genetik çeşitliliği, Gst; populasyonlar arsında genetik çeşitliliği ve Nm; populasyonlar arası gen akışının tahminini vermektedir.

Populasyonlar arası genetik benzerlik ve genetik mesafe analizleri Nei'nin orijinal ölçümüne göre [336] ve Nei'nin yansız ölçümüne göre [337] yapılmıştır.

Tüm dendogramlar Nei [336, 337]'ye göre çizilmiştir. Metot olarak UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmatic Mean) kullanılmıştır. Bu metot PHYLIP (Phylogeny Inference Package) 3.5'in prosedürüne göre NEIGHBOR'dan modifiye edilmiştir.

Tekil populasyonlarda bağlantı dengesizliği (LD) Weir [338]'e göre hesaplanmıştır. Bağlantı dengesizliği; yakın bağlı gen lokuslarındaki allellerin her biri için Hardy-Weinberg eşitliği ile hesaplanan frekanslardan hesaplanan sapmaya neden olan, gelişigüzel olmayan birlikteliklerdir. Bir organizmada a ve b gibi iki lokus varsa ve bu lokuslarda bulunan alleller a1, b1, a2 ve b2 ise bağlantı dengesizliği, f(x), x'in populasyon içerisinde görülme sıklığı olmak üzere "f(a1b1)*f(a1b2)-f(a1b2)*f(a2b1)" şeklinde hesaplanır. Bağlantı dengesizliği değeri -0.25 ile +0.25 arasında değişir. Sıfırdan sapma arttıkça bağlantı dengesizliği artmaktadır.

Alt populasyonlarda iki lokus analizleri Ohta [339]'ya göre yapılmıştır. $(DIS)^2$, $(DIT)^2$ ve $(D'ST)^2$ göç oranının fonksiyonunu veren üç parametredir [339]. Eğer bir koloni içerisindeki eşitsizlik toplam populasyona göre ölçülürse populasyon yapısındaki dengesizlik varyansı yüksek olacaktır [$(DST)^2$ ve $(D'IS)^2$]. Bu, tesadüfi genetik göç tarafından farklı kolonilerde yayılan kromozomların farklı tiplerinden dolayıdır ve göç, karışık kromozom çeşitleri arasında yetersizdir. Koloniler arasında yok olma- ortaya çıkma oranı hızlı ve koloni sayısı küçük olduğunda total populasyon dengesizlik varyansı $(D'ST)^2$ çok büyük olmamaktadır.

$(D'IS)^2 > (D'ST)^2$ ve $(DST)^2 > (DIS)^2$ genellikle göç sınırlı olduğu zaman elde edilmektedir [339].

$(D'IS)^2 < (D'ST)^2$ ve $(DST)^2 < (DIS)^2$ bağlantı dengesizliği epistatik doğal seleksiyon dolayıdır [340, 341].

$(D'IS)^2$ / $(D'ST)^2$ veya $(DST)^2$ / $(DIS)^2$ epistatik veya populasyon alt bölümlerinin faktörlerinin testi için bir ölçü olabilmektedir. Bunlar, gözlenen bağlantı dengesizliğinin temel nedenleridir.

$(DIS)^2$: Koloni içindeki dengesizliğin varyansı

$(DST)^2$: Total populasyon ile ilişkili bir koloninin A1 ve B1 gibi farklı gametlerinin korelasyon varyansı

$(DIT)^2$: Dengesizliğin toplam varyansı

$(D'IS)^2$: Populasyonun ortalama gametleri ile ilişkili bir koloninin bir gametinin A1 ve B1'lerinin korelasyonlarının varyansı

$(D'ST)^2$: Tüm populasyonun sıradan dengesizliğinin varyansı

$(DIT)^2 = (D'IS)^2 + (D'ST)^2$

$(DIT)^2 \neq (DIS)^2 + (DST)^2$

Çoklu lokus analizleri Brown *et al.,* [342]'a göre yapılmıştır. Bu analiz populasyonlarda gözlenen heterozigotluk oranlarını ve dağılım normalitesini vermektedir.

Alt ünitelerin populasyonlarda karşılaştırmalı analizleri, populasyonlarda her bir alt ünitenin gözlenen ve beklenen değerlerinin analizleri ile gerçekleştirilmiştir.

Tablo 2.5. PCR'da kullanılan Primerler ve reaksiyon koşulları

	Alleller	Dizi	Bant büyüklüğü	Reaksiyon kar. (15 µl)	Reaksiyon koşulları
P1	Dx2, Dx5 [51, 53, 285, 343, 344]	F: GCCTAGCAACCTTCACAATC R: GAAACCTGCTGCGGACAAG	450 bp	Primer:50 nmol dNTPs: 0,33 nmol Taq: 2u Tampon: 1,5 µl $MgCl_2$: 2,5 mM DNA: 30 ng BSA: 10 µg/µl	95 ^{0}C'de 5 dak. 94 ^{0}C'de 1 dak 57 ^{0}C'de 1 dak } X 35 72 ^{0}C'de 2 dak 72 ^{0}C'de 10 dak
P2	Dy10, Dy12 [51, 344]	F: GTTGGCCGGTCGGCTGCCATG R: TGGAGAAGTTGGATAGTACC	576 612	Primer:50 nmol dNTPs: 0,33 nmol Taq: 2u Tampon: 1,5 µl $MgCl_2$: 2,5 mM DNA: 30 ng BSA: 10 µg/µl	95 ^{0}C'de 5 dak. 94 ^{0}C'de 1 dak 54 ^{0}C'de 1 dak } X35 72 ^{0}C'de 3 dak 72 ^{0}C'de 10 dak
P3	By18*, By20*, By8, By8*, By9, By16 [62, 345]	F:GCAGTACCCAGCTTCTCAA R:CCTTGTCTTGTTTGTTGCC	290-400	Primer:50 nmol dNTPs: 0,33 nmol Taq: 2u Tampon: 1,5 µl $MgCl_2$: 2,5 mM DNA: 30 ng BSA: 10 µg/µl	95 ^{0}C'de 5 dak. 94 ^{0}C'de 1 dak 56,5 ^{0}C'de 1 dak } X35 72 ^{0}C'de 2 dak 72 ^{0}C'de 10 dak
P4	*Axnull* [344, 345]	F: ACGTTCCCCTACAGGTACTA R:TATCACTGGCTAGCCGACAA	920	Primer:50 nmol dNTPs: 0,33 nmol Taq: 2u Tampon: 1,5 µl $MgCl_2$: 2,5 mM DNA: 30 ng BSA: 10 µg/µl	95 ^{0}C'de 5 dak. 94 ^{0}C'de 1 dak 57,3 ^{0}C'de 1 dak 30 sn } X35 72 ^{0}C'de 2 dak 72 ^{0}C'de 10 dak
P5	*Ax1* + *Ax2** [344, 345]	F:CCATCGAAATGGCTAAGCGG R:GTCCAGAAGTTGGGAAGTGC	1500	Primer:50 nmol dNTPs: 0,33 nmol Taq: 2u Tampon: 1,5 µl $MgCl_2$: 2,5 mM	95 ^{0}C'de 5 dak. 94 ^{0}C'de 1 dak 60 ^{0}C'de 1 dak 30 sn } X35 72 ^{0}C'de 2 dak 72 ^{0}C'de 10 dak

				DNA: 30 ng BSA: 10 µg/µl	
P6	*Ax2** [344, 345]	F:CCGATTTTGTTCTTCTCACAC R:CACCAAGCGAGCTGCAGAT	2652	Primer:50 nmol dNTPs: 0,33 nmol Taq: 2u Tampon: 1,5 µl $MgCl_2$: 2,5 mM DNA: 30 ng BSA: 10 µg/µl	95 ^{0}C'de 5 dak. 94 ^{0}C'de 1 dak 57 ^{0}C'de 1 dak 45 sn } X35 72 ^{0}C'de 2 dak 72 ^{0}C'de 10 dak
P7	By20*,By8,By8* By18* By9 [62, 345]	F:TTCTCTGCATCAGTCAGGA R:AGAGAAGCTGTGTAATGCC	750 710 660	Primer:50 nmol dNTPs: 0,33 nmol Taq: 2u Tampon: 1,5 µl $MgCl_2$: 2,5 mM DNA: 30 ng BSA: 10 µg/µl	95 ^{0}C'de 5 dak. 94 ^{0}C'de 1 dak 55 ^{0}C'de 1 dak 30 sn } X 35 72 ^{0}C'de 2 dak 72 ^{0}C'de 10 dak
P8	*Bx7* [51, 344]	F:ATGGCTAAGCGCCTGGTCCT R:TGCCTGGTCGACAATGCGTCGCTG		Primer:50 nmol dNTPs: 0,33 nmol Taq: 2u Tampon: 1,5 µl $MgCl_2$: 2,5 mM DNA: 30 ng BSA: 10 µg/µl	95 ^{0}C'de 5 dak. 94 ^{0}C'de 1 dak 60 ^{0}C'de 1 dak } X45 72 ^{0}C'de 3 dak 72 ^{0}C'de 10 dak
P9	By8 [62, 345]	F:TTAGCGCTAAGTGCCGTCT R:TTGTCCTATTTGCTGCCCTT	527	Primer:50 nmol dNTPs: 0,33 nmol Taq: 2u Tampon: 1,5 µl $MgCl_2$: 2,5 mM DNA: 30 ng BSA: 10 µg/µl	95 ^{0}C'de 5 dak. 94 ^{0}C'de 1 dak 58 ^{0}C'de 1 dak } X35 72 ^{0}C'de 2 dak 72 ^{0}C'de 10 dak
P10	*Bx14* ve *Bx17* cauBx752 [15]	F:AGGGGCAGGGAAGAAACACT R:CCAGGCAACACAAATCCATG	642 ve 534	Primer:50 nmol dNTPs: 0,33 nmol Taq: 2u Tampon: 1,5 µl $MgCl_2$: 2,5 mM DNA: 30 ng	95 ^{0}C'de 5 dak. 94 ^{0}C'de 1 dak 60 ^{0}C'de 1 dak } X35 72 ^{0}C'de 2 dak 72 ^{0}C'de 10 dak

				BSA: 10 µg/µl	
P11	*Bx14* ve *Bx17* CauBx642 [15]	F:GGGCAATCGGGGTACTTCC R:CCCTTGTCTTGGCTGTTGTC	642 ve 534	Primer:50 nmol dNTPs: 0,33 nmol Taq: 2u Tampon: 1,5 µl $MgCl_2$: 2,5 mM DNA: 30 ng BSA: 10 µg/µl	95 ^{0}C'de 5 dak. 94 ^{0}C'de 1 dak 60 ^{0}C'de 1 dak 72 ^{0}C'de 2 dak (X 35) 72 ^{0}C'de 10 dak
P12	Ax2* [61]	F: ATGACTAAGCGGTTGGTTCTT R: ACCTTGCTCCCCTTGTCTTT	1400	Primer:50 nmol dNTPs: 0,33 nmol Taq: 2u Tampon: 1,5 µl $MgCl_2$: 2,5 mM DNA: 30 ng BSA: 10 µg/µl	95 ^{0}C'de 5 dak. 94 ^{0}C'de 1 dak 56,5 ^{0}C'de 1 dak 72 ^{0}C'de 2 dak (X35) 72 ^{0}C'de 10 dak
P13	Bx [61]	F: CGCAACAGCCAGGACAATT R: AGAGTTCTATCACTGCCTGGT		Primer:50 nmol dNTPs: 0,33 nmol Taq: 2u Tampon: 1,5 µl $MgCl_2$: 2,5 mM DNA: 30 ng BSA: 10 µg/µl	95 ^{0}C'de 5 dak. 94 ^{0}C'de 1 dak 57 ^{0}C'de 1 dak 72 ^{0}C'de 2 dak (X35) 72 ^{0}C'de 10 dak
P14	Bx6, Bx7, Bx7* [345]	F:CAAGGGCAACCAGGGTAC R:AGAGTTCTATCACTGCCTGGT	(850-920), (420-640) veya (180-280)	Primer:50 nmol dNTPs: 0,33 nmol Taq: 2u Tampon: 1,5 µl $MgCl_2$: 2,5 mM DNA: 30 ng BSA: 10 µg/µl	95 ^{0}C'de 5 dak. 94 ^{0}C'de 1 dak 58 ^{0}C'de 1 dak 72 ^{0}C'de 2 dak (X35) 72 ^{0}C'de 10 dak
P15	GluD1y10 [346]	F:5'-CAACCAATCTCCACAATC-3' R:5'-CTGCAGAGAGTTCTATCA-3'		Primer:50 nmol dNTPs: 0,33 nmol Taq: 2u Tampon: 1,5 µl $MgCl_2$: 2,5 mM DNA: 30 ng BSA: 10 µg/µl	95 ^{0}C'de 5 dak. 94 ^{0}C'de 1 dak 51,4 ^{0}C'de 1 dak 72 ^{0}C'de 2 dak (X35) 72 ^{0}C'de 10 dak

P16	GluA1 1, 2* Co-dominant Ax2* [56]	F:5'- AAGACAAGGGGAGCAAGGT-3' R:5'- GTGCTCCGCGCTAACATG-3'	1090 1063	Primer:50 nmol dNTPs: 0,33 nmol Taq: 2u Tampon: 1,5 µl $MgCl_2$: 2,5 mM DNA: 30 ng BSA: 10 µg/µl	95 ^{0}C'de 5 dak. 94 ^{0}C'de 1 dak 57,4 ^{0}C'de 1 dak } X35 72 ^{0}C'de 2 dak 72 ^{0}C'de 10 dak
P17	GluB1 7*, H7 Dominant Bx7 [56]	F:5'- CAACAACTTGTGGGGGCCTT-3' R:5'-GCGCTTAGCCATCTCAGTGAAC-3'		Primer:50 nmol dNTPs: 0,33 nmol Taq: 2u Tampon: 1,5 µl $MgCl_2$: 2,5 mM DNA: 30 ng BSA: 10 µg/µl	95 ^{0}C'de 5 dak. 94 ^{0}C'de 1 dak 60,5 ^{0}C'de 1 dak } X 35 72 ^{0}C'de 2 dak 72 ^{0}C'de 10 dak
P18	Co-dominant Bx7 [56]	F:5'-ACCTCAGCATGCAAACATG-3' R:5'- GCGCTTAGCCATCTCAGTGAAC-3'		Primer:50 nmol dNTPs: 0,33 nmol Taq: 2u Tampon: 1,5 µl $MgCl_2$: 2,5 mM DNA: 30 ng BSA: 10 µg/µl	95 ^{0}C'de 5 dak. 94 ^{0}C'de 1 dak 57 ^{0}C'de 1 dak } X35 72 ^{0}C'de 2 dak 72 ^{0}C'de 10 dak
P19	GluD1- 2, 5 Dx5 Dominant [56]	F:5'-CGTCCCTATAAAAGCCTAGCC-3' R:5'-GGCTAATGTCTCGGAGCTGT-3'		Primer:50 nmol dNTPs: 0,33 nmol Taq: 2u Tampon: 1,5 µl $MgCl_2$: 2,5 mM DNA: 30 ng BSA: 10 µg/µl	95 ^{0}C'de 5 dak. 94 ^{0}C'de 45 sn 59,6 ^{0}C'da 45 sn } X 35 72 ^{0}C'de 1 dak 30 sn 72 ^{0}C'de 10 dak
P20-a **P20-b**	AX Ax2* Ax1 [61]	F:5'-ATGACTAAGCGGTTGGTTCTT-3' R:5'-GACCTTGCTCCCCTTGTCTTT-3' 5'-GACCTTGCTCCCCTTGTCCTG-3'		Primer:50 nmol dNTPs: 0,33 nmol Taq: 2u Tampon: 1,5 µl $MgCl_2$: 2,5 mM DNA: 30 ng BSA: 10 µg/µl	95 ^{0}C'de 5 dak. 94 ^{0}C'de 30 sn 58 ^{0}C'de 30 sn } X35 72 ^{0}C'de 2 dak 72 ^{0}C'de 10 dak
P21	Dy10 [347]	F:5'-GACAGTCCACCGAGATGG-3'		Primer:50 nmol	

		R:5'-GCAAGCTGCAGAGAGTTC-3'		dNTPs: 0,33 nmol Taq: 2u Tampon: 1,5 µl $MgCl_2$: 2,5 mM DNA: 30 ng BSA: 10 µg/µl	94 ^{0}C'de 5 dak. 94 ^{0}C'de 1 dak 54 ^{0}C'de 2 dak 72 ^{0}C'de 2 dak } X35 72 ^{0}C'de 10 dak
P22	Dx5 [347]	F:5'-CATGGTCCTGAACCTTCACC-3' R:5'-CAGAGAGTTCTATCACTGGC-3'		Primer:50 nmol dNTPs: 0,33 nmol Taq: 2u Tampon: 1,5 µl $MgCl_2$: 2,5 mM DNA: 30 ng BSA: 10 µg/µl	95 ^{0}C'de 5 dak. 94 ^{0}C'de 1 dak 57 ^{0}C'de 2 dak 72 ^{0}C'de 2 dak } X35 72 ^{0}C'de 10 dak
P23	1Ax1 (Ax2) [347]	F:5'-CCGAGATGACTAAGCGG-3' R:5'-GCTAACATGGTATGGGCT-3'		Primer:50 nmol dNTPs: 0,33 nmol Taq: 2u Tampon: 1,5 µl $MgCl_2$: 2,5 mM DNA: 30 ng BSA: 10 µg/µl	95 ^{0}C'de 5 dak. 94 ^{0}C'de 1 dak 54 ^{0}C'de 2 dak 72 ^{0}C'de 2 dak } X35 72 ^{0}C'de 5 dak
P24-a **P24-b**	Dx5 Dx2 [61]	F:5'-CGTCCCTATAAAAGCCTAG-C-3' CGTCCCTATAAAAGCCTAGTT R:5'-AGTATGAAACCTGCTGCGGAC-3' AGTATGAAACCTGCTGCGGAG		Primer:50 nmol dNTPs: 0,33 nmol Taq: 2u Tampon: 1,5 µl $MgCl_2$: 2,5 mM DNA: 30 ng BSA: 10 µg/µl	95 ^{0}C'de 5 dak. 94 ^{0}C'de 1 dak 58 ^{0}C'de 1 dak 72 ^{0}C'de 2 dak } X35 72 ^{0}C'de 10 dak
P25	1Dy10.1 [7, 348]	F:5'-ATGGCTAAGCGGC/TTA/GGTCCTCTTTG-3' R:5'-CTATCACTGGCTG/AGCCGACAATGCG-3'		Primer:50 nmol dNTPs: 0,33 nmol Taq: 2u Tampon: 1,5 µl $MgCl_2$: 2,5 mM DNA: 30 ng BSA: 10 µg/µl	95 ^{0}C'de 5 dak. 94 ^{0}C'de 40 sn 67 ^{0}C'de 4 dak 72 ^{0}C'de 7 dak } X35 72 ^{0}C'de 10 dak
P26	dejenere primer [16, 61]	F:ATCACCCACAACACCGAGCA-3'G R:CTATCACTGGCTA/GGCCGACAATGCG		Primer:50 nmol dNTPs: 0,33 nmol	95 ^{0}C'de 5 dak.

				Taq: 2u Tampon: 1,5 µl $MgCl_2$: 2,5 mM DNA: 30 ng BSA: 10 µg/µl	94 ^{0}C'de 1 dak 62 ^{0}C'de 1 dak 30 sn 72 ^{0}C'de 3 dak 30 sn 72 ^{0}C'de 10 dak X35
P27	dejenere primer [16, 348]	F:AGGGAAAGACAATGGACATG R:TAGTTG/TCCC/TAGAGGCCTCACCTTC		Primer:50 nmol dNTPs: 0,33 nmol Taq: 2u Tampon: 1,5 µl $MgCl_2$: 2,5 mM DNA: 30 ng BSA: 10 µg/µl	95 ^{0}C'de 5 dak. 94 ^{0}C'de 1 dak 62 ^{0}C'de 1 dak 30 sn 72 ^{0}C'de 3 dak 30 sn 72 ^{0}C'de 10 dak X35

3. BÖLÜM

BULGULAR

Bu çalışmada Türkiye'ye ait 116 adet yerel ekmeklik buğday çeşidi gluten polimorfizmi bakımından SDS-PAGE ve allel spesifik primerler kullanılarak PZR yardımıyla tanımlanmıştır. İstatistiksel analizler, buğday çeşitleri Türkiye'nin coğrafik bölgeleri (Marmara Bölgesi, 12 örnek; Ege Bölgesi, 11 örnek; Akdeniz Bölgesi, 10 örnek; İç Anadolu Bölgesi, 27 örnek; Karadeniz Bölgesi 18 örnek; Doğu Anadolu Bölgesi, 28 örnek ve Güneydoğu Anadolu Bölgesi, 10 örnek) baz alınarak 7 farklı populasyon içerisinde toplanarak gerçekleştirilmiştir. Çalışmalarda ayrıca 15 tane standart çeşit de alt ünitelerin tanımlanmasında referans olarak kullanılmıştır. PZR çalışmalarında toplamda 27 adet allel spesifik primer kullanılmıştır. Bu primerler ile yapılan PZR çalışmalarından elde edilen bant profilleri Tablo 3.1'de verilmiştir.

Tablo 3.1 Örneklerden elde edilen bant profilleri

S. No	Gen Bankası Aksesyon No	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P11	P12	P13
1	TR32650-5-Erzurum		Dy12	By20	**Null**			By8,8* By18*			Bx17	Bx14		-
2	TR32668-2-Erzurum	Dx5		By18*		Ax1 Ax2*	Ax2*	By8,8* By18*	Bx7		Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
3	TR32780-2-Erzurum	Dx2	Dy12	By20			Ax2*	By20*	Bx7		Bx17		Ax2*	-
4	TR32846-6-Erzurum					Ax1 Ax2*	Ax2*	By8,8* By18*			Bx17	Bx14		Bx
5	TR45370-2-Erzurum	Dx5	Dy12	By20				By20*	Bx7		Bx17		Ax2*	Bx
6	TR48034-6-Erzurum							By8,8* By18*			Bx17			-
7	TR32273-4-Van		Dy12	By20			Ax2*	By8,8* By18*	Bx7		Bx17	Bx14		Bx
8	TR39676-4-Van		Dy12	By20	**Null**			By20*	Bx7		Bx17	Bx14		Bx
9	TR45402-3-Van		Dy10	By20	**Null**			By20*	Bx7		Bx17			Bx
10	TR45398-4-Van		Dy12	By20	**Null**			By20*	Bx7		Bx17			-
11	TR47993-1-Van		Dy12	By20	**Null**			By8,8* By18*	Bx7	By8	Bx17	Bx14		Bx
12	TR32761-6-Kars			By20		Ax1 Ax2*	Ax2*	By20*	Bx7		Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
13	TR32881-2-Kars			By20		Ax1 Ax2*	Ax2*	By8,8* By18*	Bx7	By8	Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
14	TR39660-1-Kars					Ax1 Ax2*	Ax2*	By20*	Bx7	By8	Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
15	TR45105-6-Kars	Dx2	Dy12	By20		Ax1 Ax2*	Ax2*	By8,8* By18*	Bx7	**By8**	Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
16	TR48025-3-Kars	Dx5	Dy10	By20		Ax1 Ax2*	Ax2*	By20*	Bx7	**By8**	Bx17		Ax2*	-
17	TR33264-6-Edirne	Dx5				Ax1 Ax2*	Ax2*	By8,8* By18*	Bx7	**By8**	Bx17	Bx14	Ax2*	Bx

Tablo 3.1 Örneklerden elde edilen bant profilleri (Devamı)

S. No	Gen Bankası Aksesyon No	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P11	P12	P13
18	TR51937-1-Edirne	Dx5	Dy10	By18*		Ax1 Ax2*	Ax2*	By8,8* By18*	Bx7	**By8**	Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
19	TR51937-2-Edirne	Dx5	Dy10	By20				By8,8* By18*			Bx17			-
20	TR33500-4-Kırklareli	Dx5	Dy10	By8,8* 9		Ax1 Ax2*	Ax2*	By8,8* By18*	Bx7	By8	Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
21	TR33500-6-Kırklareli					Ax1 Ax2*	Ax2*	By8,8* By18*	Bx7		Bx17	Bx14		Bx
22	TR38316-4-Kırklareli			By18*				By8,8* 18*						-
23	TR36948-1-Bolu			By18*		Ax1 Ax2*	Ax2*	By8,8* By18*	Bx7		Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
24	TR46861-3-Bolu			By18*			Ax2*	By8,8* By18*	Bx7		Bx17			Bx
25	TR37492-1-K.maraş					Ax1 Ax2*	Ax2*	By8,8* By18*	Bx7	**By8**	Bx17	Bx14	Ax2*	-
26	TR37492-2-K.maraş		Dy12	By18*		Ax1 Ax2*	Ax2*	By8,8* By18*	Bx7	**By8**	Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
27	TR37492-4-K.maraş			By20		Ax1 Ax2*	Ax2*	By20*	Bx7		Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
28	TR32009-5-K.maraş		Dy10	By18*		Ax1 Ax2*	Ax2*	By8,8* By18*	Bx7		Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
29	393-5 K.maraş		Dy10	By18*		Ax1 Ax2*	Ax2*	By9	Bx7		Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
30	TR31894-3-Malatya	Dx2	Dy12	By20			Ax2*	By20*	Bx7		Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
31	TR31894-6-Malatya					Ax1 Ax2*	Ax2*	By9		By8	Bx17			-
32	TR32014-5-Malatya					Ax1 Ax2*	Ax2*	By9	Bx7		Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
33	TR37234-1-Kastamonu		Dy12	By20		Ax1 Ax2*	Ax2*	By8,8* By18*	Bx7	By8	Bx17	Bx14	Ax2*	Bx

Tablo 3.1 Örneklerden elde edilen bant profilleri (Devamı)

S. No	Gen Bankası Aksesyon No	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P11	P12	P13
34	TR32125-3-Kastamonu		Dy12	By20	**Null**			By8,8* By18*	Bx7	By8	Bx17	Bx14		Bx
35	TR32218-1-Siirt		Dy12	By20		Ax1 Ax2*	Ax2*	By20*	Bx7		Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
36	TR32218-5-Siirt				**Null**			By20*	Bx7		Bx17	Bx14		Bx
37	TR32218-6-Siirt		Dy12	By20		Ax1 Ax2*	Ax2*	By20*	Bx7		Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
38	TR32231-5-Hakkari		Dy12	By20		Ax1 Ax2*	Ax2*	By9	Bx7	By8	Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
39	TR32231-6-Hakkari		Dy10	By20	**Null**			By9	Bx7	By8	Bx17	Bx14		Bx
40	TR45420-5-Hakkari	Dx5	Dy10	By20	**Null**			By20*	Bx7		Bx17	Bx14		Bx
41	TR45422-2-Hakkari	Dx2	Dy12	By20	**Null**			By20*	Bx7		Bx17	Bx14		Bx
42	TR14857-3-Gümüşhane		Dy12	By18*	**Null**			By8,8* By18*	Bx7		Bx17	Bx14		Bx
43	TR14861-5-Gümüşhane		Dy12	By20			Ax2*	By8,8* By18*	Bx7		Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
44	TR44487-4-Gümüşhane				**Null**			By9	Bx7	By8	Bx17	Bx14		Bx
45	TR46873-4-Gümüşhane		Dy12	By20		Ax1 Ax2*		By9	Bx7		Bx17	Bx14		Bx
46	TR44365-4-Samsun		Dy10			Ax1 Ax2*	Ax2*	By20*	Bx7		Bx17	Bx14	Ax2*	-
47	TR44365-5-Samsun							-			**Bx17**			Bx
48	TR44984-5-Samsun	Dx2	Dy12	By18*		Ax1 Ax2*	Ax2*	By8,8* By18*	Bx7		Bx17	Bx14		-
49	TR44388-6-Tokat	Dx2	Dy12	By20	**Null**			By8,8* By18*	Bx7	By8	Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
50	TR44433-5-Tokat	Dx5			**Null**	Ax1 Ax2*		By8,8* By18*	Bx7	By8	Bx17	Bx14		Bx

Tablo 3.1 Örneklerden elde edilen bant profilleri (Devamı)

S. No	Gen Bankası Aksesyon No	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P11	P12	P13
51	TR48373-1-Tokat	Dx2	Dy12	By18*		Ax1 Ax2*	Ax2*	By20*	Bx7	By8	Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
52	TR54988-1-Tokat	Dx2	Dy12			Ax1 Ax2*	Ax2*	By20*	Bx7		Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
53	TR54989-4-Tokat	Dx2	Dy12	By8,8* 9		Ax1 Ax2*	Ax2*	By20*	Bx7	By8	Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
54	TR35147-4-Yozgat	Dx2	Dy12	By20		Ax1 Ax2*	Ax2*	By20*	Bx7	By8	Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
55	TR45303-4-Yozgat					Ax1 Ax2*	Ax2*	By9	*		Bx17	Bx14		Bx
56	TR45306-2-Yozgat	Dx2				Ax1 Ax2*	Ax2*	By8,8* By18*			Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
57	TR45306-5-Yozgat	Dx2		By8,8* 9		Ax1 Ax2*	Ax2*	By8,8* By18*	Bx7		Bx17	Bx14		**Bx17**
58	TR45308-2-Yozgat		Dy12	By20		Ax1 Ax2*	Ax2*	By8,8* By18*	Bx7		Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
59	TR53862-5-Yozgat					Ax1 Ax2*		By8,8* By18*	Bx7		Bx17	Bx14		Bx
60	TR46810-5-Adıyaman		Dy12	By8,8* 9		Ax1 Ax2*	Ax2*	By8,8* By18*		**By8**	Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
61	TR46822-2-Adıyaman							By8,8* By18*	Bx7		Bx17	Bx14		Bx
62	TR38888-6-Adıyaman		Dy12					By8,8* By18*		**By8**	Bx17		Ax2*	Bx
63	TR50455-4-Adıyaman		Dy12					By20*			**Bx17**	Bx14	Ax2*	Bx
64	TR49018-1-Adıyaman		Dy12		**Null**			By8,8* By18*		By8	Bx17	Bx14		Bx
65	TR46889-2-Sivas		Dy12	By20				By8,8* By18*	Bx7		Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
66	TR45324-2-Sivas					Ax1 Ax2*		By8,8* By18*			Bx17	Bx14		-

Tablo 3.1 Örneklerden elde edilen bant profilleri (Devamı)

S. No	Gen Bankası Aksesyon No	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P11	P12	P13
67	TR48061-4-Sivas		Dy12	By8,8* 9		Ax1 Ax2*	Ax2*	By20*			Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
68	TR53299-1-Sivas		Dy12	By20		Ax1 Ax2*	Ax2*	By20*	Bx7		Bx17	Bx14	**Ax2***	Bx
69	TR53343-5-Sivas		Dy12	By20		Ax1 Ax2*	Ax2*	By20*	Bx7		Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
70	TR55002-3-Sivas		Dy12	By20		Ax1 Ax2*	Ax2*	By20*	Bx7		Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
71	TR63316-4-Konya							By20*	Bx7		Bx17			Bx
72	TR35409-1-Konya	Dx2	Dy12	By20		Ax1 Ax2*	Ax2*	By20*			Bx17	Bx14	**Ax2***	-
73	TR52021-6-Konya	Dx5		By20		Ax1 Ax2*	Ax2*	By9			Bx17	Bx14		Bx
74	TR52021-3-Konya	Dx5				Ax1 Ax2*	Ax2*	By9			Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
75	TR35408-4-Konya	Dx2	Dy12	By20	**Null**			By8,8* By18*			Bx17	Bx14		Bx
76	TR52860-3-Denizli		Dy12	By20		Ax1 Ax2*	Ax2*	By20*	Bx7		Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
77	TR52860-6-Denizli					Ax1 Ax2*	Ax2*	By8,8* By18*	Bx7		Bx17	Bx14		Bx
78	TR52865-1-Denizli		Dy12	By20			Ax2*	By8,8* By18*			-	Bx14		-
79	TR55127-6-Kütahya	Dx2	Dy12	By18*		Ax1 Ax2*		By8,8* By18*			Bx17	Bx14		-
80	TR55140-1-Kütahya			By20	**Null**			By8,8* By18*	Bx7		Bx17	Bx14		Bx
81	TR55144-1-Kütahya		Dy12	By8,8* 9	**Null**			By8,8* By18*	Bx7		Bx17	Bx14		Bx
82	TR55174-1-Kütahya				**Null**	*	Ax2*	By8,8* By18*	Bx7		Bx17	Bx14	Ax2*	Bx

Tablo 3.1 Örneklerden elde edilen bant profilleri (Devamı)

S. No	Gen Bankası Aksesyon No	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P11	P12	P13
83	TR55201-4-Kütahya		Dy12	By8,8* 9		Ax1 Ax2*	Ax2*	By8,8* By18*	Bx7		Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
84	TR55153-4-Eskişehir		Dy12	By18*		Ax1 Ax2*	Ax2*	By8,8* By18*	Bx7		Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
85	TR55164-1-Eskişehir		Dy12	By8,8* 9	*	Ax1 Ax2*	Ax2*	By8,8* By18*	Bx7		Bx17	Bx14	**Ax2***	**Bx17**
86	TR55180-1-Eskişehir				**Null**			By9	Bx7		Bx17	Bx14		**Bx17**
87	TR57999-2-Eskişehir		Dy12	By20	*			By8,8* By18*	Bx7		Bx17	Bx14	**Ax2***	-
88	TR57999-6-Eskişehir		Dy12	By20	*	Ax1 Ax2*	Ax2*	By8,8* By18*	Bx7		Bx17	Bx14	**Ax2***	-
89	TR37383 Çorum	Dx2	Dy12	By8,8* 9	**Null**	Ax1 Ax2*	Ax2*	By8,8* By18*	Bx7	By8	Bx17	Bx14	Ax2*	-
90	TR32034 Kayseri	Dx2	Dy12	By8,8* 9		Ax1 Ax2*	**Ax2***	By8,8* By18*	Bx7		Bx17	Bx14	**Ax2***	Bx
91	TR32218 Şırnak	Dx2	Dy12	By20	**Null**			By20*			**Bx17**	Bx14	**Ax2***	Bx
92	TR26233 İçel	Dx2	Dy12	By20	*	Ax1 Ax2*		By8,8* By18*			**Bx17**	Bx14	**Ax2***	Bx
93	TR26746 Bilecik	Dx2	Dy12	By20		Ax1 Ax2*	**Ax2***	By8,8* By18*	Bx7		Bx17	Bx14	**Ax2***	Bx
94	TR44365 Sakarya	Dx2	Dy12	By20		Ax1 Ax2*		By8,8* By18*	Bx7		**Bx17**	Bx14		Bx
95	TR31678 Mardin	Dx2	Dy12	By20	**Null**	Ax1 Ax2*	Ax2*	By8,8* By18*			Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
96	TR45080 Adapazarı	Dx2	Dy10	By20	**Null**			By9		By8	Bx17	Bx14		Bx
97	TR45094 Ankara							-			-			Bx
98	TR46804 Hatay	Dx2	Dy12	By20	**Null**	Ax1 Ax2*		By8,8* By18*	Bx7	By8	Bx17	Bx14	**Ax2***	Bx
99	TR45105 Artvin	Dx5	Dy10	By20	**Null**	Ax1 Ax2*	Ax2*	By9	Bx7		Bx17	Bx14	Ax2*	Bx

Tablo 3.1 Örneklerden elde edilen bant profilleri (Devamı)

S. No	Gen Bankası Aksesyon No	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P11	P12	P13
100	TR47944 Çankırı	Dx2	Dy12	By20	**Null**	Ax1 Ax2*	Ax2*	By8,8* By18*	Bx7	By8	Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
101	TR47961 Muş	Dx2	Dy12	By20	**Null**		Ax2*	By20*		By8	Bx17	Bx14		Bx
102	TR48050 Erzincan	Dx2	Dy12	By20		Ax1 Ax2*		By20*			Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
103	TR50443 Diyarbakır	Dx2	Dy12	By18*		Ax1 Ax2*	Ax2*	By9		**By8**	Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
104	TR52645 Balıkesir	Dx5	Dy12	By8,8* 9		Ax1 Ax2*	**Ax2***	By9			Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
105	TR52669 Bursa	Dx2		By8,8* 9		Ax1 Ax2*	**Ax2***	By8,8* By18*		By8	Bx17	**Bx17**	Ax2*	Bx
106	TR52784 Muğla	Dx2	Dy12	By8,8* 9	**Null**	*		By8,8* By18*		By8	Bx17	Bx14		**Bx17**
107	TR52873 Manisa	Dx2	Dy12	By8,8* 9		Ax1 Ax2*	Ax2*	By20*			Bx17	Bx14	Ax2*	**Bx17**
108	TR51937 Kocaeli	Dx5		By8,8* 9		Ax1 Ax2*	Ax2*	By8,8* By18*			Bx17	Bx14	Ax2*	**Bx17**
109	TR55316 Adana	Dx5		By8,8* 9		Ax1 Ax2*	Ax2*	By8,8* By18*			Bx17	Bx14		**Bx17**
110	TR55110 Antalya	Dx2	Dy12	By18*	**Null**	Ax1 Ax2*	Ax2*	By8,8* By18*			Bx17	Bx14	Ax2*	**Bx17**
111	TR56099 Afyon	Dx2	Dy12	By8,8* 9	**Null**	Ax1 Ax2*	Ax2*	By8,8* By18*		By8	Bx17	Bx14	Ax2*	**Bx17**
112	TR62808 Isparta	Dx2	Dy12	By8,8* 9		Ax1 Ax2*		By8,8* By18*			Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
113	TR63322 Tunceli					Ax1 Ax2*		By9			Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
114	TR63329 Ardahan		Dy10	By18*	**Null**	Ax,2*1		By9		By8	Bx17	Bx14		Bx
115	TR63536 Nevşehir	Dx5	Dy12	By20				-			Bx17	Bx14	Ax2*	Bx
116	TR63538 Karaman	Dx2	Dy12	By20		Ax1,2*		By20*			Bx17	Bx14	Ax2*	Bx

Tablo 3.1 Örneklerden elde edilen bant profilleri (Devamı)

S. No	Gen Bankası Aksesyon No	P14	P15	P16	P17	P18	P19	P20	P21	P22	P23	P24	P25	P26	P27
1	TR32650-5-Erzurum						Dx5								
2	TR32668-2-Erzurum	Bx6													
3	TR32780-2-Erzurum		Dy10												
4	TR32846-6-Erzurum														
5	TR45370-2-Erzurum		Dy10							Dy10					
6	TR48034-6-Erzurum														
7	TR32273-4-Van	**Bx6,7***		Ax2*		Bx7									1Ay,D1y 1By9
8	TR39676-4-Van			**Ax1**		Bx7									D1y
9	TR45402-3-Van					Bx7	Dx5								D1y
10	TR45398-4-Van						Dx5								
11	TR47993-1-Van	Bx6					Dx5								
12	TR32761-6-Kars		Dy10	Ax2*		Bx7									1Ay,D1y 1By9
13	TR32881-2-Kars	**Bx6,7***	Dy10			Bx7									1Ay,D1y 1By9
14	TR39660-1-Kars	**Bx6,7***													
15	TR45105-6-Kars	**Bx6,7***													1Ay,D1y D1x
16	TR48025-3-Kars					Bx7	Dx5								
17	TR33264-6-Edirne	**Bx6,7***		Ax2*		Bx7	Dx5								
18	TR51937-1-Edirne	Bx6	Dx10, Dy10	Ax2*		Bx7	Dx5								
19	TR51937-2-Edirne						Dx5						Dx5		
20	TR33500-4-Kırklareli	Bx6	Dx10, Dy10	Ax2*	Bx7*	**Bx7**	Dx5			Dy10					
21	TR33500-6-Kırklareli														
22	TR38316-4-Kırklareli						Dx5								
23	TR36948-1-Bolu	Bx6		Ax2*			Dx5								
24	TR46861-3-Bolu														
25	TR37492-1- K.maraş						Dx5								
26	TR37492-2- K.maraş	Bx6		Ax2*		Bx7									1Ay,D1y

Tablo 3.1 Örneklerden elde edilen bant profilleri (Devamı)

S. No	Gen Bankası Aksesyon No	P14	P15	P16	P17	P18	P19	P20	P21	P22	P23	P24	P25	P26	P27
27	TR37492-4- K.maraş					Bx7									1Ay,D1y, D1x
28	TR32009-5- K.maraş			Ax2*											
29	393-5 K.maraş	Bx6		Ax2*		Bx7	Dx5								1Ay,D1y
30	TR31894-3-Malatya	Bx6													
31	TR31894-6-Malatya	**Bx6,7***		Ax2*		**Bx7**									
32	TR32014-5-Malatya														
33	TR37234-1-Kastamonu			Ax2*						Dy10					D1y
34	TR32125-3-Kastamonu					Bx7									D1y
35	TR32218-1-Siirt					Bx7				Dy10					D1y
36	TR32218-5-Siirt			Ax2*		Bx7	Dx5								D1y
37	TR32218-6-Siirt	Bx6		Ax2*		Bx7	Dx5								1Ay,D1y
38	TR32231-5-Hakkari			Ax2*			Dx5			Dy10					
39	TR32231-6-Hakkari	Bx6		Ax2*		**Bx7**	Dx5								
40	TR45420-5-Hakkari						Dx5								
41	TR45422-2-Hakkari			Ax2*		**Bx7**	Dx5								
42	TR14857-3-Gümüşhane			Ax2*		**Bx7**									D1y
43	TR14861-5-Gümüşhane	Bx6		Ax2*											
44	TR44487-4-Gümüşhane														
45	TR46873-4-Gümüşhane	**Bx6,7***													
46	TR44365-4-Samsun			Ax2*		Bx7									1Ay,D1y
47	TR44365-5-Samsun														
48	TR44984-5-Samsun	Bx6		Ax2*		Bx7									
49	TR44388-6-Tokat	Bx6					Dx5								
50	TR44433-5-Tokat			**Ax1**		Bx7	Dx5								
51	TR48373-1-Tokat	Bx6		Ax2*		Bx7									
52	TR54988-1-Tokat	Bx6	Dy10	Ax2*		Bx7									
53	TR54989-4-Tokat	Bx6		Ax2*		Bx7	Dx5								1Ay,D1y
54	TR35147-4-Yozgat	Bx6		Ax2*		Bx7	Dx5								1Ay,D1y
55	TR45303-4-Yozgat														
56	TR45306-2-Yozgat			Ax2*											
57	TR45306-5-Yozgat					Bx7									

Tablo 3.1 Örneklerden elde edilen bant profilleri (Devamı)

S. No	Gen Bankası Aksesyon No	P14	P15	P16	P17	P18	P19	P20	P21	P22	P23	P24	P25	P26	P27
58	TR45308-2-Yozgat					Bx7									
59	TR53862-5-Yozgat														
60	TR46810-5-Adıyaman	Bx6	Dy10	Ax2*		Bx7									1Ay,D1y,D1x
61	TR46822-2-Adıyaman														
62	TR38888-6-Adıyaman														
63	TR50455-4-Adıyaman														
64	TR49018-1-Adıyaman					Bx7									
65	TR46889-2-Sivas														
66	TR45324-2-Sivas														
67	TR48061-4-Sivas														
68	TR53299-1-Sivas			Ax2*		Bx7									
69	TR53343-5-Sivas			Ax2*		Bx7									
70	TR55002-3-Sivas	**Bx6,7***	Dy10												
71	TR63316-4-Konya														
72	TR35409-1-Konya	Bx6				Bx7									
73	TR52021-6-Konya	Bx6				Bx7	Dx5								
74	TR52021-3-Konya	Bx6	Dy10			Bx7	Dx5								
75	TR35408-4-Konya	Bx6	Dx10, Dy10	**Ax1**		Bx7	Dx5								
76	TR52860-3-Denizli	Bx6		Ax2*		Bx7	Dx5								
77	TR52860-6-Denizli					Bx7	Dx5								
78	TR52865-1-Denizli					**Bx7**	Dx5								
79	TR55127-6-Kütahya			**Ax1**		**Bx7**				Dy10					
80	TR55140-1-Kütahya			Ax2*		Bx7									
81	TR55144-1-Kütahya			Ax2*		Bx7	Dx5			Dy10					D1y,By9
82	TR55174-1-Kütahya			Ax2*		Bx7									
83	TR55201-4-Kütahya			Ax2*		Bx7	Dx5								
84	TR55153-4-Eskişehir		Dy10	Ax2*		Bx7	Dx5								
85	TR55164-1-Eskişehir			Ax2*		Bx7	Dx5			Dy10					
86	TR55180-1-Eskişehir					Bx7									

Tablo 3.1 Örneklerden elde edilen bant profilleri (Devamı)

S. No	Gen Bankası Aksesyon No	P14	P15	P16	P17	P18	P19	P20	P21	P22	P23	P24	P25	P26	P27
87	TR57999-2-Eskişehir					Bx7						Ax1			
88	TR57999-6-Eskişehir		Dx10, Dy10	Ax2*		Bx7	Dx5								1Ay,D1y D1x
89	TR37383 Çorum	**Bx6,7***				Bx7	Dx5				Dx5	Ax1			
90	TR32034 Kayseri	**Bx6,7***	Dx10, Dy10	Ax2*		Bx7	Dx5	Ax2*	Ax2*	Dy10	Dx5	**Ax1***			
91	TR32218 Şırnak	**Bx6,7***				Bx7	Dx5								
92	TR26233 İçel	**Bx6,7***				**Bx7**	Dx5								
93	TR26746 Bilecik	**Bx6,7***	Dy10			**Bx7**	Dx5	Ax2*	Ax2*	**Dy10**	Dx5	**Ax1***			
94	TR44365 Sakarya	**Bx6,7***		Ax2*		**Bx7**	Dx5		Ax2*	Dy10	Dx5	**Ax1***			
95	TR31678 Mardin	**Bx6,7***				Bx7	Dx5								
96	TR45080 Adapazarı	**Bx6,7***				Bx7	Dx5					Ax1			
97	TR45094 Ankara	Bx6													
98	TR46804 Hatay	**Bx6,7***		**Ax1?**		**Bx7**	Dx5		Ax2*	**Dy10**	Dx5	**Ax1***			1Ay,D1y 1By9
99	TR45105 Artvin	Bx6	Dy10	Ax2*		Bx7	Dx5			**Dy10**	Dx5	**Ax1***	Dx5		1Ay,D1y 1By9,D1x
100	TR47944 Çankırı	Bx6	Dx10, Dy10	Ax2*		Bx7	Dx5			**Dy10**	Dx5	**Ax1***			D1y,By9
101	TR47961 Muş	**Bx6,7***				Bx7	Dx5								
102	TR48050 Erzincan	**Bx6,7***				Bx7	Dx5					Ax1			
103	TR50443 Diyarbakır	**Bx6,7***	Dy10	Ax2*		Bx7	Dx5		Ax2*	**Dy10**	Dx5				1Ay,D1y D1x
104	TR52645 Balıkesir	**Bx6,7***	Dx10, Dy10	Ax2*		Bx7	Dx5		Ax2*	**Dy10**		**Ax1***			
105	TR52669 Bursa	**Bx6,7***		Ax2*	Bx7*	Bx7	Dx5		Ax2*						
106	TR52784 Muğla	Bx6	Dx10	Ax2*	Bx7*	Bx7	Dx5		**Ax2****	**Dy10**	Dx5	**Ax1***			D1y,D1x
107	TR52873 Manisa	Bx6	Dy10	Ax2*		Bx7	Dx5	Ax2*	Ax2*	**Dy10**	Dx5	Ax1			
108	TR51937 Kocaeli	**Bx6,7***	Dx,y10,	Ax2*		Bx7	Dx5			Dy10	Dx5		Dx5		
109	TR55316 Adana	**Bx6,7***				Bx7	Dx5								
110	TR55110 Antalya	**Bx6,7***	Dx10, Dy10	Ax2*		Bx7	Dx5			Dy10					1Ay,D1y

Tablo 3.1 Örneklerden elde edilen bant profilleri (Devamı)

S. No	Gen Bankası Aksesyon No	P14	P15	P16	P17	P18	P19	P20	P21	P22	P23	P24	P25	P26	P27
111	TR56099 Afyon	**Bx6,7***		Ax2*		Bx7						**Ax1***			
112	TR62808 Isparta		Dx10, Dy10	Ax2*		Bx7	Dx5				Dx5	**Ax1***			
113	TR63322 Tunceli					Bx7	Dx5								
114	TR63329 Ardahan					Bx7	Dx5								
115	TR63536 Nevşehir														
116	TR63538 Karaman	**Bx6,7***				Bx7	Dx5		Ax2*			Ax1			

Tablo 3.2 Standartlardan elde edilen bant profilleri

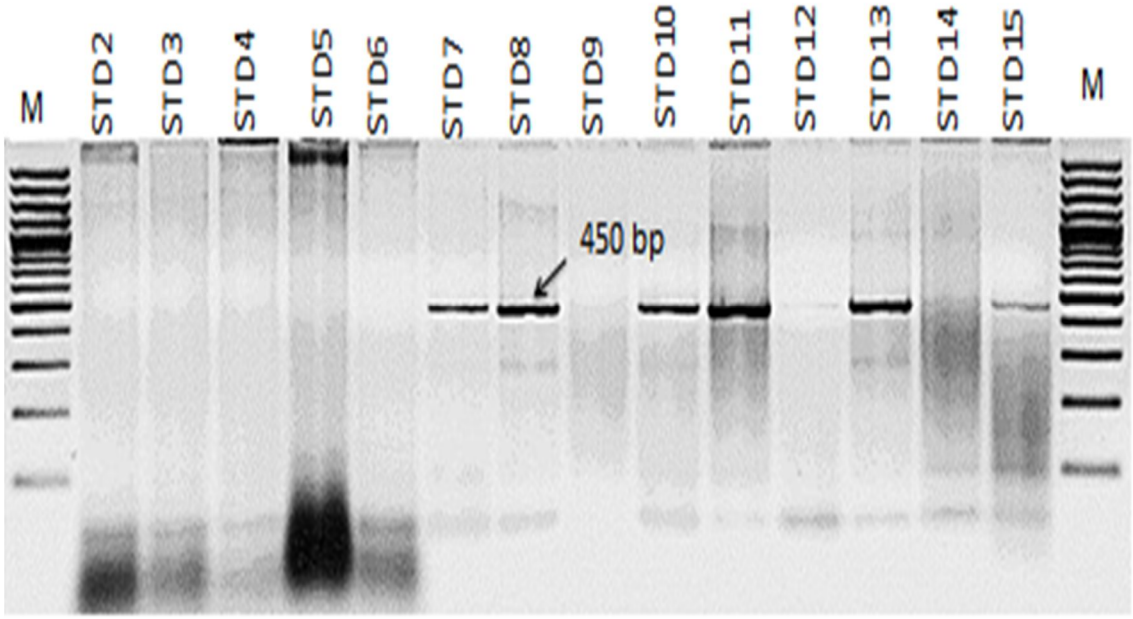
S. No	Gen Bankası Aksesyon No	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P11	P12	P13
1	CS (7+8, 2+12)	Dx2	12	By8	Null			By8		By8	Bx14,17	Bx14,17		Bx17
2	Drago (1, 6+8)	-		-										
3	Lobeiro (14+15)	-	-	-		Ax1		By20*			Bx14,17	Bx14,17		Bx17
4	Lira (20)	-		-		*		By20*	Bx7		Bx14,17	Bx14,17		Bx17
5	Svevo (7+8)	-	-	-							Bx14,17			
6	Duramba (2*, 13+16)	-		-		Ax2*		By8,8*,18*	Bx7		Bx14,17	Bx14,17		
7	Ak 702 (6+8, 2+12)	Dx2	12	By8	Null			By8	Bx7		Bx14,17	Bx14,17		Bx17
8	Bezostaya 1(2*,7+9,5+10)	Dx5	10	By18*		Ax1, *	**Ax2***	By8,8*,18*	Bx7	**By8**	Bx14,17	Bx14,17	Ax2*	Bx
9	Kate A1 (1, 7, 2+12)	-	12	-				By8,8*,18*			Bx14,17	Bx14,17		Bx
10	Bayraktar (7+8, 5+10)	Dx5	10	By8		Ax1,2*	Ax2*	By8		By8	Bx14,17	Bx14,17	**Ax2***	Bx
11	Mızrak (n, 7+9, 5+10)	Dx5	10	By20	Null			By8,8*,18*			Bx14,17	Bx14,17		Bx
12	Yakar (13+16, 5+10)	Dx5	-					By8,8*,18*			Bx14,17	Bx14,17	Ax2*	
13	Atay 85 (7, 5+10)	Dx5	10	By18*		Ax1,2*	Ax2*	By8,8*,18*	Bx7		Bx14,17	Bx14,17	Ax2*	Bx
14	Gerek 79 (7+8, 2+12)		12	By8		Ax1,2*	**Ax2***	By8		By8	Bx14,17	Bx14,17	Ax2*	Bx
15	Tosunbey (17+18, 5+10)	Dx5	10	By18*		Ax1,2*		By8,8*,18*			Bx14,17	Bx14,17		Bx

Tablo 3.2 Standartlardan elde edilen bant profilleri (Devamı)

S. No	Gen Bankası Aksesyon No	P14	P15	P16	P17	P18	P19	P20	P21	P22	P23	P24	P25	P26	P27
1	CS (7+8, 2+12)	Bx6,7 Bx7*				Bx7						Ax1			
2	Drago (1, 6+8)	Bx6,7 Bx7*				**Bx7**									D1x
3	Lobeiro (14+15)					Bx7									
4	Lira (20)		D1y10-x	Ax1		Bx7					Dx5				D1x,D1y By9
5	Svevo (7+8)					Bx7					Dx5				
6	Duramba (2*, 13+16)		D1y10-y	Ax2*		Bx7					Dx5				1Ay,D1x By9
7	Ak 702 (6+8, 2+12)			Ax2*		Bx7			**Ax2***	Dy10	Dx5	Ax1			D1x,D1y By9
8	Bezostaya 1 (7, 5+10)			Ax2*		Bx7	Dx5			Dy10		Ax1	Dx5		D1y,By9
9	Kate A1 (1, 7, 2+12)	Bx6,7 Bx7*			Bx7*	**Bx7**	Dx2			Dy10		Ax1			
10	Bayraktar (7+8, 5+10)	Bx6,7 Bx7*	D1y10-y		Bx7*	Bx7	Dx5			Dy10		Ax1	Dx5		
11	Mızrak (n, 7+9, 5+10)	Bx6,7 Bx7*		Ax2*		Bx7	Dx5		Ax2*	Dy10	Dx5		Dx5		D1y,By9
12	Yakar (13+16, 5+10)	Bx6,7 Bx7*										Ax1			
13	Atay 85 (7, 5+10)	Bx6,7 Bx7*	D1y10-y	Ax2*	Bx7*	Bx7	Dx5	Ax2*	Ax2*	Dy10	Dx5	Ax1	Dx5		D1x,D1y By9
14	Gerek 79 (7+8, 2+12)	Bx6,7 Bx7*	D1y10-xy	Ax2*	Bx7*	Bx7	Dx2			Dy10					D1x,D1y By9
15	Tosunbey (17+18, 5+10)	Bx6,7 Bx7*			Bx7*	Bx7	Dx5						Dx5		

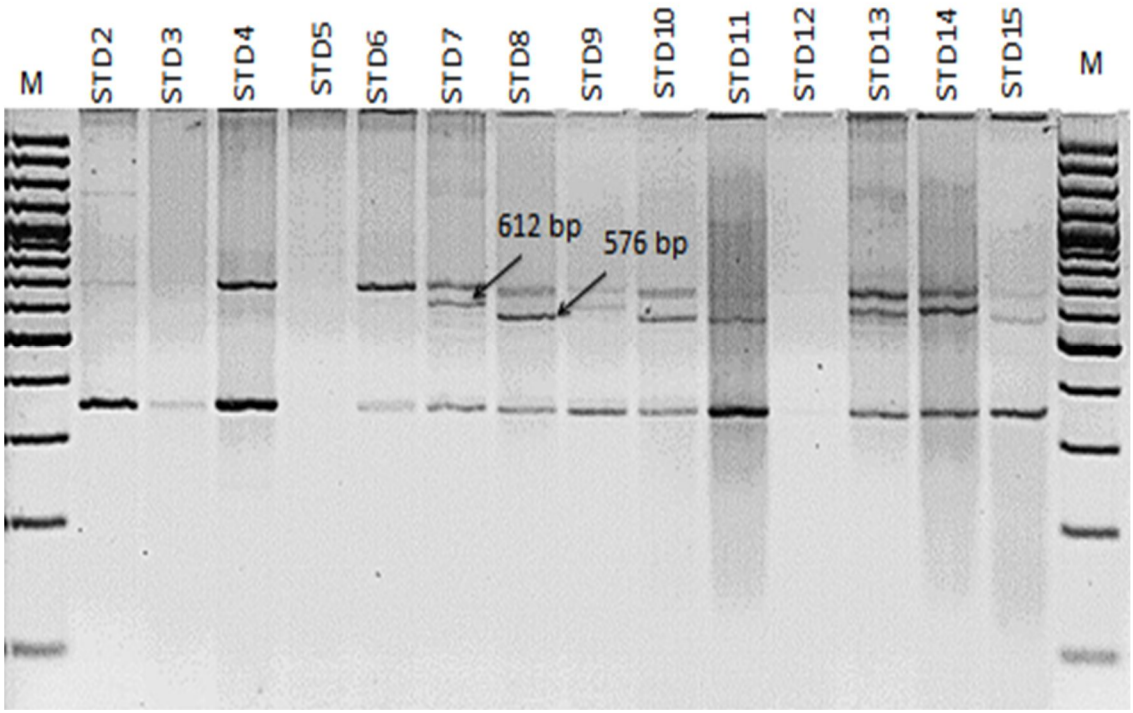
3.1. PZR çalışmalarından elde edilen bulgular

Primer 1, Dx5 ve Dx2 allellerini amplifiye etmektedir [51, 53, 285, 343, 344]. Bu primer ile yapılan çalışmalarda örneklerden ve standartlardan elde edilen bant profillerine ait agaroz jel görüntüleri Şekil 3.1'de ve tablo halinde Tablo 3.1 ve 3.2'de verilmiştir. Bu primer ile yapılan PZR çalışmaları sonucu 20 örnekte DX5 (TR32668-2, TR45370-2, TR48025-3, TR33264-6, TR51937-1, TR51937-2, TR33500-4, TR45420-5, TR44433-5, TR52021-6, TR52021-3, TR45104, TR45105, TR38913, TR50452, TR52645, TR51937, TR55316, TR63281 ve TR63536) ve 39 örnekte de (TR32780-2, TR45105-6, TR31894-3, TR45422-2, TR44984-5, TR44388-6, TR48373-1, TR54988-1, TR54989-4, TR35147-4, TR45306-2, TR45306-5, TR35409-1, TR35408-4, TR55127-6, TR37383, TR32034, TR32218, TR26233, TR26746, TR44365, TR31678, TR45080, TR46804, TR47944, TR47961, TR48050, TR38913, TR3664, TR50423, TR50443, TR52669, TR52784, TR52873, TR55110, TR56099, TR62808, TR63538 ve TR63731) DX2 alelleri 450 bp büyüklüğünde bir band vermiştir. Amplifiye olan bu allellerin Dx5 mi yoksa Dx2 mi olduğuna yapılan SDS-PAGE çalışmaları incelenerek karar verilmiştir.



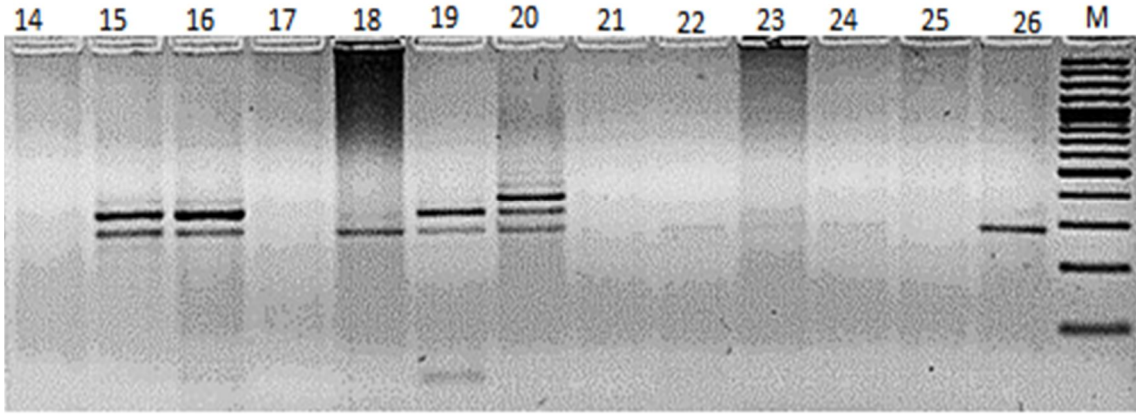
Şekil 3.1 Primer 1 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. **STD2.** Drago, **STD3.** Lobeiro, **STD4.** Lira, **STD5.** Svevo, **STD6.** Duramba, **STD7.** Ak 702, **STD8.** Bezostaya 1, **STD9.** Kate A1, **STD10**. Bayraktar, **STD11.** Mızrak, **STD12.** Yakar, **STD13.** Atay 85, **STD14.** Gerek 79, **STD15.** Tosunbey, **M.** Markır (100 bp).

Primer 2 ile yapılan PZR çalışmalarının agaroz jel görüntüleri Şekil 3.2'de ve tablo halinde de Tablo 3.1 ve Tablo 3.2'de verilmiştir. Primer 2 buğdayın D genomunda 10 ve 12 alt ünitelerini amplifiye etmektedir [51, 344]. 576 bp'de Dy10, 612 bp'de ise Dy12 alt üniteleri amplifiye olmaktadır. Bu primer ile yapılan çalışmalarda 15 örnekte Dy10 (576 bp), 73 örnekte Dy12 (612 bp) amplifiye olmuş 38 örnekte amplifikasyon gerçekleşmemiştir. Bu primer ile yapılan çalışmada yaklaşık 350 bp'de ve 800 bp'de olmak üzere bazı örneklerde non-spesifik iki bant da gözlenmiştir.



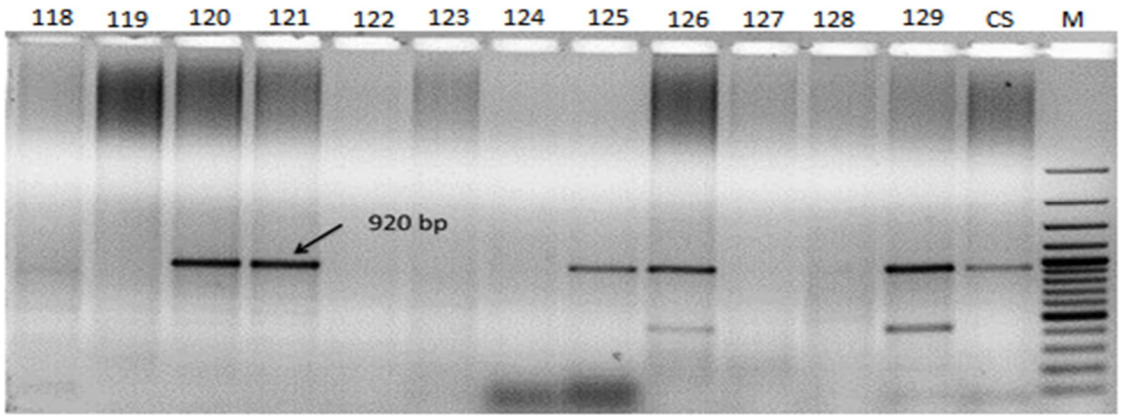
Şekil 3.2 Primer 2 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. **STD2.** Drago, **STD3.** Lobeiro, **STD4.** Lira, **STD5.** Svevo, **STD6.** Duramba, **STD7.** Ak 702, **STD8.** Bezostaya 1, **STD9.** Kate A1, **STD10**. Bayraktar, **STD11.** Mızrak, **STD12.** Yakar, **STD13.** Atay 85, **STD14.** Gerek 79, **STD15.** Tosunbey, **M.** Markır (100 bp).

Primer 3 (By18*, By20, By8, By8*, By9, By16) 290-400 bp büyüklüğünde 1 ila 3 arasında değişen sayıda bant vermektedir [62, 345]. Bu primer ile yapılan çalışmalarda 19 örnekte tek bant (By18*), 58 örnekte çift bant (By20) ve 22 örnekte de üç bant (By8, By8*, By9) elde edilmiş ve örneklere ve standartlara ait agaroz jel görüntüleri Şekil 3.3'de ve tablo halinde de Tablo 3.1 ve 3.2'de verilmiştir.



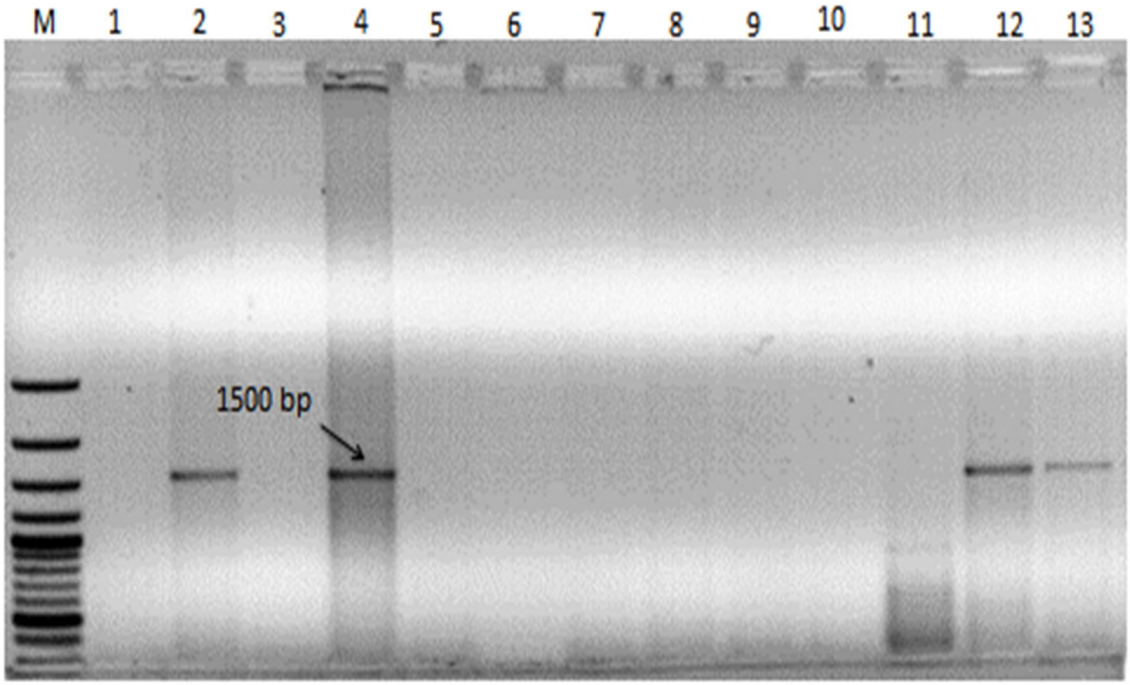
Şekil 3.3 Primer 3 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. **14.** TR39660-1-Kars, **15.** TR45105-6-Kars, **16.** TR48025-3-Kars, **17.** TR33264-6-Edirne, **18.** TR51937-1-Edirne, **19.** TR51937-2-Edirne, **20.** TR33500-4-Kırklareli, **21.** TR33500-6-Kırklareli, **22.** TR38316-4-Kırklareli, **23.** TR36948-1-Bolu, **24.** TR46861-3-Bolu, **25.** TR37492-1-K.maraş, **26.** TR37492-2-K.maraş, **M.** Markır (100 bp).

Primer 4 (Axnull) örneklerde A genomunda bulunan, SDS-PAGE ile bant vermeyen null allelleri amplifiye etmekte ve 920 bp büyüklüğünde amplifikasyon ürünü vermektedir [344, 345]. Bu primer ile yapılan çalışmalarda 39 örnekte amplifikasyon elde edilmiştir. Yapılan PZR çalışmalarına ait agaroz jel görüntüleri Şekil 3.4'de ve örneklere ait bant profilleri tablo halinde Tablo 3.1-2'de verilmiştir. Buna ek olarak 3 örnekte (TR55164-1 Eskişehir, TR57999-6 Eskişehir, TR26233 İçel) yaklaşık 480 bp'de spesifik olmayan bir bant elde edilmiştir.



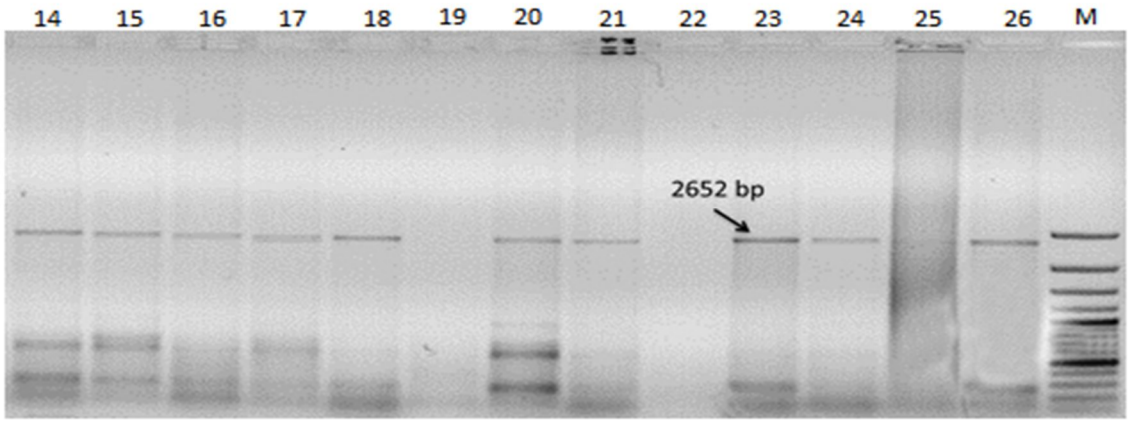
Şekil 3.4 Primer 4 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. **118.** TR51937 Kocaeli, **119.** TR55316 Adana, **120.** TR55110 Antalya, **121.** TR56099 Afyon, **122.** TR62808 Isparta, **123.** TR63281 Çanakkale, **124.** TR63322 Tunceli, **125.** TR63329 Ardahan, **126.** TR63371 İzmir, **127.** TR63536 Nevşehir, **128.** TR63538 Karaman, **129.** TR63731 Niğde, **CS.** Chinese Spring, **M.** Markır (100 bp).

Primer 5 Ax1 ve Ax2* allellerini amplifiye etmekte ve 1500 bp büyüklüğünde bant vermektedir [344, 345]. Bu primer ile yapılan PZR çalışmalarında 82 örnekte spesifik bant elde edilmiştir. Buna ek olarak bir örnekte 250 bp (TR45105 Artvin), 6 örnekte 800 bp (TR45105 Artvin, TR50443 Diyarbakır, TR52645 Balıkesir, TR52669 Bursa, TR51937 Kocaeli, TR63538 Karaman) ve bir örnekte (TR44433-5 Tokat) de 1900 bp civarında spesifik olmayan bantlar elde edilmiştir. Bu primer ile yapılan çalışmalardan elde edilen agaroz jel görüntüleri Şekil 3.5 ve bant profilleri Tablo 3.1 ve 3.2'de verilmiştir.



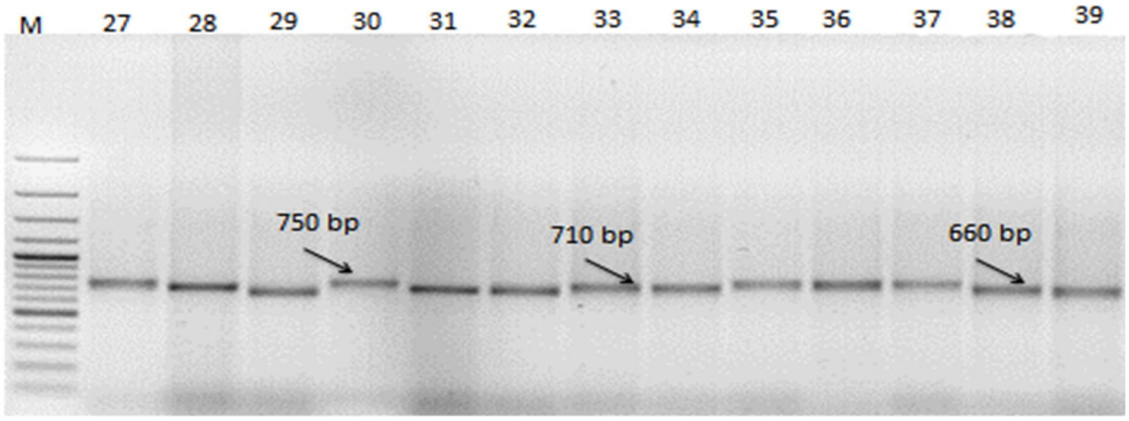
Şekil 3.5 Primer 5 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. **1.** TR32650-5-Erzurum, **2.** TR32668-2-Erzurum, **3.** TR32780-2-Erzurum, **4.** TR32846-6-Erzurum, **5.** TR45370-2-Erzurum, **6.** TR48034-6-Erzurum, **7.** TR32273-4-Van, **8.** TR39676-4-Van, **9.** TR45402-3-Van, **10.** TR45398-4-Van, **11.** TR47993-1-Van, **12.** TR32761-6-Kars, **13**. TR32881-2-Kars, **M.** Markır (100 bp).

Primer 6 Ax2* allelini amplifiye etmekte ve 2652 bp büyüklüğünde bant vermektedir [344, 345]. Bu primer ile yapılan PZR çalışmalarında 75 örnekte spesifik bant elde edilmiştir. Buna ek olarak 3 örnekte (TR26746 Bilecik, TR47944 Çankırı ve TR52645 Balıkesir) yaklaşık 2500 bp ve 2700 bp de olmak üzere çift bant elde edilmiştir. Bu primer ile yapılan çalışmalardan elde edilen agaroz jel görüntüleri Şekil 3.6 ve bant profilleri Tablo 3.1 ve 3.2'de verilmiştir.



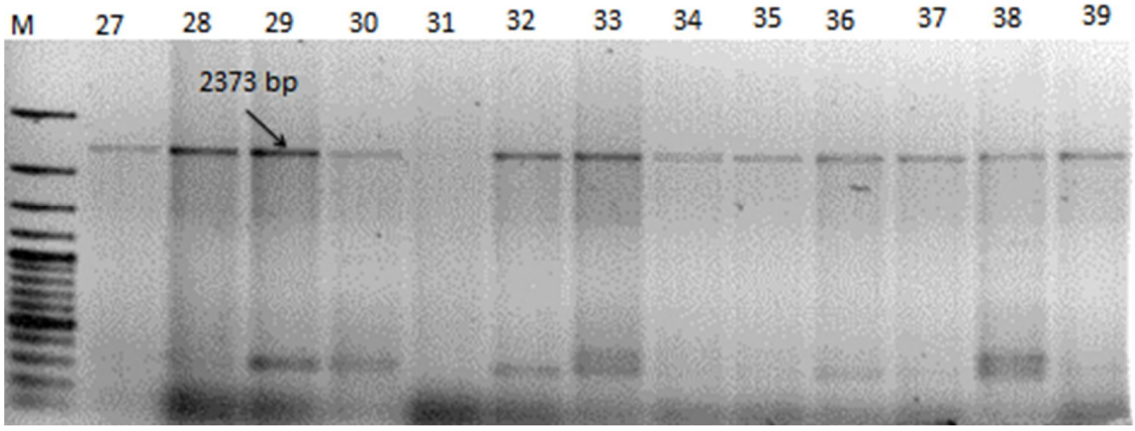
Şekil 3.6 Primer 6 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. **14.** TR39660-1-Kars, **15.** TR45105-6-Kars, **16.** TR48025-3-Kars, **17.** TR33264-6-Edirne, **18.** TR51937-1-Edirne, **19.** TR51937-2-Edirne, **20.** TR33500-4-Kırklareli, **21.** TR33500-6-Kırklareli, **22.** TR38316-4-Kırklareli, **23.** TR36948-1-Bolu, **24.** TR46861-3-Bolu, **25.** TR37492-1-K.maraş, **26.** TR37492-2-K.maraş, **M.** Markır (100 bp).

Primer 7 farklı spesifik üç bant vermektedir (750 bp, 710 bp ve 660 bp) [62, 345]. 750 bp'de By20*, 710 bp'de By8, By8* ve By18*, 660 bp'de ise By9 allelleri amplifiye olmaktadır. Yapılan PZR çalışmaları sonucunda 37 örnek 750 bp (By20*)'de; 71 örnek 710 bp (By8, By8*, By18*)'de ve 18 örnek de 660 bp (By9)'de amplifikasyon vermiştir. TR32218 Şırnak ve TR52873 Manisa örnekleri yaklaşık 500 bp'de ek bir bant daha vermiştir. Bu primer ile yapılan çalışmalardan elde edilen agaroz jel görüntüleri Şekil 3.7 ve bant profilleri Tablo 3.1 ve 3.2'de verilmiştir.



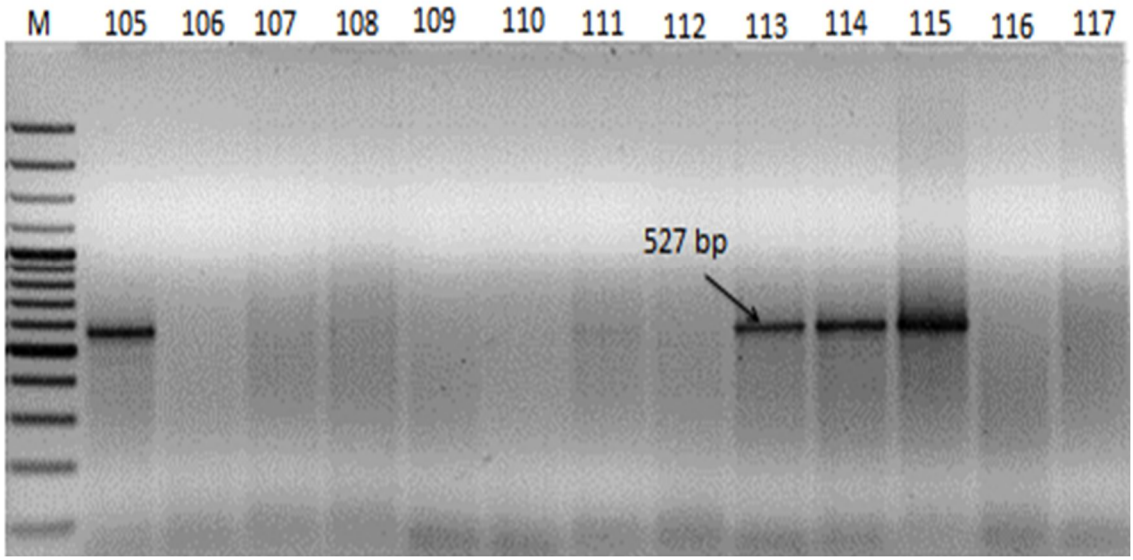
Şekil 3.7 Primer 7 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. **27.** TR37492-4-K.maraş, **28.** TR32009-5-K.maraş, **29.** 393-5 K.maraş, **30.** TR31894-3-Malatya, **31.** TR31894-6-Malatya, **32**. TR32014-5-Malatya, **33.** TR37234-1-Kastamonu, **34.** TR32125-3-Kastamonu, **35.** TR32218-1-Siirt, **36.** TR32218-5-Siirt, **37.** TR32218-6-Siirt, **38.** TR32231-5-Hakkari, **39.** TR32231-6-Hakkari, **M.** Markır (100 bp).

Primer 8 Bx7 allelini amplifiye etmekte ve 2373 bp'de amplifikasyon vermektedir [51, 344]. Bu primer ile yapılan PZR çalışmaları sonucunda 77 örnekte spesifik bant (2373 bp) gözlenmiştir. Buna ek olarak 5 örnekte (TR32034 KAYSERİ, TR44365 Sakarya, TR46804 Hatay, TR45105 Artvin ve TR47944 Çankırı) yaklaşık 1400 bp'de; 2 örnekte (TR26746 Bilecik ve TR45105 Artvin) yaklaşık 2500 bp'de; 44 örnekte (TR32846-6 Erzurum, TR47993-1 Van, TR32761-6 Kars, TR32881-2 Kars, 393-5 Kahramanmaraş, TR31894-3 Malatya, TR32014-5 Malatya, TR37234-1 Kastamonu, TR32218-5 Siirt, TR32231-5 Hakkari, TR14861-5 Gümüşhane, TR44487-4 Gümüşhane, TR44365-4 Samsun, TR44388-6 Tokat, TR44433-5 Tokat, TR48373-1 Tokat, TR54988-1 Tokat, TR54989-4 Tokat, TR35147-4 Yozgat, TR37383 Çorum, TR26233 İçel, TR31678 Mardin, TR45080 Adapazarı, TR45094 Ankara, TR45104 Rize, TR46804 Hatay, TR45105 Artvin, TR38913 İstanbul, TR3664 Uşak, TR50452 Şanlıurfa, TR50423 Gaziantep, TR50443 Diyarbakır, TR52645 Balıkesir, TR52669 Bursa, TR52784 Muğla, TR52873 Manisa, TR51937 Kocaeli, TR55316 Adana, TR55110 Antalya, TR56099 Afyon, TR62808 Isparta, TR63371 İzmir, TR63538 Karaman ve TR63731 Niğde) yaklaşık 250 bp'de ve bir örnekte (TR52645 Balıkesir) de yaklaşık 500 bp'de ek bir veya birkaç bant daha gözlenmiştir. Standartlardan CS, Ak 702, Bezostaya 1, Kate A1, Bayraktar, Mızrak, Atay 85, Gerek ve Tosunbey'de de 350 bp'de de bu ek bant gözlenmiştir. Bu primer ile yapılan çalışmalardan elde edilen agaroz jel görüntüleri Şekil 3.8 ve bant profilleri Tablo 3.1 ve 3.2'de verilmiştir.



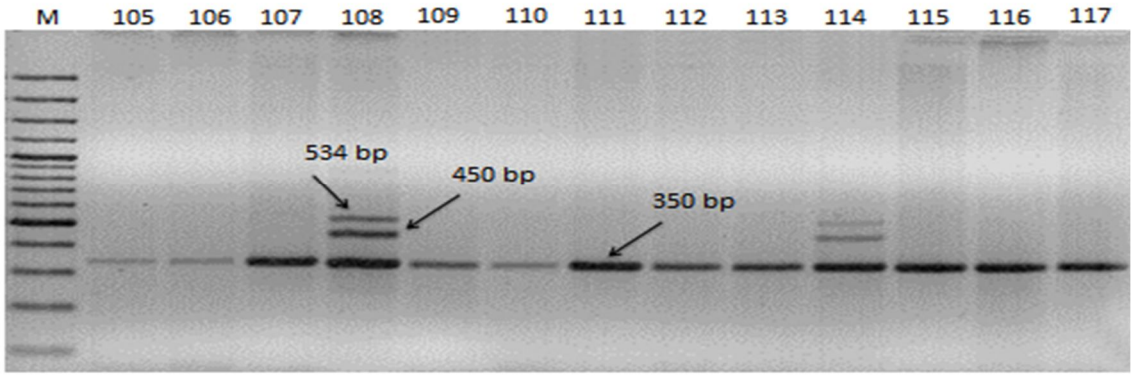
Şekil 3.8 Primer 8 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. **27.** TR37492-4-K.maraş, **28.** TR32009-5-K.maraş, **29.** 393-5 K.maraş, **30.** TR31894-3-Malatya, **31.** TR31894-6-Malatya, **32**. TR32014-5-Malatya, **33.** TR37234-1-Kastamonu, **34.** TR32125-3-Kastamonu, **35.** TR32218-1-Siirt, **36.** TR32218-5-Siirt, **37.** TR32218-6-Siirt, **38.** TR32231-5-Hakkari, **39.** TR32231-6-Hakkari, **M.** Markır (100 bp).

Primer 9, By8 allelini amplifiye etmekte ve 527 bp'de amplifikasyon vermektedir [62, 345]. Bu primer ile yapılan PZR çalışmaları sonucunda 37 örnekte spesifik bant gözlenmiştir. Standartlardan ise CS, Bayraktar ve Gerek'te spesifik bant gözlenmiştir. Bu primer ile yapılan çalışmalardan elde edilen agaroz jel görüntüleri Şekil 3.9 ve bant profilleri Tablo 3.1 ve 3.2'de verilmiştir.



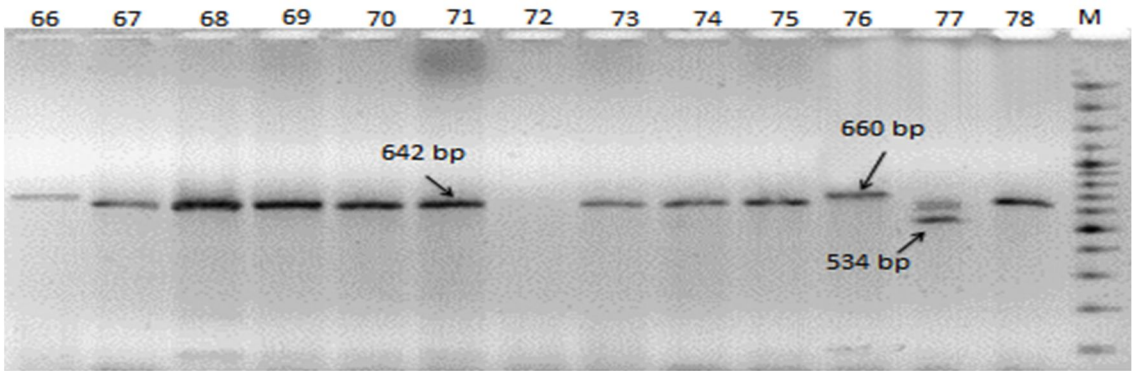
Şekil 3.9 Primer 9 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. **105.** TR47961 Muş, **106.** TR48050 Erzincan, **107.** TR38913 İstanbul, **108.** TR3664 Uşak, **109.** TR50452 Şanlıurfa, **110.** TR50423 Gaziantep, **111.** TR50443 Diyarbakır, **112.** TR52645 Balıkesir, **113.** TR52669 Bursa, **114.** TR52753 Aydın, **115.** TR52784 Muğla, **116.** TR52824 Burdur, **117.** TR52873 Manisa, **M.** Markır (100 bp).

Primer 10 (Bx14, Bx17) ko-dominant bir markır olup Bx bölgesini amplifiye etmek için dizayn edilmiştir. Özellikle Bx14 (450 bp) ve Bx17 (350 bp) allelleri amplifiye edilmektedir [15]. Bu primer ile yapılan çalışmalarda TR38316-4 Kırklareli, TR52865-1 Denizli ve TR45094 Ankara örnekleri hariç diğer 126 örnekte amplifikasyon gerçekleşmiştir. TR44365-5 Samsun, TR50455-4 Adıyaman, TR32218 Şırnak, TR26233 İçel ve TR44365 Sakarya örneklerinde Bx17 allellerinin aşırı ekspresyonları söz konusudur (534 bp). Bu primer genel olarak Bx17, Bx14, Bx13, Bx7 ve Bx6 allellerinin varlığında amplifikasyon vermektedir [15]. Örneklere ve standartlara ait agaroz jel görüntüleri Şekil 3.10'da ve tablo halinde de Tablo 3.1 ve 3.2'de verilmiştir.



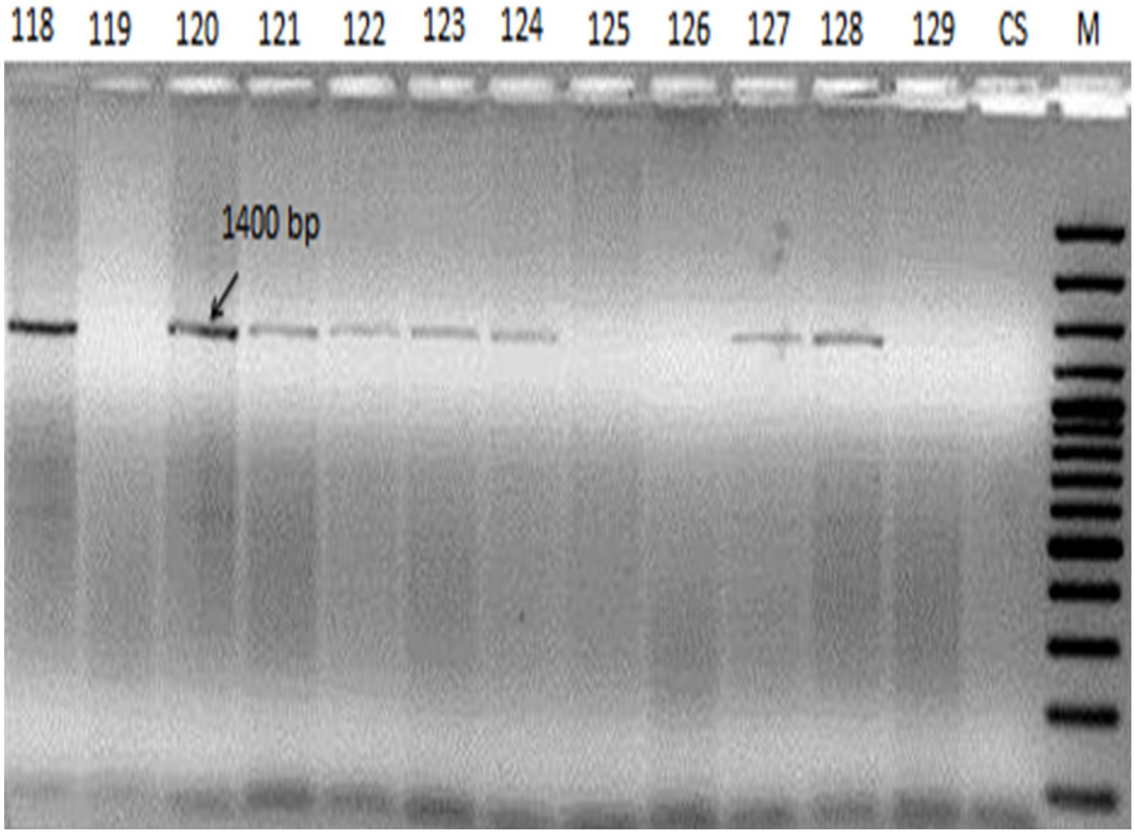
Şekil 3.10 Primer 10 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. **105.** TR47961 Muş, **106.** TR48050 Erzincan, **107.** TR38913 İstanbul, **108.** TR3664 Uşak, **109.** TR50452 Şanlıurfa, **110.** TR50423 Gaziantep, **111.** TR50443 Diyarbakır, **112.** TR52645 Balıkesir, **113.** TR52669 Bursa, **114.** TR52753 Aydın, **115.** TR52784 Muğla, **116.** TR52824 Burdur, **117.** TR52873 Manisa, **M.** Markır (100 bp).

Primer 11 (Bx14, Bx17) de primer 10 gibi Bx bölgesini amplifiye etmek için dizayn edilmiştir [15]. Özellikle Bx14 (652 bp), Bx17 (534 bp) ve aşırı eksprese Bx17 (660 bp) allelleri amplifiye edilmektedir. Bu primer ile yapılan çalışmalarda üç farklı bant elde edilebilmektedir (534 bp, 642 bp ve 660 bp) [15]. Bu primer ile yapılan PZR çalışmalarında 14 örnek dışında (TR32780-2 Erzurum, TR45370-2 Erzurum, TR48037-6 Erzurum, TR45402-3 Van, TR45398-4 Van, TR48025-3 Kars, TR51937-2 Edirne, TR38316-4 Kırklareli, TR46861-3 Bolu, TR31894-6 Malatya, TR44365-5 Samsun, TR38888-6 Adıyaman, TR63316-4 Konya, TR45094 Ankara) diğer 115 örnekte amplifikasyon elde edilmiştir. Örneklere ve standartlara ait agaroz jel görüntüleri Şekil 3.11'de ve tablo halinde de Tablo 3.1 ve 3.2'de verilmiştir.



Şekil 3.11 Primer 11 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. **66.** TR46889-2-Sivas, **67.** TR45324-2-Sivas, **68.** TR48061-4-Sivas, **69.** TR53299-1-Sivas, **70.** TR53343-5-Sivas, **71.** TR55002-3-Sivas, **72.** TR63316-4-Konya, **73.** TR35409-1-Konya, **74.** TR52021-6-Konya, **75.** TR52021-3-Konya, **76.** TR35408-4-Konya, **77.** TR52859-4-Denizli, **78.** TR52860-3-Denizli, **M.** Markır (100 bp).

Primer 12, Ax2* allelini amplifiye etmekte ve 1400 bp'de spesifik bant vermektedir [61]. Bu primer ile yapılan PZR çalışmalarında 77 örnekte spesifik bant gözlenmiştir. 2 örnekte (TR32743 Ağrı, TR52824 Burdur) sadece yaklaşık 550 bp'de spesifik olmayan bir bant gözlenmiştir. Bunun yanı sıra 10 örnekte (TR53299-1 Sivas, TR35409-1 Konya, TR55164-1 Eskişehir, TR57999-2 Eskişehir, TR57999-6 Eskişehir, TR32034 Kayseri, TR32218 Şırnak, TR26233 İçel, TR26746 Bilecik, TR46804 Hatay) 1400 bp'deki spesifik banta ek olarak yaklaşık 550 bp'de ek bir bant daha gözlenmiştir. Örneklere ve standartlara ait agaroz jel görüntüleri Şekil 3.12'de ve tablo halinde de Tablo 3.1 ve 3.2'de verilmiştir.

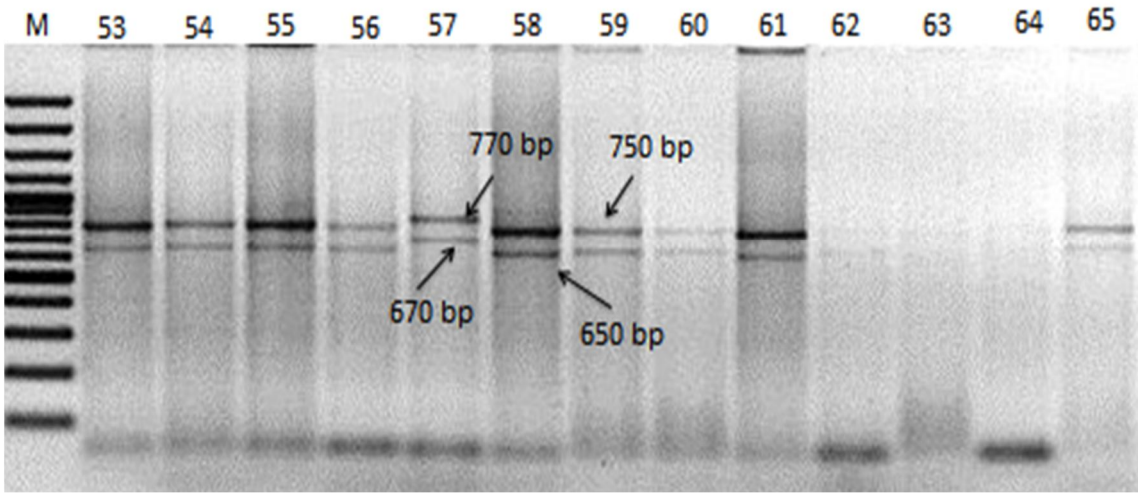


Şekil 3.12 Primer 12 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. **118.** TR51937 Kocaeli, **119.** TR55316 Adana, **120.** TR55110 Antalya, **121.** TR56099 Afyon, **122.** TR62808 Isparta, **123.** TR63281 Çanakkale, **124.** TR63322 Tunceli, **125.** TR63329 Ardahan, **126.** TR63371 İzmir, **127.** TR63536 Nevşehir, **128.** TR63538 Karaman, **129.** TR63731 Niğde, **CS.** Chinese Spring, **M.** Markır (100 bp).

Primer 13, Bx lokusuna spesifiktir ve bu lokusta özellikle Bx17 allelinin varlığında bant vermektedir [61]. Bu primer ile yapılan çalışmalarda iki farklı bant elde edilebilmektedir. Bunlardan ilki 670-770 bp büyüklüğünde ve Bx17 allelinin varlığında

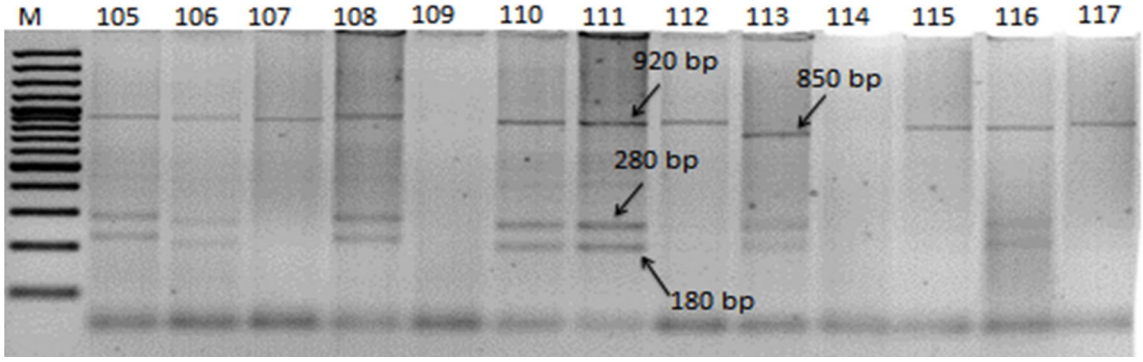
görülen bant, ikincisi ise 650-750 bp büyüklüğünde olan ve Bx17 dışında diğer B genomunun allellerinin varlığında görülen banttır.

Bu primer ile yapılan PZR çalışmalarında 11 örnekte (TR45306-2 Yozgat, TR55153-4 Eskişehir, TR55164-1 Eskişehir, TR57999-6 Eskişehir, TR3664 Uşak, TR52753 Aydın, TR52873 Manisa, TR51937 Kocaeli, TR55316 Adana, TR55110 Antalya, TR56099 Afyon) Bx17 alleli amplifiye olmuştur (670-770 bp). 99 örnekte Bx17 dışında diğer Bx allelleri amplifikasyon vermiştir. 19 örnekte ise herhangi bir amplifikasyon gözlenmemiştir. Örneklere ve standartlara ait agaroz jel görüntüleri Şekil 3.13'de ve tablo halinde de Tablo 3.1 ve 3.2'de verilmiştir.



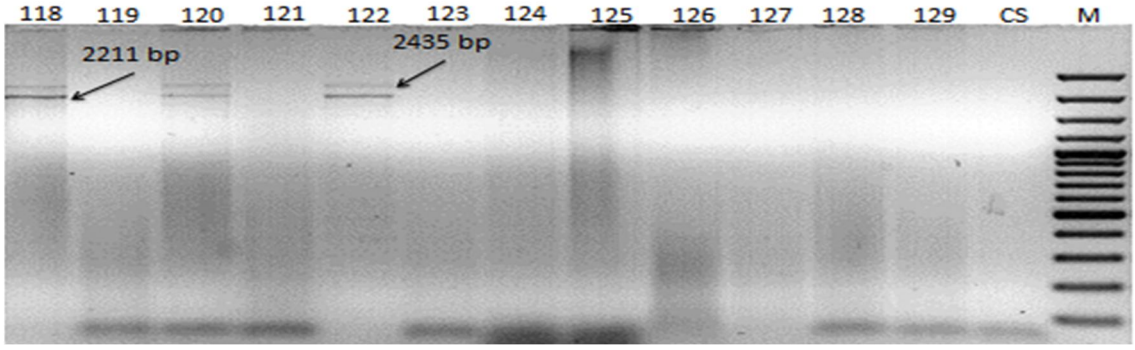
Şekil 3.13 Primer 13 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. **53.** TR54988-1-Tokat, **54.** TR54989-4-Tokat, **55.** TR35147-4-Yozgat, **56.** TR45303-4-Yozgat, **57.** TR45306-2-Yozgat, **58.** TR45306-5-Yozgat, **59.** TR45308-2-Yozgat, **60.** TR53862-5-Yozgat, **61.** TR46810-5-Adıyaman, **62.** TR46822-2-Adıyaman, **63.** TR38888-6-Adıyaman, **64.** TR50455-4-Adıyaman, **65.** TR49018-1-Adıyaman, **M.** Markır (100 bp).

Primer 14, Bx6, Bx7 ve Bx7* allellerini amplifiye etmektedir ve 1 ila 7 banta kadar bant görülebilmektedir [345]. Bx6 amplifikasyonunda tek bant (850-920 bp), Bx7 amplifikasyonunda 4-5 bant (420-640 bp) ve Bx7* amplifikasyonunda 2-4 bant (180-280 bp) elde edilebilmektedir. Bu primer ile yapılan çalışmalarda 31 örnekte sadece Bx6 amplifikasyon vermişken 31 örnekte de Bx6 ve Bx7* birlikte amplifikasyon vermiştir. Hiçbir örnekte Bx7 amplifikasyonu gözlenmemiştir. Örneklere ve standartlara ait agaroz jel görüntüleri Şekil 3.14'de ve tablo halinde de tablo 3.1 ve 3.2'de verilmiştir.



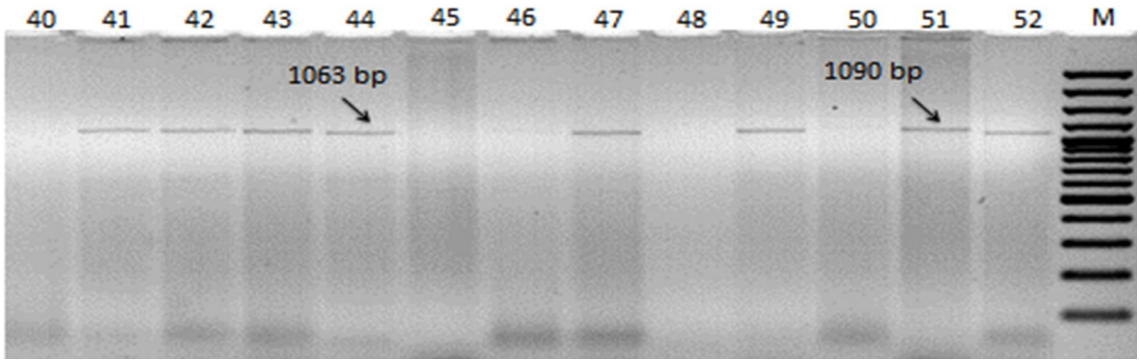
Şekil 3.14 Primer 14 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. **105.** TR47961 Muş, **106.** TR48050 Erzincan, **107.** TR38913 İstanbul, **108.** TR3664 Uşak, **109.** TR50452 Şanlıurfa, **110.** TR50423 Gaziantep, **111.** TR50443 Diyarbakır, **112.** TR52645 Balıkesir, **113.** TR52669 Bursa, **114.** TR52753 Aydın, **115.** TR52784 Muğla, **116.** TR52824 Burdur, **117.** TR52873 Manisa, **M.** Markır (100 bp).

Primer 15, Dx10 ve Dy10 allellerini amplifiye etmekte, 2211 bp (Dy10) ve 2435 bp (Dx10) büyüklüğünde iki bant oluşmaktadır [346]. Bu primer ile yapılan çalışmalarda 14 örnekte Dy10 (TR32780-2 Erzurum, TR45370-2 Erzurum, TR32761-6 Kars, TR32881-2 Kars, TR54988-1 Tokat, TR55002-3 Sivas, TR46810-5 Adıyaman, TR52021-3 Konya, TR55153-4 Eskişehir, TR26746 Bilecik, TR45105 Artvin, TR3664 Uşak, TR50443 Diyarbakır), bir örnekte (TR52784 Muğla) Dx10 ve 13 örnekte (TR51937-1 Edirne, TR33500-4 Kırklareli, TR35408-4 Konya, TR52859-4 Denizli, TR57999-6 Eskişehir, TR32743 Ağrı, TR32034 Kayseri, TR47944 Çankırı, TR38913 İstanbul, TR52645 Balıkesir, TR51937 Kocaeli, TR55110 Antalya, TR62808 Isparta) de Dx10 ve Dy10 birlikte amplifiye olmuştur. Örneklere ve standartlara ait agaroz jel görüntüleri Şekil 3.15'de ve tablo halinde de Tablo 3.1 ve 3.2'de verilmiştir.



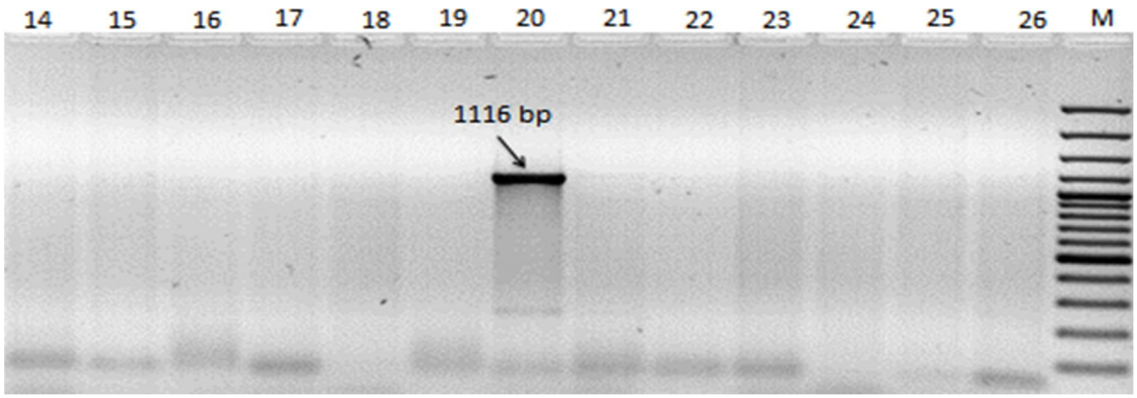
Şekil 3.15 Primer 15 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. **118.** TR51937 Kocaeli, **119.** TR55316 Adana, **120.** TR55110 Antalya, **121.** TR56099 Afyon, **122.** TR62808 Isparta, **123.** TR63281 Çanakkale, **124.** TR63322 Tunceli, **125.** TR63329 Ardahan, **126.** TR63371 İzmir, **127.** TR63536 Nevşehir, **128.** TR63538 Karaman, **129.** TR63731 Niğde, **CS.** Chinese Spring, **M.** Markır (100 bp).

Primer 16, hekzaploit buğdayın A genomunda bulunan *Glu-A1*-1 (1090 bp) ve *Glu-A1*-2* (1063 bp) allellerini amplifiye etmektedir [56]. Bu primer ile yapılan PZR çalışmalarında 54 örnekte Ax2*, 6 örnekte ise A1-1 allelleri amplifiye olmuştur. 69 örnekte ise herhangi bir amplifikasyon gözlenmemiştir. Örneklere ve standartlara ait agaroz jel görüntüleri Şekil 3.16'da ve tablo halinde de Tablo 3.1 ve 3.2'de verilmiştir.



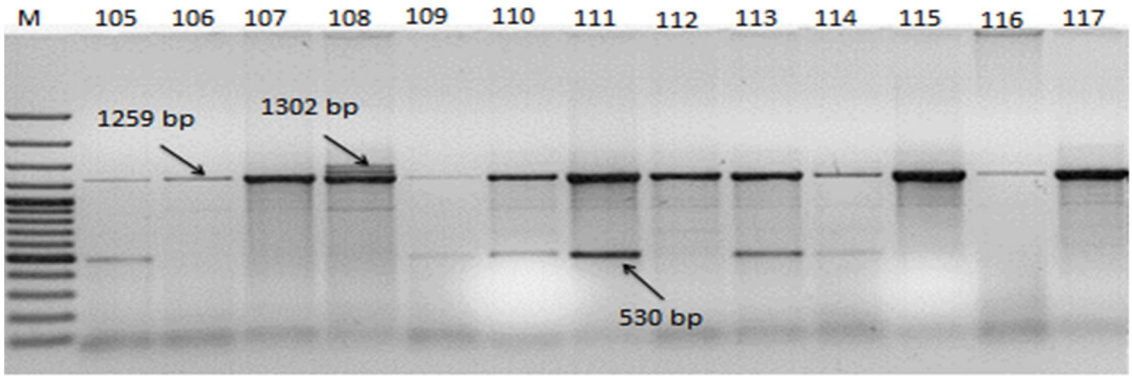
Şekil 3.16 Primer 16 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. **40.** TR45420-5-Hakkari, **41.** TR45422-2-Hakkari, **42.** TR47983-3-Hakkari, **43.** TR14857-3-Gümüşhane, **44.** TR14861-5-Gümüşhane, **45.** TR44487-4-Gümüşhane, **46.** TR46873-4-Gümüşhane, **47.** TR44365-4-Samsun, **48.** TR44365-5-Samsun, **49.** TR44984-5-Samsun, **50.** TR44388-6-Tokat, **51.** TR44433-5-Tokat, **52.** TR48373-1-Tokat, **M.** Markır (100 bp).

Primer 17, dominant Glu-Bx7 allelini amplifiye etmekte ve 1116 bp'de bant vermektedir [56]. Bu primer ile yapılan PZR çalışmalarında 3 örnek (TR33500-4 Kırklareli, TR52669 Bursa, TR52784 Muğla) amplifikasyon vermiştir. Örneklere ve standartlara ait agaroz jel görüntüleri Şekil 3.17'de ve tablo halinde de Tablo 3.1 ve 3.2'de verilmiştir.



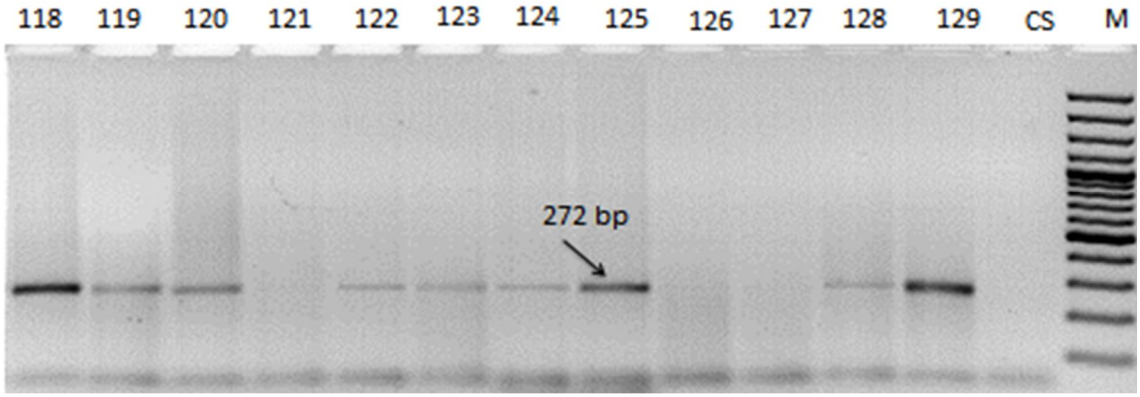
Şekil 3.17 Primer 17 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. **14.** TR39660-1-Kars, **15.** TR45105-6-Kars, **16.** TR48025-3-Kars, **17.** TR33264-6-Edirne, **18.** TR51937-1-Edirne, **19.** TR51937-2-Edirne, **20.** TR33500-4-Kırklareli, **21.** TR33500-6-Kırklareli, **22.** TR38316-4-Kırklareli, **23.** TR36948-1-Bolu, **24.** TR46861-3-Bolu, **25.** TR37492-1-K.maraş, **26.** TR37492-2-K.maraş, **M.** Markır (100 bp).

Primer 18, aşırı ifade edilen (1302 bp) ve aşırı ifade edilmeyen (1259 bp) Bx7 allellerini amplifiye etmektedir [56]. Bu primer ile yapılan PZR çalışmalarında 12 örnekte aşırı ifade olan Bx7 alleli, 76 örnekte ise aşırı ifade edilmeyen Bx7 alleli amplifiye olmuştur. 41 örnekte ise amplifikasyon gerçekleşmemiştir. Örneklere ve standartlara ait agaroz jel görüntüleri Şekil 3.18'de ve tablo halinde de Tablo 3.1 ve 3.2'de verilmiştir.



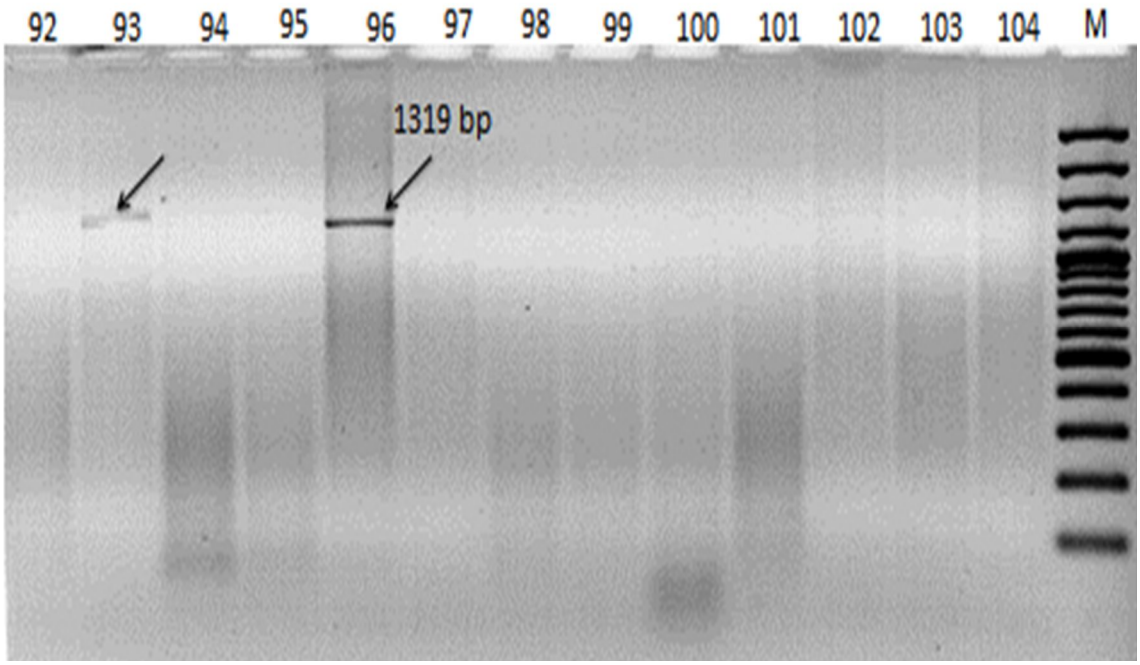
Şekil 3.18 Primer 18 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. **105.** TR47961 Muş, **106.** TR48050 Erzincan, **107.** TR38913 İstanbul, **108.** TR3664 Uşak, **109.** TR50452 Şanlıurfa, **110.** TR50423 Gaziantep, **111.** TR50443 Diyarbakır, **112.** TR52645 Balıkesir, **113.** TR52669 Bursa, **114.** TR52753 Aydın, **115.** TR52784 Muğla, **116.** TR52824 Burdur, **117.** TR52873 Manisa, **M.** Markır (100 bp).

Primer 19, Dx2 ve Dx5 allellerini amplifiye etmektedir [56]. Bu primer ile yapılan PZR çalışmalarında 70 örnekte Dx5 (272 bp) alleli amplifiye olmuştur. Hiçbir örnekte Dx2 amplifikasyon vermemiştir. Örneklere ve standartlara ait agaroz jel görüntüleri Şekil 3.19'da ve tablo halinde de Tablo 3.1 ve 3.2'de verilmiştir.



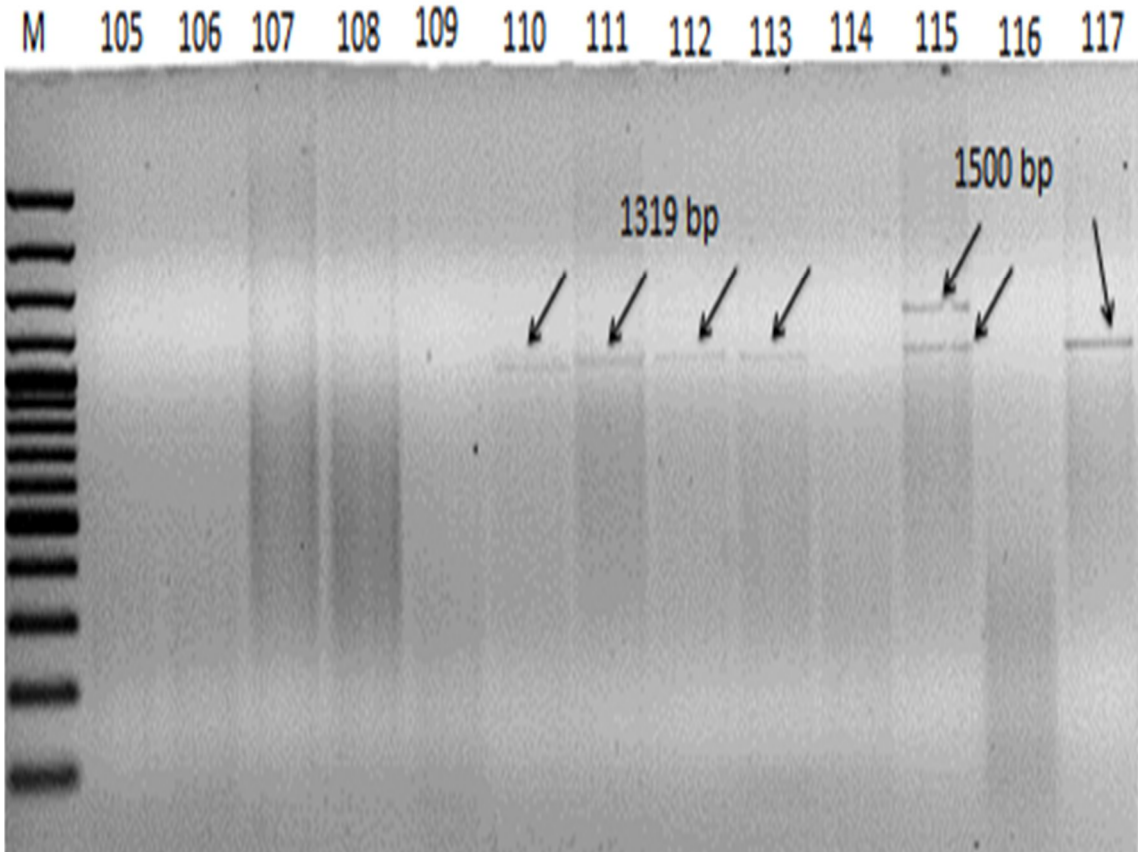
Şekil 3.19 Primer 19 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. **118.** TR51937 Kocaeli, **119.** TR55316 Adana, **120.** TR55110 Antalya, **121.** TR56099 Afyon, **122.** TR62808 Isparta, **123.** TR63281 Çanakkale, **124.** TR63322 Tunceli, **125.** TR63329 Ardahan, **126.** TR63371 İzmir, **127.** TR63536 Nevşehir, **128.** TR63538 Karaman, **129.** TR63731 Niğde, **CS.** Chinese Spring, **M.** Markır (100 bp).

Primer 20, Ax, Ax2* ve Ax1 allellerini amplifiye etmektedir [61]. Bu primer ile yapılan PZR çalışmalarında üç örnekte (TR32034 Kayseri, TR26746 Bilecik, TR52878 Manisa) Ax2* alleli (1319 bp) amplifikasyon vermiştir. Ax ve Ax1 allelleri amplifikasyon vermemiştir. Örneklere ve standartlara ait agaroz jel görüntüleri Şekil 3.20'de ve tablo halinde de Tablo 3.1 ve 3.2'de verilmiştir.



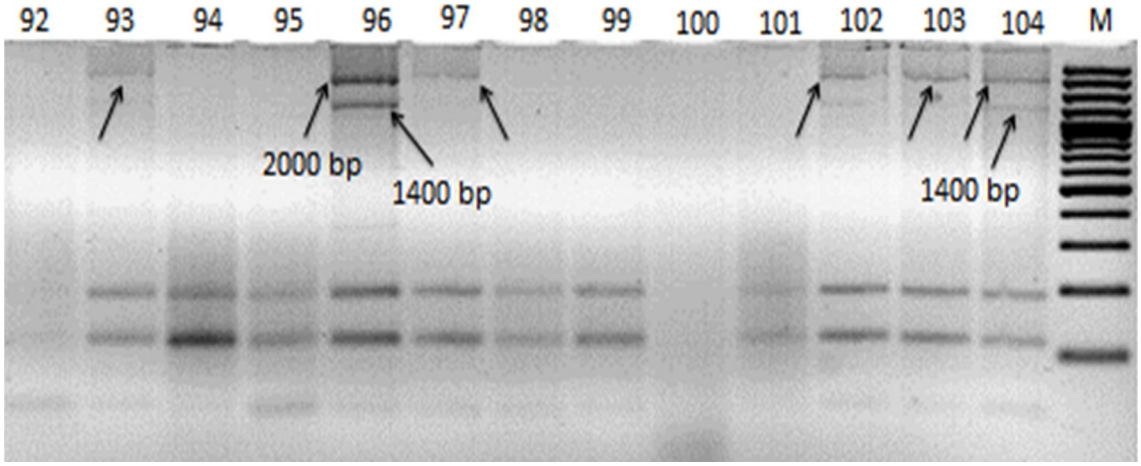
Şekil 3.20 Primer 20 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. **92.** TR37383 Çorum, **93.** TR32034 Kayseri, **94.** TR32218 Şırnak, **95.** TR26233 İçel, **96.** TR26746 Bilecik, **97.** TR44365 Sakarya, **98.** TR31678 Mardin, **99.** TR45080 Adapazarı, **100.** TR45094 Ankara, **101.** TR45104 Rize, **102.** TR46804 Hatay, **103.** TR45105 Artvin, **104.** TR47944 Çankırı, **M.** Markır (100 bp).

Primer 21, primer 20 de olduğu gibi Ax, Ax2* ve Ax1 allellerini amplifiye etmektedir [61]. Bu primer ile yapılan PZR çalışmalarında 12 örnekte (TR32034 Kayseri, TR26746 Bilecik, TR52878 Manisa, TR44365 Sakarya, TR46804 Hatay, TR50423 Gaziantep, TR50443 Diyarbakır, TR52645 Balıkesir, TR52669 Bursa, TR52784 Muğla, TR63538 Karaman, TR63731 Niğde) Ax2* alleli (1319 bp) amplifikasyon vermiştir. Ax ve Ax1 allelleri amplifikasyon vermemiştir. Bunlara ek olarak üç örnekte (TR44365 Sakarya, TR46804 Hatay, TR52784 Muğla) ve standartlardan Ak 702 ve Mızrak'ta bu spesifik banta ilave 1500 bp de ikinci bir spesifik olmayan bant daha görülmüştür. Örneklere ve standartlara ait agaroz jel görüntüleri Şekil 3.21'de ve tablo halinde de Tablo 3.1 ve 3.2'de verilmiştir.



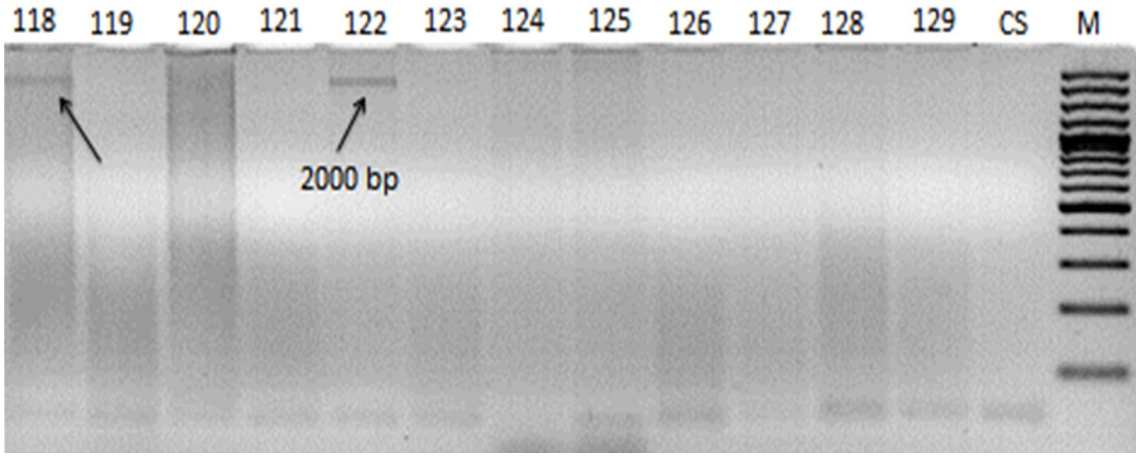
Şekil 3.21 Primer 21 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. **105.** TR47961 Muş, **106.** TR48050 Erzincan, **107.** TR38913 İstanbul, **108.** TR3664 Uşak, **109.** TR50452 Şanlıurfa, **110.** TR50423 Gaziantep, **111.** TR50443 Diyarbakır, **112.** TR52645 Balıkesir, **113.** TR52669 Bursa, **114.** TR52753 Aydın, **115.** TR52784 Muğla, **116.** TR52824 Burdur, **117.** TR52873 Manisa, **M.** Markır (100 bp).

Primer 22 Dy10 alt ünitesini amplifiye etmekte ve 2000 bp'de bant vermektedir [347]. Aynı zamanda bu primer 1400 bp ve 1000 bp büyüklüğünde spesifik olmayan bantlarda verebilmektedir. Bu primer ile yapılan PZR çalışmaları sonucunda 22 örnekte (TR45370-2 Erzurum, TR33500-4 Kırklareli, TR37234-1 Kastamonu, TR32218-1 Siirt, TR32235-5 Hakkari, TR55127-6 Kütahya, TR55144-1 Kütahya, TR55164-2 Eskişehir, TR32034 Kayseri, TR26746 Bilecik, TR44365 Sakarya, TR46804 Hatay, TR45105 Artvin, TR47944 Çankırı, TR3664 Uşak, TR50423 Gaziantep, TR50443 Diyarbakır, TR52645 Balıkesir, TR52784 Muğla, TR52873 Manisa, TR51937 Kocaeli, TR55110 Antalya) spesifik bant elde edilmiştir. 5 örnekte ise (TR26746 Bilecik, TR47944 Çankırı, TR50443 Diyarbakır, TR52784 Muğla, TR52873 Manisa) 1400 bp'de spesifik olmayan bir bant elde edilmiştir. Örneklere ve standartlara ait agaroz jel görüntüleri Şekil 3.22'de ve tablo halinde de tablo 3.1 ve 3.2'de verilmiştir.



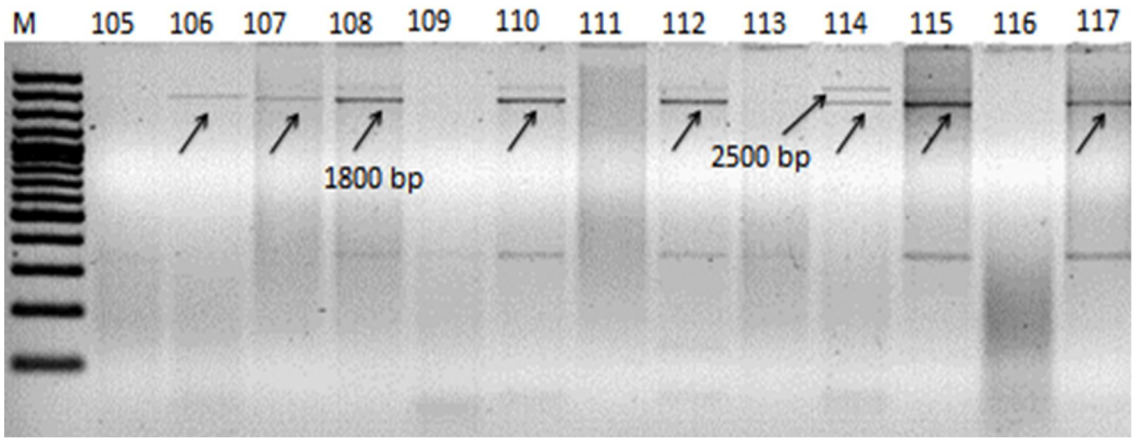
Şekil 3.22 Primer 22 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. **92.** TR37383 Çorum, **93.** TR32034 Kayseri, **94.** TR32218 Şırnak, **95.** TR26233 İçel, **96.** TR26746 Bilecik, **97.** TR44365 Sakarya, **98.** TR31678 Mardin, **99.** TR45080 Adapazarı, **100.** TR45094 Ankara, **101.** TR45104 Rize, **102.** TR46804 Hatay, **103.** TR45105 Artvin, **104.** TR47944 Çankırı, **M.** Markır (100 bp).

Primer 23, Dx5 allelini amplifiye etmekte ve 2000 bp büyüklüğünde bant vermektedir [347]. Bu primer ile yapılan PZR çalışmalarında 14 örnekte (TR32743 Ağrı, TR37383 Çorum, TR32034 Kayseri, TR26746 Bilecik, TR44365 Sakarya, TR46804 Hatay, TR45105 Artvin, TR47944 Çankırı, TR3664 Uşak, TR50443 Diyarbakır, TR52784 Muğla, TR52873 Manisa, TR51937 Kocaeli, TR62808 Isparta) spesifik bant elde edilmiştir. Örneklere ve standartlara ait agaroz jel görüntüleri Şekil 3.23'de ve tablo halinde de Tablo 3.1 ve 3.2'de verilmiştir.



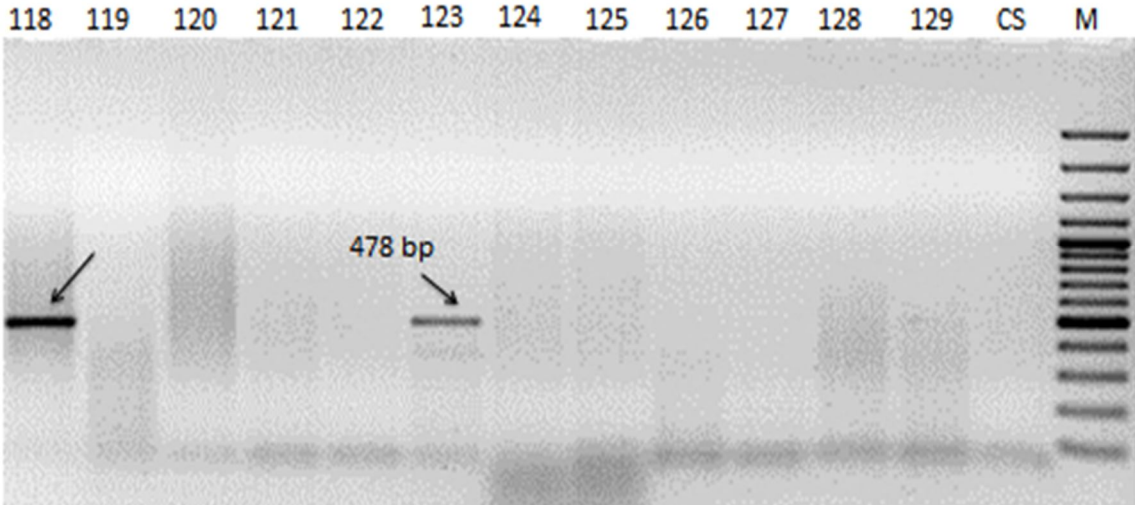
Şekil 3.23 Primer 23 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. **118.** TR51937 Kocaeli, **119.** TR55316 Adana, **120.** TR55110 Antalya, **121.** TR56099 Afyon, **122.** TR62808 Isparta, **123.** TR63281 Çanakkale, **124.** TR63322 Tunceli, **125.** TR63329 Ardahan, **126.** TR63371 İzmir, **127.** TR63536 Nevşehir, **128.** TR63538 Karaman, **129.** TR63731 Niğde, **CS.** Chinese Spring, **M.** Markır (100 bp).

Primer 24, Ax1 allelini amplifiye etmekte ve 1800 bp büyüklüğünde bant vermektedir [347]. Bu primer ile yapılan PZR çalışmalarında 22 örnekte (TR57999-2 Eskişehir, TR32743 Ağrı, TR37383 Çorum, TR32034 Kayseri, TR26746 Bilecik, TR44365 Sakarya, TR45080 Adapazarı, TR45104 Rize, TR46804 Hatay, TR45105 Artvin, TR47944 Çankırı, TR48050 Erzincan, TR38913 İstanbul, TR3664 Uşak, TR50423 Gaziantep, TR52645 Balıkesir, TR52753 Aydın, TR52784 Muğla, TR52873 Manisa, TR56099 Afyon, TR62808 Isparta, TR63538 Karaman) spesifik amplifikasyon elde edilmiştir. Bunun yanı sıra 12 örnekte (TR32034 Kayseri, TR26746 Bilecik, TR44365 Sakarya, TR46804 Hatay, TR45105 Artvin, TR47944 Çankırı, TR3664 Uşak, TR50423 Gaziantep, TR52753 Aydın, TR52784 Muğla, TR56099 Afyon, TR62808 Isparta) yaklaşık 2500 bp büyüklüğünde ve 17 örnekte (TR37383 Çorum, TR32034 Kayseri, TR26746 Bilecik, TR45080 Adapazarı, TR45104 Rize, TR46804 Hatay, TR45105 Artvin, TR47944 Çankırı, TR3664 Uşak, TR50452 Şanlıurfa, TR50423 Gaziantep, TR52645 Balıkesir, TR52669 Bursa, TR52784 Muğla, TR52873 Manisa, TR56099 Afyon, TR63538 Karaman) de yaklaşık 350 bp büyüklüğünde spesifik olmayan bantlarda görülmüştür. standartlardan CS, Ak 702, Bezostaya 1, Kate A1, Bayraktar, Mızrak, Yakar ve Atay 85'de spesifik amplifikasyon gözlenmiş; Ak 702 ve Atay 85'de 2500 bp'de, Bezostaya, Kate A1, Bayraktar, Mızrak ve Atay 85'de ise 350 bp'de ekstra bir spesifik olmayan bant daha gözlenmiştir. Örneklere ve standartlara ait agaroz jel görüntüleri Şekil 3.24'de ve tablo halinde de Tablo 3.1 ve 3.2'de verilmiştir.



Şekil 3.24 Primer 24 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. **105.** TR47961 Muş, **106.** TR48050 Erzincan, **107.** TR38913 İstanbul, **108.** TR3664 Uşak, **109.** TR50452 Şanlıurfa, **110.** TR50423 Gaziantep, **111.** TR50443 Diyarbakır, **112.** TR52645 Balıkesir, **113.** TR52669 Bursa, **114.** TR52753 Aydın, **115.** TR52784 Muğla, **116.** TR52824 Burdur, **117.** TR52873 Manisa, **M.** Markır (100 bp).

Primer 25, Dx5 allelini amplifiye etmekte ve 478 bp büyüklüğünde bant vermektedir [61]. Bu primer ile yapılan PZR çalışmalarında 6 örnekte (TR51937-2 Edirne, TR45104 Rize, TR45105 Artvin, TR52753 Aydın, TR51937 Kocaeli, TR 63281 Çanakkale) spesifik amplifikasyon gözlenmiştir. Standartlardan ise Bezostaya 1, Bayraktar, Mızrak, Atay 85 ve Tosunbey'de spesifik amplifikasyon gözlenmiştir. Örneklere ve standartlara ait agaroz jel görüntüleri Şekil 3.25'de ve tablo halinde de Tablo 3.1 ve 3.2'de verilmiştir.

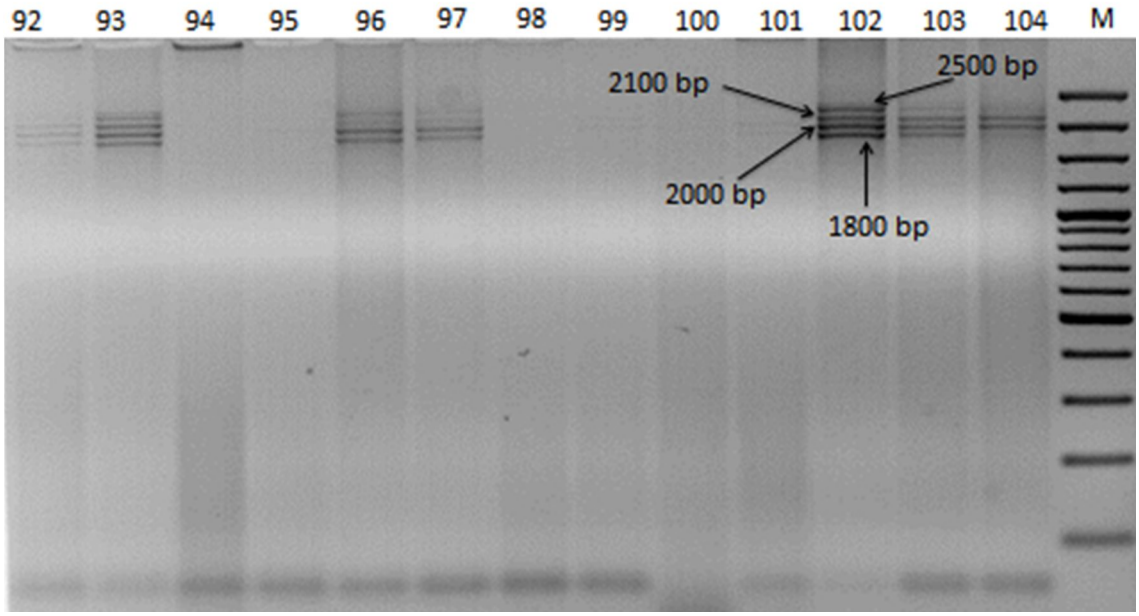


Şekil 3.25 Primer 25 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. **118.** TR51937 Kocaeli, **119.** TR55316 Adana, **120.** TR55110 Antalya, **121.** TR56099 Afyon, **122.** TR62808 Isparta, **123.** TR63281 Çanakkale, **124.** TR63322 Tunceli, **125.** TR63329 Ardahan, **126.** TR63371 İzmir, **127.** TR63536 Nevşehir, **128.** TR63538 Karaman, **129.** TR63731 Niğde, **CS.** Chinese Spring, **M.** Markır (100 bp).

Primer 26, Dx5 ve Dx2 allellerini amplifiye etmekte ve 478 bp büyüklüğünde bant vermektedir [61]. Bu primer ile yapılan PZR çalışmaları sonucu hiçbir örnekte spesifik amplifikasyon gözlenmemiştir. Örneklere ve standartlara ait bilgiler tablo halinde Tablo 3.1 ve 3.2'de verilmiştir.

Primer 27, Dy10.1 allelini amplifiye etmekte ve bu primer ile yapılan PZR çalışmalarında dört farklı bant elde edilebilmektedir [7, 348]. Bu bantlar 1800 bp (1Ay), 2000 bp (Glu D1y), 2100 bp (1By9) ve 2500 bp (Glu D1x) büyüklüğündedir. Bu primer ile yapılan PZR çalışmaları sonucunda 7 örnekte (TR39676-4 Van, TR45402-3 Van, TR37234-1 Kastamonu, TR32125-3 Kastamonu, TR32218-1 Siirt, TR32218-5 Siirt, TR14857-3 Gümüşhane) Glu D1y, 4 örnekte (TR32273-4 Van, TR32761-6 Kars, TR32881-2 Kars, TR46804 Hatay) 1Ay, Glu D1y ve 1By9 birlikte, 5 örnekte

(TR45105-6 Kars, TR37492-4 Kahramanmaraş, TR46810-5 Adıyaman, TR57999-6 Eskişehir, TR50443 Diyarbakır) 1Ay, Glu D1y ve Glu D1x birlikte, 8 örnekte (TR37492-2 Kahramanmaraş, TR393-5 Kahramanmaraş, TR32218-6 Siirt, TR44365-4 Samsun, TR54989-4 Tokat, TR35147-4 Yozgat, TR38913 İstanbul, TR55110 Antalya) 1Ay ve Glu D1y birlikte, 2 örnekte (TR55144-1 Kütahya, TR47944 Çankırı) Glu D1y ve 1By9 birlikte, 1 örnekte (TR52784 Muğla) Glu D1y ve Glu D1x birlikte ve 1 örnekte (TR45105 Artvin) de 1Ay, Glu D1y, Glu D1x ve 1By9 birlikte amplifiye olmuştur. Örneklere ve standartlara ait agaroz jel görüntüleri Şekil 3.26'da ve tablo halinde de Tablo 3.1 ve 3.2'de verilmiştir.

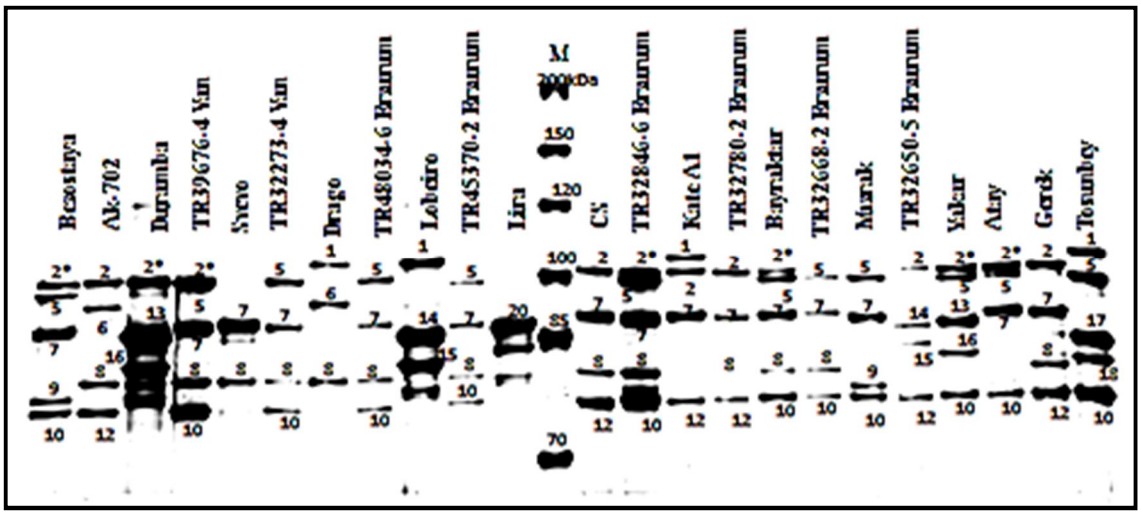


Şekil 3.26 Primer 27 ile yapılan PZR'nin agaroz jel görüntüsü. **92.** TR37383 Çorum, **93.** TR32034 Kayseri, **94.** TR32218 Şırnak, **95.** TR26233 İçel, **96.** TR26746 Bilecik, **97.** TR44365 Sakarya, **98.** TR31678 Mardin, **99.** TR45080 Adapazarı, **100.** TR45094 Ankara, **101.** TR45104 Rize, **102.** TR46804 Hatay, **103.** TR45105 Artvin, **104.** TR47944 Çankırı, **M.** Markır (100 bp).

3.2. SDS-PAGE Çalışmalarından elde edilen bulgular

Yapılan SDS-PAGE çalışmaları sonucunda belirlenen gluten alt üniteleri ve hesaplanan *Glu-1* skorları Tablo 3.3'de birlikte verilmiştir. TR32650-5 Erzurum örneğinde Axnull, Bx14+By15, Dx2+Dy12 allellerinin bulunduğu tespit edilmiştir (Şekil 3.27). Bx14+By15 alt ünitelerinin varlığında *Glu-1* kalite skorunun nasıl etkilendiğine yönelik daha önce yapılmış bir çalışma olmadığı için bu çeşide ait kalite skorlaması yapılamamıştır. TR32668-2 Erzurum çeşidinde Bx7+By8 ve Dx5+Dy10 alt ünitelerinin

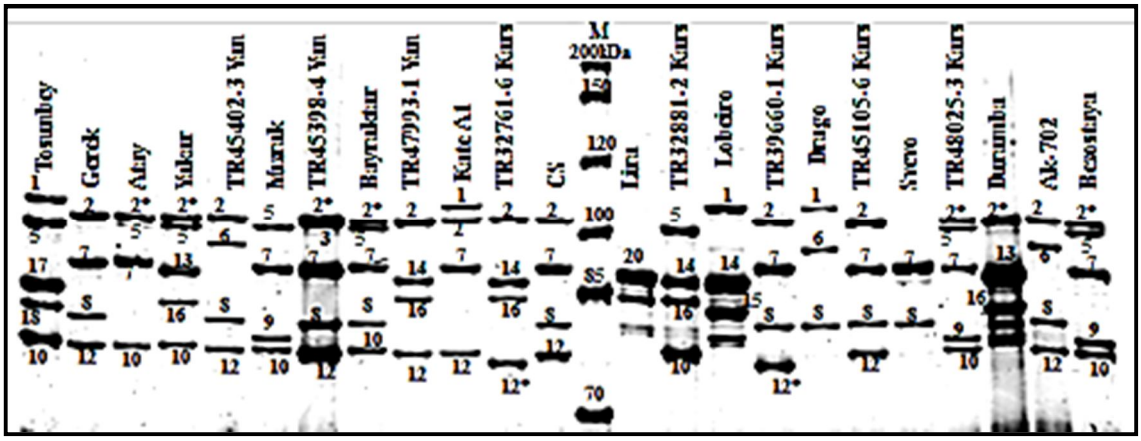
varlığı tespit edilmiştir (Şekil 3.27). Bu çeşide ait *Glu-1* kalite skoru 7 olarak hesaplanmıştır (Bx7+By8=3, Dx5+Dy10=4). TR32780-2 Erzurum çeşidinde Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 alt ünitelerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.27) ve *Glu-1* kalite skoru da 5 olarak hesaplanmıştır (Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2). TR32846-6 Erzurum örneğinde Ax2*, Bx7+By8 ve Dx5+Dy10 alt ünitelerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.27) ve *Glu-1* kalite skoru da 10 olarak hesaplanmıştır (Ax2*=3, Bx7+By8=3, Dx5+Dy10=4). TR45370-2 Erzurum örneğinde Bx7+By8 ve Dx5+Dy10 alt ünitelerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.27) ve *Glu-1* kalite skoru da 7 olarak hesaplanmıştır (Bx7+By8=3, Dx5+Dy10=4). TR48034-6 Erzurum örneğinde Bx7+By8 ve Dx5+Dy10 alt ünitelerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.27) ve *Glu-1* kalite skoru da 7 olarak hesaplanmıştır (Bx7+By8=3, Dx5+Dy10=4). TR32273-4 Van örneğinde Bx7+By8 ve Dx5+Dy10 alt ünitelerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.27) ve *Glu-1* kalite skoru da 7 olarak hesaplanmıştır (Bx7+By8=3, Dx5+Dy10=4). TR39676-4 Van örneğinde A genomunda Axnull ve Ax2* alt ünitelerinin birlikte bulunduğu, B genomunda Bx7+By8 ve D genomunda da Dx5+Dy10 alt ünitelerinin varlığı tespit edilmiş, buna bağlı olarak da *Glu-1* kalite skoru 11 olarak hesaplanmıştır (Axnull=1, Ax2*=3, Bx7+By8=3, Dx5+Dy10=4).



Şekil 3.27 Örneklerin SDS-PAGE jel görüntüleri. M= markır (1-8 arası örnekler)

TR45402-3 Van örneğinde Axnull, Bx6+By8 ve Dx2+Dy12 alt ünitelerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.28) ve *Glu-1* kalite skoru 4 olarak hesaplanmıştır (Axnull=1, Bx6+By8=1, Dx2+Dy12=2). TR45398-4 Van örneğinde Axnull, Ax2*, Bx7+By8 ve Dx3+Dy12 alt ünitelerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.28) ve buna bağlı olarak da

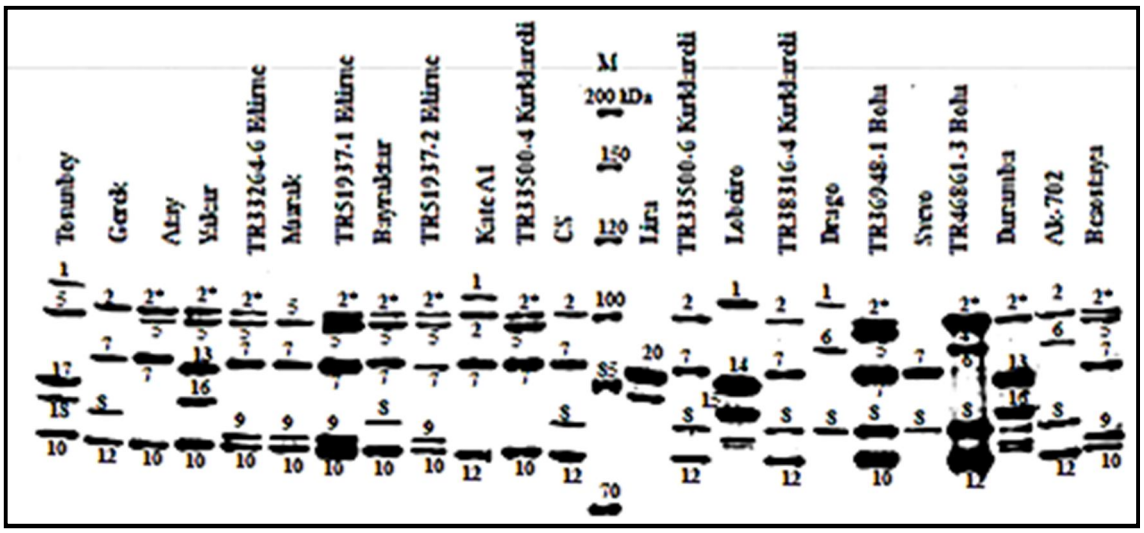
Glu-1 kalite skoru 9 olarak hesaplanmıştır (Axnull=1, Ax2*=3, Bx7+By8=3, Dx3+Dy12=2). TR47993-1 Van örneğinde Axnull, Bx14+By16 ve Dx2+Dy12 alt ünitelerinin varlığı tespit edilmiştir (Şekil 3.28). Bx14+By16 alt ünitesinin *Glu-1* kalite skoru üzerine etkisi bilinmediği için bu çeşitte *Glu-1* kalite skoru hesaplanamamıştır. TR37261-6 Kars örneğinde Bx14+By16 ve Dx2+Dy12* alt ünitelerinin varlığı tespit edilmiş, *Glu-1* kalite skoru hesaplanamamıştır. TR32881-2 Kars örneğinde Bx14+By16 ve Dx5+Dy10 alt ünitelerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.28), *Glu-1* kalite skoru hesaplanamamıştır. TR39660-1 Kars örneğinde Bx7+By8 ve Dx2+Dy12* alt ünitelerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.28) ve *Glu-1* kalite skoru 5 olarak hesaplanmıştır (Bx7+By8=3, Dx2+Dy12*=2). TR45105-6 Kars örneğinde Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 alt ünitelerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.28) ve *Glu-1* kalite skoru 5 olarak hesaplanmıştır (Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2). TR48025-3 Kars örneğinde Ax2*, Bx7+By9 ve Dx5+Dy10 alt ünitelerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.28) ve *Glu-1* kalite skoru 9 olarak hesaplanmıştır (Ax2*=3, Bx7+By9=2, Dx5+Dy10=4).



Şekil 3.28 Örneklerin SDS-PAGE jel görüntüleri. M= markır, (9-16 arası örnekler)

TR33264-6 Edirne örneğinde Ax2*, Bx7+By9 ve Dx5+Dy10 alt ünitelerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.29) ve *Glu-1* kalite skoru 9 olarak hesaplanmıştır (Ax2*=3, Bx7+By9=2, Dx5+Dy10=4). TR51937-1 Edirne örneğinde Ax2*, Bx7+By9 ve Dx5+Dy10 alt ünitelerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.29) ve *Glu-1* kalite skoru 9 olarak hesaplanmıştır (Ax2*=3, Bx7+By9=2, Dx5+Dy10=4). TR51937-2 Edirne örneğinde Ax2*, Bx7+By9 ve Dx5+Dy10 alt ünitelerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.29) ve *Glu-1* kalite skoru 9 olarak hesaplanmıştır (Ax2*=3, Bx7+By9=2, Dx5+Dy10=4).

TR33500-4 Kırklareli örneğinde Ax2*, Bx7 ve Dx5+Dy10 alt ünitelerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.29) ve *Glu-1* kalite skoru 9 olarak hesaplanmıştır (Ax2*=3, Bx7=2, Dx5+Dy10=4). TR33500-6 Kırklareli örneğinde Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 alt ünitelerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.29) ve *Glu-1* kalite skoru 5 olarak hesaplanmıştır (Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2). TR38316-4 Kırklareli örneğinde Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 alt ünitelerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.29) ve *Glu-1* kalite skoru 5 olarak hesaplanmıştır (Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2). TR36948-1 Bolu örneğinde Ax2*, Bx7+By8 ve Dx5+Dy10 alt ünitelerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.29) ve *Glu-1* kalite skoru 10 olarak hesaplanmıştır (Ax2*=3, Bx7+By8=3, Dx5+Dy10=4). TR46861-3 Bolu örneğinde Ax2*, Bx6+By8 ve Dx4+Dy12 alt ünitelerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.29) ve *Glu-1* kalite skoru 5 olarak hesaplanmıştır (Ax2*=3, Bx6+By8=1, Dx4+Dy12=1).

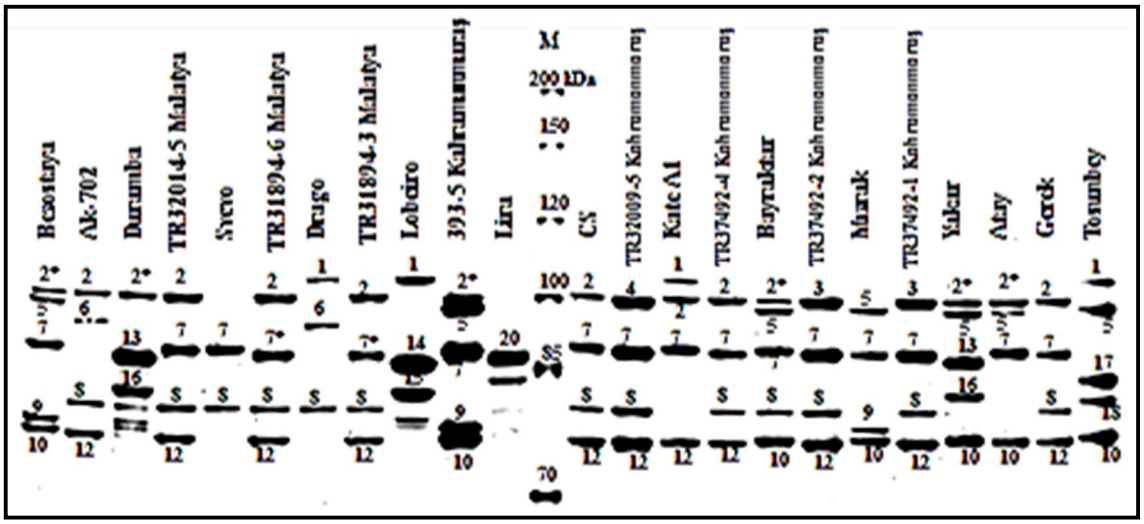


Şekil 3.29 Örneklerin SDS-PAGE jel görüntüleri. M= markır, (17-24 arası örnekler)

TR37492-1 Kahramanmaraş örneğinde Bx7+By8 ve Dx3+Dy12 alt ünitelerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.30) ve *Glu-1* kalite skoru 5 olarak hesaplanmıştır (Bx7+By8=3, Dx3+Dy12=2). TR37492-2 Kahramanmaraş örneğinde Bx7+By8 ve Dx3+Dy12 alt ünitelerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.30) ve *Glu-1* kalite skoru 5 olarak hesaplanmıştır (Bx7+By8=3, Dx3+Dy12=2). TR37492-4 Kahramanmaraş örneğinde Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 alt ünitelerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.30) ve *Glu-1* kalite skoru 5 olarak hesaplanmıştır (Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2). TR32009-5 Kahramanmaraş örneğinde Bx7+By8 ve Dx4+Dy12 alt ünitelerinin varlığı tespit

edilmiş (Şekil 3.30) ve *Glu-1* kalite skoru 4 olarak hesaplanmıştır (Bx7+By8=3, Dx4+Dy12=1).

393-5 Kahramanmaraş örneğinde Ax2*, Bx7+By9 ve Dx5+Dy10 alt ünitelerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.30) ve *Glu-1* kalite skoru 9 olarak hesaplanmıştır (Ax2*=3, Bx7+By9=2, Dx5+Dy10=4). TR31894-3 Malatya örneğinde Bx7*+By8 ve Dx2+Dy12 alt ünitelerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.30) ve *Glu-1* kalite skoru 5 olarak hesaplanmıştır (Bx7*+By8=3, Dx2+Dy12=2). TR31894-6 Malatya örneğinde Bx7*+By8 ve Dx2+Dy12 alt ünitelerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.30) ve *Glu-1* kalite skoru 5 olarak hesaplanmıştır (Bx7*+By8=3, Dx2+Dy12=2). TR32014-5 Malatya örneğinde Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 alt ünitelerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.30) ve *Glu-1* kalite skoru 5 olarak hesaplanmıştır (Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2).

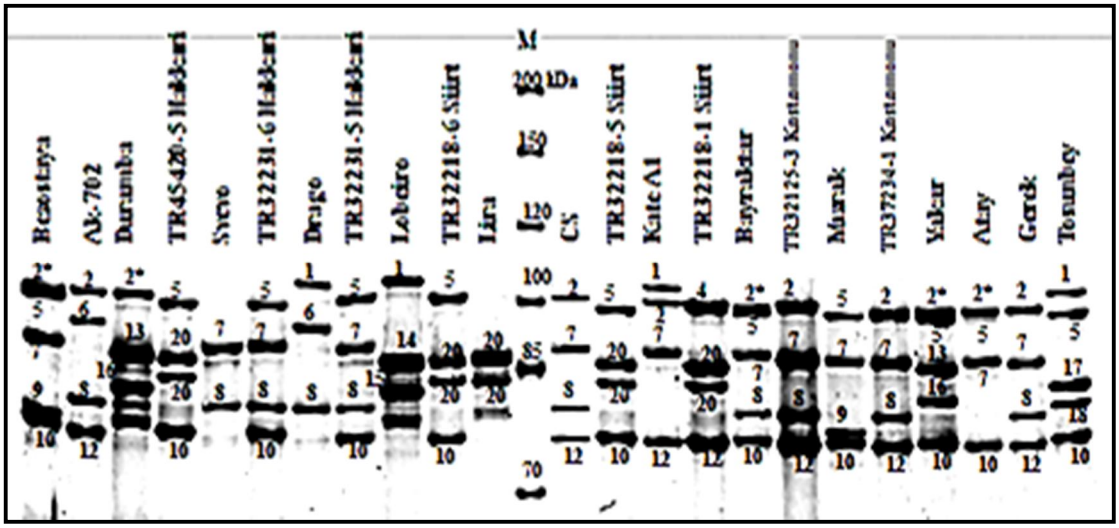


Şekil 3.30 Örneklerin SDS-PAGE jel görüntüleri. M= markır, (25-32 arası örnekler)

TR37234-1 Kastamonu örneğinde Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 alt ünitelerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.31) ve *Glu-1* kalite skoru 5 olarak hesaplanmıştır (Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2). TR32125-3 Kastamonu örneğinde Axnull, Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 alt ünitelerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.31) ve *Glu-1* kalite skoru 6 olarak hesaplanmıştır (Axnull=1, Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2). TR32218-1 Siirt örneğinde Bx20+By20 ve Dx4+Dy12 alt ünitelerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.31) ve *Glu-1* kalite skoru 2 olarak hesaplanmıştır (Bx20+By20=1, Dx4+Dy12=1). TR32218-5 Siirt örneğinde Axnull, Bx20+By20 ve Dx5+Dy10 alt ünitelerinin varlığı tespit edilmiş

(Şekil 3.31) ve *Glu-1* kalite skoru 6 olarak hesaplanmıştır (Axnull=1, Bx20+By20=1, Dx5+Dy10=4).

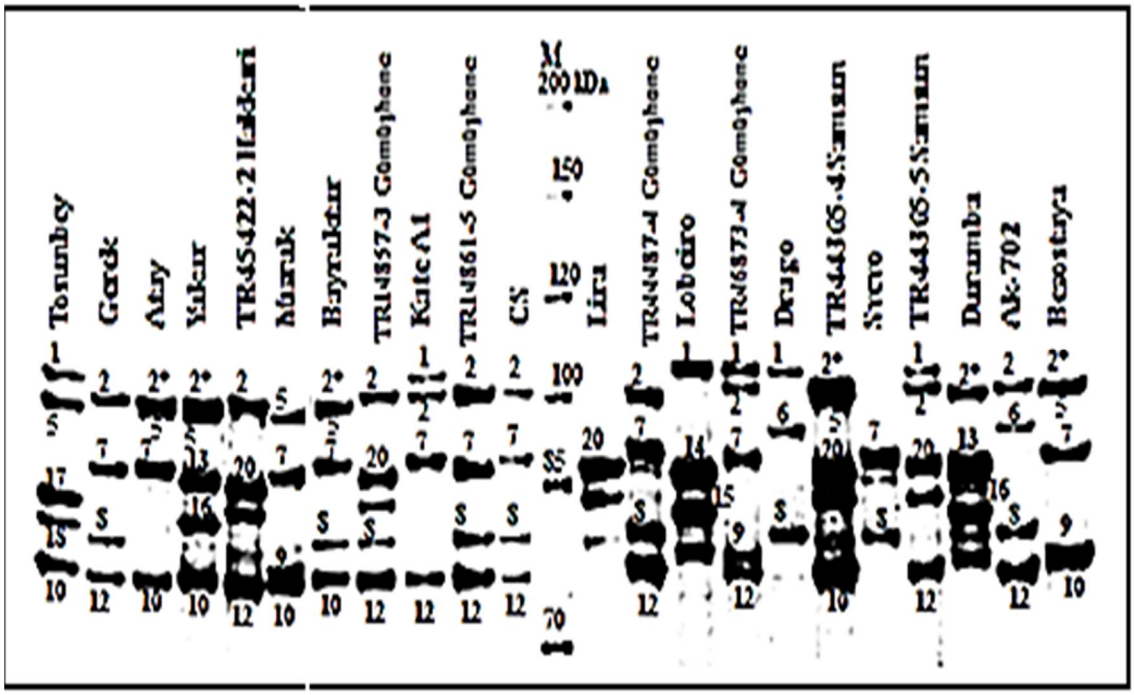
TR32218-6 Siirt örneğinde Bx20+By20 ve Dx5+Dy10 alt ünitelerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.31) ve *Glu-1* kalite skoru 5 olarak hesaplanmıştır (Bx20+By20=1, Dx5+Dy10=4). TR32231-5 Hakkâri örneğinde Bx7+By8 ve Dx5+Dy10 alt ünitelerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.31) ve *Glu-1* kalite skoru 7 olarak hesaplanmıştır (Bx7+By8=3, Dx5+Dy10=4). TR32231-6 Hakkari örneğinde Axnull, Bx7+By8 ve Dx5+Dy10 alt ünitelerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.31) ve *Glu-1* kalite skoru 8 olarak hesaplanmıştır (Axnull=1, Bx7+By8=3, Dx5+Dy10=4). TR45420-5 Hakkâri örneğinde Axnull, Bx20+By20 ve Dx5+Dy10 alt ünitelerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.31) ve *Glu-1* kalite skoru 6 olarak hesaplanmıştır (Axnull=1, Bx20+By20=1, Dx5+Dy10=4).



Şekil 3.31 Örneklerin SDS-PAGE jel görüntüleri. M= markır, (33-40 arası örnekler)

TR45422-2 Hakkâri örneğinde Axnull, Bx20+By20 ve Dx2+Dy12 alt ünitelerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.32) ve *Glu-1* kalite skoru 4 olarak hesaplanmıştır (Axnull=1, Bx20+By20=1, Dx2+Dy12=2). TR14857-3 Gümüşhane örneğinde Axnull, By8, Bx20+By20 ve Dx2+Dy12 allelleri tespit edilmiş (Şekil 3.32), B genomunda bulunan By8 allelinin (By8, Bx20) kaliteye katkısı bilinmediği için *Glu-1* kalite skoru hesaplanamamıştır. TR14861-5 Gümüşhane örneğinde Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 allelleri tespit edilmiş (Şekil 3.32) ve *Glu-1* kalite skoru 5 olarak hesaplanmıştır (Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2).

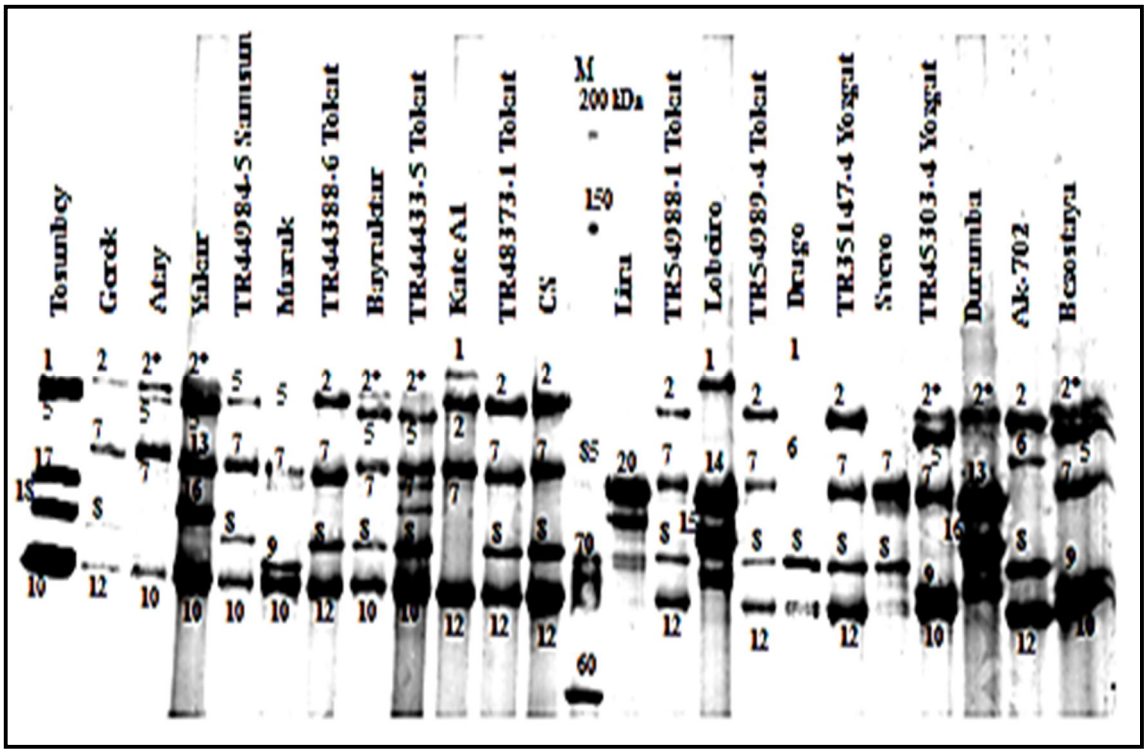
TR44487-4 Gümüşhane örneğinde Axnull, Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 allelleri tespit edilmiş (Şekil 3.32) ve *Glu-1* kalite skoru 6 olarak hesaplanmıştır (Axnull=1, Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2). TR46873-4 Gümüşhane örneğinde Ax1, Bx7+By9 ve Dx2+Dy12 allelleri tespit edilmiş (Şekil 3.32) ve *Glu-1* kalite skoru 7 olarak hesaplanmıştır (Ax1=3, Bx7+By9=2, Dx2+Dy12=2). TR44365-4 Samsun örneğinde Ax2*, Bx20+By20 ve Dx5+Dy10 allelleri tespit edilmiş (Şekil 3.32) ve *Glu-1* kalite skoru 8 olarak hesaplanmıştır (Ax2*=3, Bx20+By20=1, Dx5+Dy10=4). TR44365-5 Samsun örneğinde Ax1, Bx20+By20 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.32) ve *Glu-1* kalite skoru 6 olarak hesaplanmıştır (Ax1=3, Bx20+By20=1, Dx2+Dy12=2).



Şekil 3.32 Örneklerin SDS-PAGE jel görüntüleri. M= markır, (41-47 arası örnekler)

TR44984-5 Samsun örneğinde Bx7+By8 ve Dx5+Dy10 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.33) ve *Glu-1* kalite skoru 7 olarak hesaplanmıştır (Bx7+By8=3, Dx5+Dy10=4). TR44388-6 Tokat örneğinde Axnull, Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.33) ve *Glu-1* kalite skoru 6 olarak hesaplanmıştır (Axnull=1, Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2). TR44433-5 Tokat örneğinde Axnull, Ax2*, Bx7+By8 ve Dx5+Dy10 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.33) ve *Glu-1* kalite skoru 11 olarak hesaplanmıştır (Axnull=1, Ax2*=3, Bx7+By8=3, Dx5+Dy10=4).

TR48373-1 Tokat örneğinde Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.33) ve *Glu-1* kalite skoru 5 olarak hesaplanmıştır (Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2). TR54988-1 Tokat örneğinde Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.33) ve *Glu-1* kalite skoru 5 olarak hesaplanmıştır (Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2). TR54989-4 Tokat örneğinde Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.33) ve *Glu-1* kalite skoru 5 olarak hesaplanmıştır (Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2). TR35147-4 Yozgat örneğinde Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.33) ve *Glu-1* kalite skoru 5 olarak hesaplanmıştır (Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2). TR45303-4 Yozgat örneğinde Ax2*, Bx7+By9 ve Dx5+Dy10 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.33) ve *Glu-1* kalite skoru 9 olarak hesaplanmıştır (Ax2*=3, Bx7+By9=2, Dx5+Dy10=4).

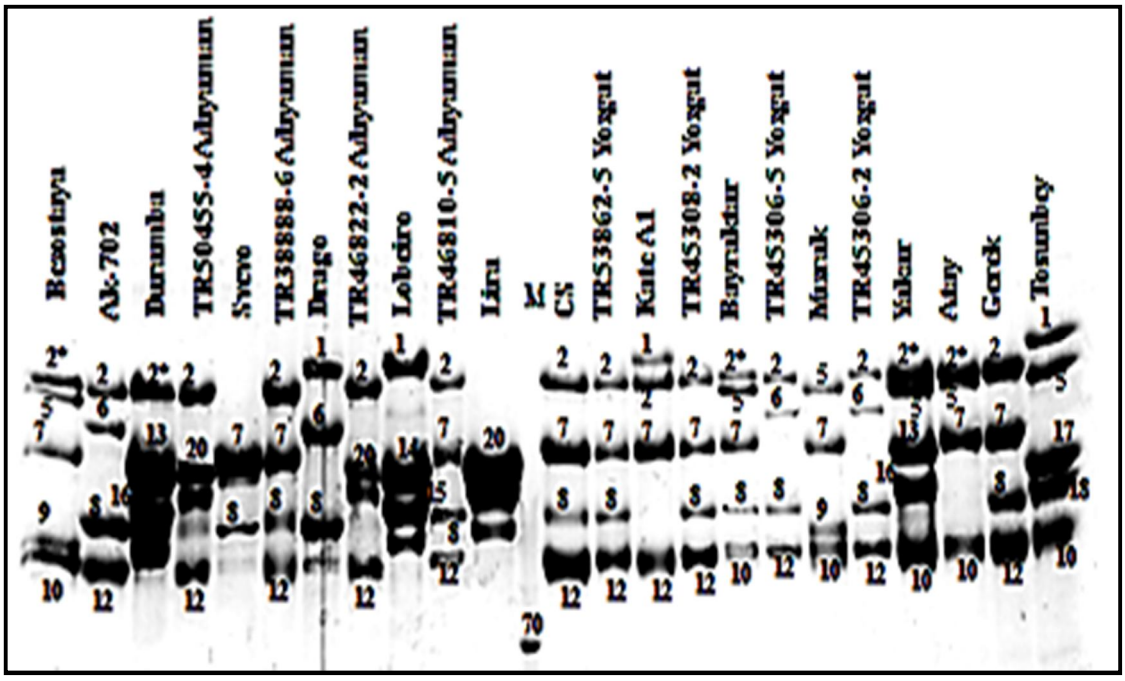


Şekil 3.33 Örneklerin SDS-PAGE jel görüntüleri. M= markır, (48-55 arası örnekler)

TR45306-2 Yozgat örneğinde Bx6+By8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.34) ve *Glu-1* kalite skoru 3 olarak hesaplanmıştır (Bx6+By8=1, Dx2+Dy12=2). TR45306-5 Yozgat örneğinde Bx6+By8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.34) ve *Glu-1* kalite skoru 3 olarak hesaplanmıştır (Bx6+By8=1, Dx2+Dy12=2). TR45308-2 Yozgat örneğinde Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.34) ve *Glu-1* kalite skoru 5 olarak hesaplanmıştır (Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2).

TR53862-5 Yozgat örneğinde Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.34) ve *Glu-1* kalite skoru 5 olarak hesaplanmıştır (Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2).

TR46810-5 Adıyaman örneğinde Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.34) ve *Glu-1* kalite skoru 5 olarak hesaplanmıştır (Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2). TR46822-2 Adıyaman örneğinde Bx20+By20 ve Dx2+Dy12 allellerin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.34) ve *Glu-1* kalite skoru 3 olarak hesaplanmıştır (Bx20+By20=1, Dx2+Dy12=2). TR38888-6 Adıyaman örneğinde Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.34) ve *Glu-1* kalite skoru 5 olarak hesaplanmıştır (Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2). TR50455-4 Adıyaman örneğinde Bx20+By20 ve Dx2+Dy12 allellerin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.34) ve *Glu-1* kalite skoru 3 olarak hesaplanmıştır (Bx20+By20=1, Dx2+Dy12=2).

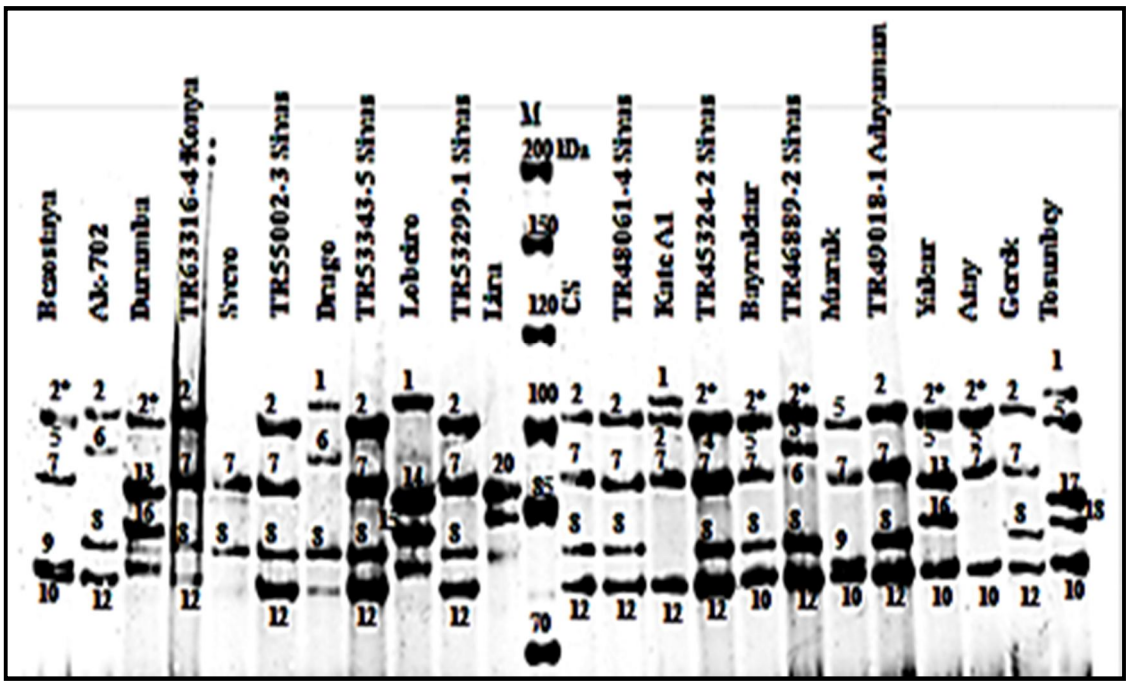


Şekil 3.34 Örneklerin SDS-PAGE jel görüntüleri. M= markır, (56-63 arası örnekler)

TR49018-1 Adıyaman örneğinde Axnull, Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.35) ve *Glu-1* kalite skoru 6 olarak hesaplanmıştır (Axnull=1, Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2). TR46889-2 Sivas örneğinde Ax2*, Bx6+By8 ve Dx3+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.35) ve *Glu-1* kalite skoru 6 olarak hesaplanmıştır (Ax2*=3, Bx6+By8=1, Dx3+Dy12=2). TR45324-2 Sivas örneğinde Ax2*, Bx7+By8 ve Dx4+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.35) ve *Glu-1* kalite skoru 7 olarak hesaplanmıştır (Ax2*=3, Bx7+By8=3, Dx3+Dy12=1). TR48061-4

Sivas örneğinde Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.35) ve *Glu-1* kalite skoru 5 olarak hesaplanmıştır (Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2).

TR53299-1 Sivas örneğinde Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.35) ve *Glu-1* kalite skoru 5 olarak hesaplanmıştır (Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2). TR53343-5 Sivas örneğinde Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.35) ve *Glu-1* kalite skoru 5 olarak hesaplanmıştır (Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2). TR55002-3 Sivas örneğinde Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.35) ve *Glu-1* kalite skoru 5 olarak hesaplanmıştır (Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2). TR63316-4 Konya örneğinde Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.35) ve *Glu-1* kalite skoru 5 olarak hesaplanmıştır (Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2).

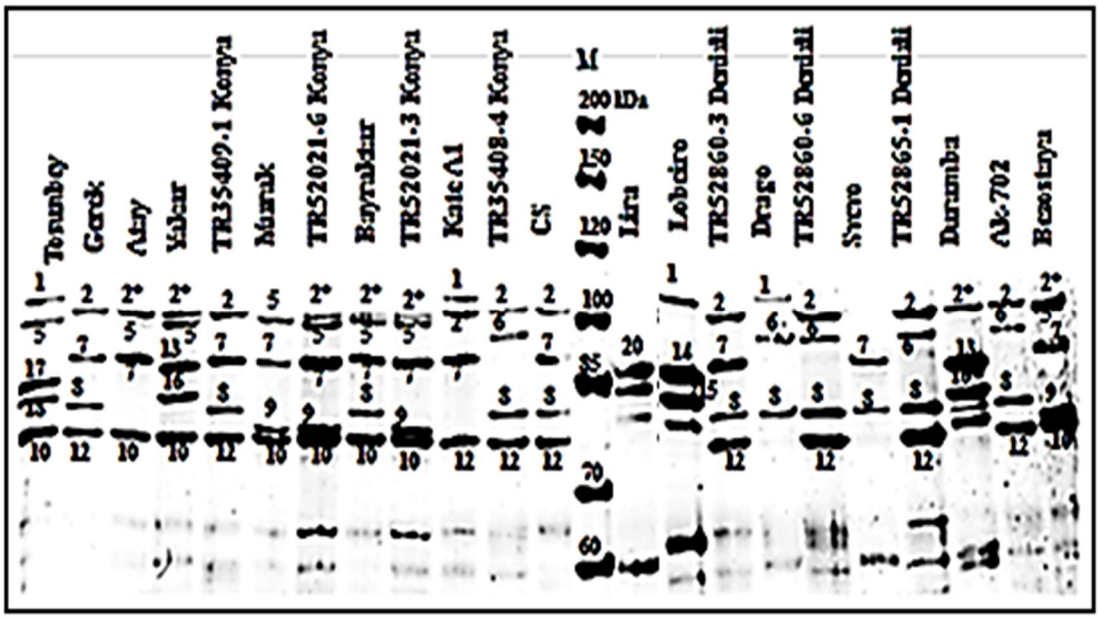


Şekil 3.35 Örneklerin SDS-PAGE jel görüntüleri. M= markır, (64-71 arası örnekler)

TR35409-1 Konya örneğinde Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.36) ve *Glu-1* kalite skoru 5 olarak hesaplanmıştır (Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2). TR52021-6 Konya örneğinde Ax2*, Bx7+By9 ve Dx5+Dy10 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.36) ve *Glu-1* kalite skoru 9 olarak hesaplanmıştır (Ax2*=3, Bx7+By9=2, Dx5+Dy10=4). TR52021-3 örneğinde Ax2*, Bx7+By9 ve Dx5+Dy10 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.36) ve *Glu-1* kalite skoru 9 olarak hesaplanmıştır (Ax2*=3, Bx7+By9=2, Dx5+Dy10=4). TR35408-4 Konya örneğinde

Axnull, Bx6+By8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.36) ve *Glu-1* kalite skoru 4 olarak hesaplanmıştır (Axnull=1, Bx6+By8=1, Dx2+Dy12=2).

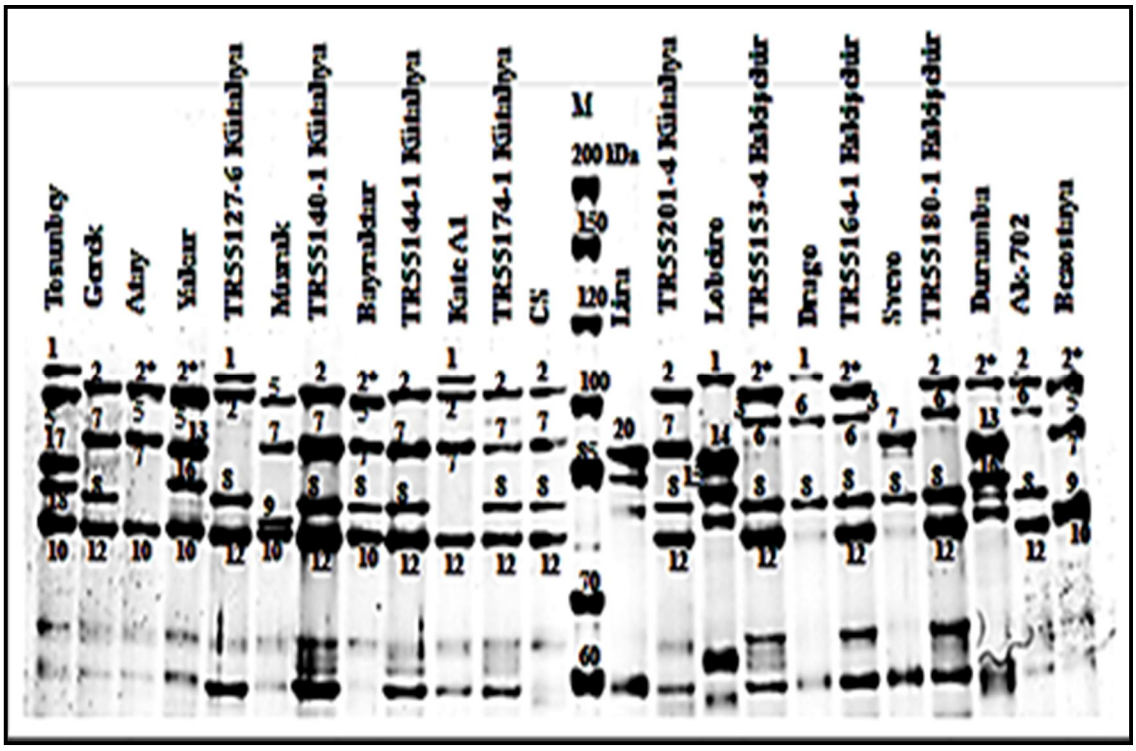
TR52860-3 Denizli örneğinde Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.36) ve *Glu-1* kalite skoru 5 olarak hesaplanmıştır (Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2). TR52860-6 Denizli örneğinde Bx6+By8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.36) ve *Glu-1* kalite skoru 3 olarak hesaplanmıştır (Bx6+By8=1, Dx2+Dy12=2). TR52865-1 Denizli örneğinde Bx6+By8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.36) ve *Glu-1* kalite skoru 3 olarak hesaplanmıştır (Bx6+By8=1, Dx2+Dy12=2).



Şekil 3.36 Örneklerin SDS-PAGE jel görüntüleri. M= markır, (72-78 arası örnekler)

TR55127-6 Kütahya örneğinde Ax1, Bx8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.37) ancak Bx8'in kalite üzerine etkisi belirlenemediği için *Glu-1* kalite skoru hesaplanamamıştır. TR55140-1 Kütahya örneğinde Axnull, Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.37) ve *Glu-1* kalite skoru 6 olarak hesaplanmıştır (Axnull=1, Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2). TR55144-1 Kütahya örneğinde Axnull, Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.37) ve *Glu-1* kalite skoru 6 olarak hesaplanmıştır (Axnull=1, Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2). TR55174-1 Kütahya örneğinde Axnull, Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.37) ve *Glu-1* kalite skoru 6 olarak hesaplanmıştır (Axnull=1, Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2). TR55201-4 Kütahya örneğinde Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.37) ve *Glu-1* kalite skoru 5 olarak hesaplanmıştır

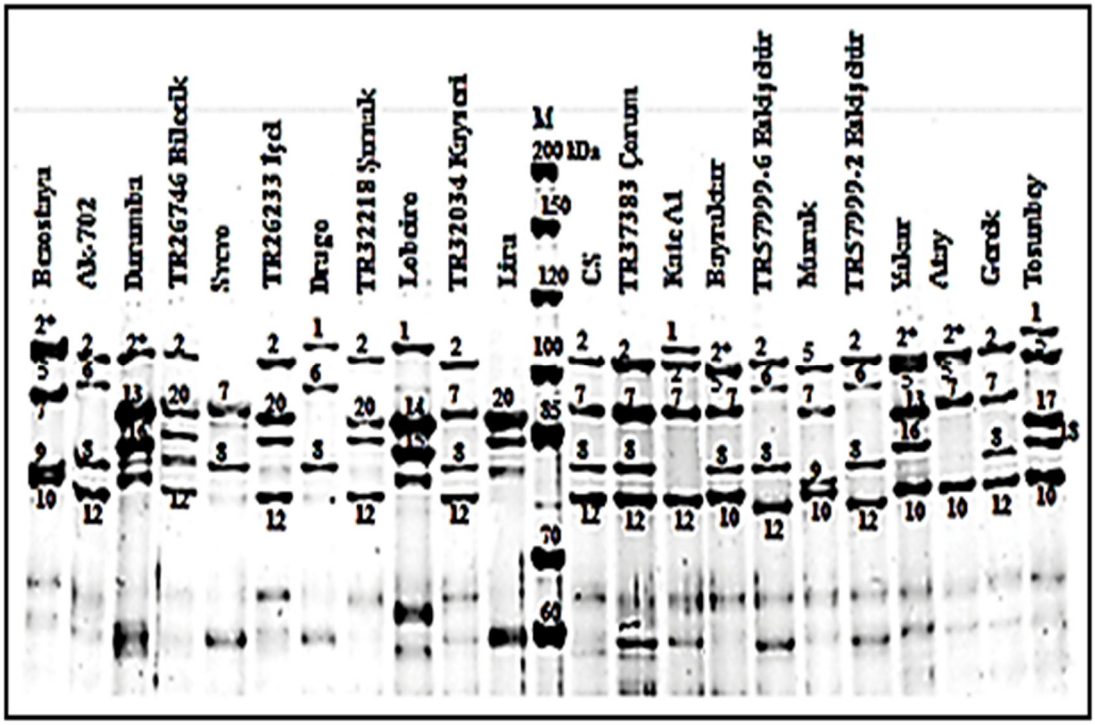
(Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2). TR55153-4 Eskişehir örneğinde Ax2*, Bx6+By8 ve Dx3+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.37) ve *Glu-1* kalite skoru 6 olarak hesaplanmıştır (Ax2*=3, Bx6+By8=1, Dx3+Dy12=2). TR55164-1 Eskişehir örneğinde Ax2*, Bx6+By8 ve Dx3+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.37) ve *Glu-1* kalite skoru 6 olarak hesaplanmıştır (Ax2*=3, Bx6+By8=1, Dx3+Dy12=2). TR55180-1 Eskişehir örneğinde Axnull, Bx6+By8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.37) ve *Glu-1* kalite skoru 4 olarak hesaplanmıştır (Axnull=1, Bx6+By8=1, Dx2+Dy12=2).



Şekil 3.37 Örneklerin SDS-PAGE jel görüntüleri. M= markır, (79-86 arası örnekler)

TR57999-2 Eskişehir örneğinde Bx6+By8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.38) ve *Glu-1* kalite skoru 3 olarak hesaplanmıştır (Bx6+By8=1, Dx2+Dy12=2). TR57999-6 Eskişehir örneğinde Bx6+By8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.38) ve *Glu-1* kalite skoru 3 olarak hesaplanmıştır (Bx6+By8=1, Dx2+Dy12=2). TR37383 Çorum örneğinde Axnull, Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.38) ve *Glu-1* kalite skoru 6 olarak hesaplanmıştır (Axnull=1, Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=1). TR32034 Kayseri örneğinde Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.38) ve *Glu-1* kalite skoru 5 olarak hesaplanmıştır (Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2).

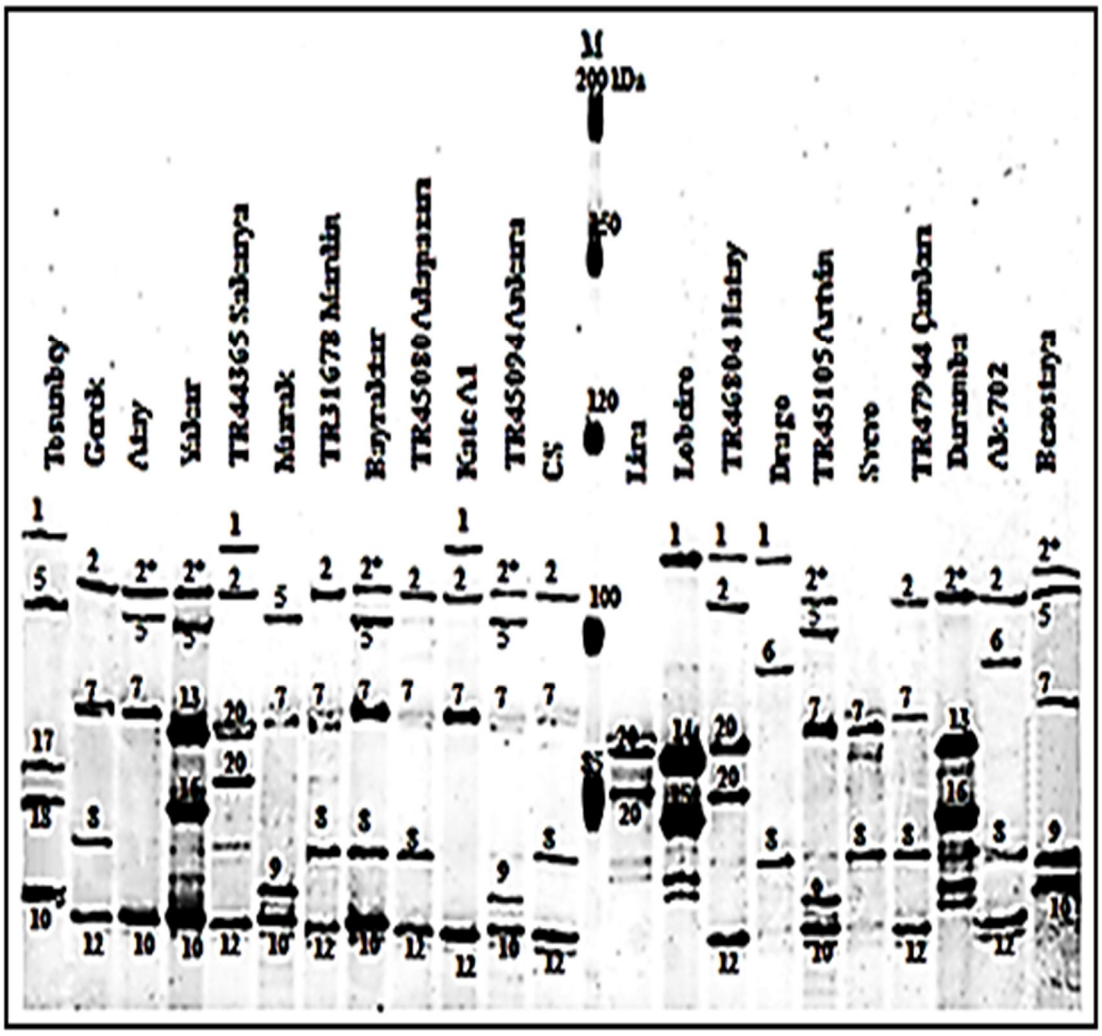
TR32218 Şırnak örneğinde Axnull, Bx20+By20 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.38) ve *Glu-1* kalite skoru 4 olarak hesaplanmıştır (Axnull=1, Bx20+By20=1, Dx2+Dy12=2). TR26233 İçel örneğinde Bx20+By20 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.38) ve *Glu-1* kalite skoru 3 olarak hesaplanmıştır (Bx20+By20=1, Dx2+Dy12=2). TR26746 Bilecik örneğinde Bx20+By20 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.38) ve *Glu-1* kalite skoru 3 olarak hesaplanmıştır (Bx20+By20=1, Dx2+Dy12=2).



Şekil 3.38 Örneklerin SDS-PAGE jel görüntüleri. M= markır, (87-93 arası örnekler)

TR44365 Sakarya örneğinde Ax1, Bx20+By20 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.39) ve *Glu-1* kalite skoru 6 olarak hesaplanmıştır (Ax1=3, Bx20+By20=1, Dx2+Dy12=2). TR31678 Mardin örneğinde Axnull, Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.39) ve *Glu-1* kalite skoru 6 olarak hesaplanmıştır (Axnull=1, Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2). TR45080 Adapazarı örneğinde Axnull, Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.39) ve *Glu-1* kalite skoru 6 olarak hesaplanmıştır (Axnull=1, Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2). TR45094 Ankara örneğinde Ax2*, Bx7+By9 ve Dx5+Dy10 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.39) ve *Glu-1* kalite skoru 9 olarak hesaplanmıştır (Ax2*=3, Bx7+By9=2, Dx5+Dy10=4). TR46804 Hatay örneğinde Ax1, Axnull, Bx20+By20 ve Dx2+Dy12

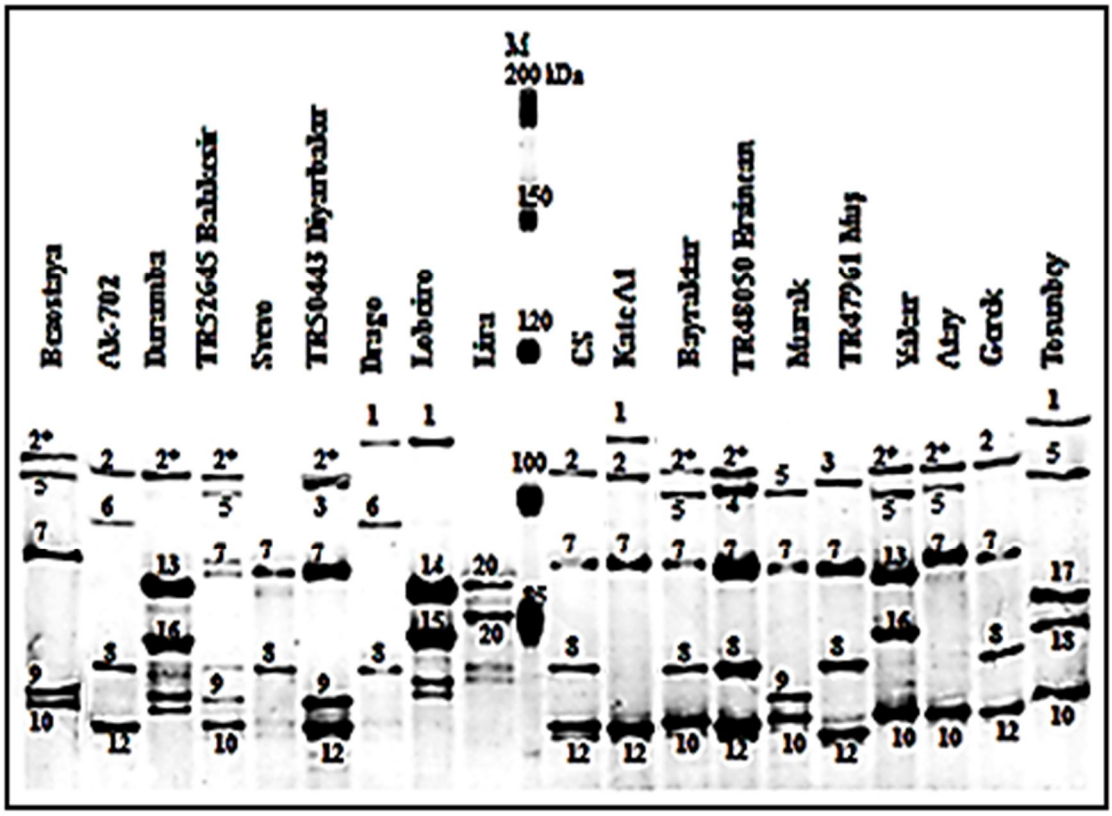
allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.39) ve *Glu-1* kalite skoru 7 olarak hesaplanmıştır (Ax1=3, Axnull=1, Bx20+By20=1, Dx2+Dy12=2). TR45105 Artvin örneğinde Axnull, Ax2*, Bx7+By9 ve Dx5+Dy10 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.39) ve *Glu-1* kalite skoru 10 olarak hesaplanmıştır (Axnull=1, Ax2*=3, Bx7+By9=2, Dx5+Dy10=4). TR47944 Çankırı örneğinde Axnull, Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.39) ve *Glu-1* kalite skoru 6 olarak hesaplanmıştır (Axnull=1, Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2).



Şekil 3.39 Örneklerin SDS-PAGE jel görüntüleri. M= markır, (94-100 arası örnekler)

TR47961 Muş örneğinde Axnull, Bx7+By8 ve Dx3+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.40) ve *Glu-1* kalite skoru 6 olarak hesaplanmıştır (Axnull=1, Bx7+By8=3, Dx3+Dy12=2). TR48050 Erzincan örneğinde Ax2*, Bx7+By8 ve Dx4+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.40) ve *Glu-1* kalite skoru 7 olarak hesaplanmıştır (Ax2*=3, Bx7+By8=3, Dx4+Dy12=1).

TR50443 Diyarbakır örneğinde Ax2*, Bx7+By9 ve Dx3+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.40) ve *Glu-1* kalite skoru 7 olarak hesaplanmıştır (Ax2*=3, Bx7+By9=2, Dx3+Dy12=2). TR52645 Balıkesir örneğinde Ax2*, Bx7+By9 ve Dx5+Dy10 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.40) ve *Glu-1* kalite skoru 9 olarak hesaplanmıştır (Ax2*=3, Bx7+By9=2, Dx5+Dy10=4).

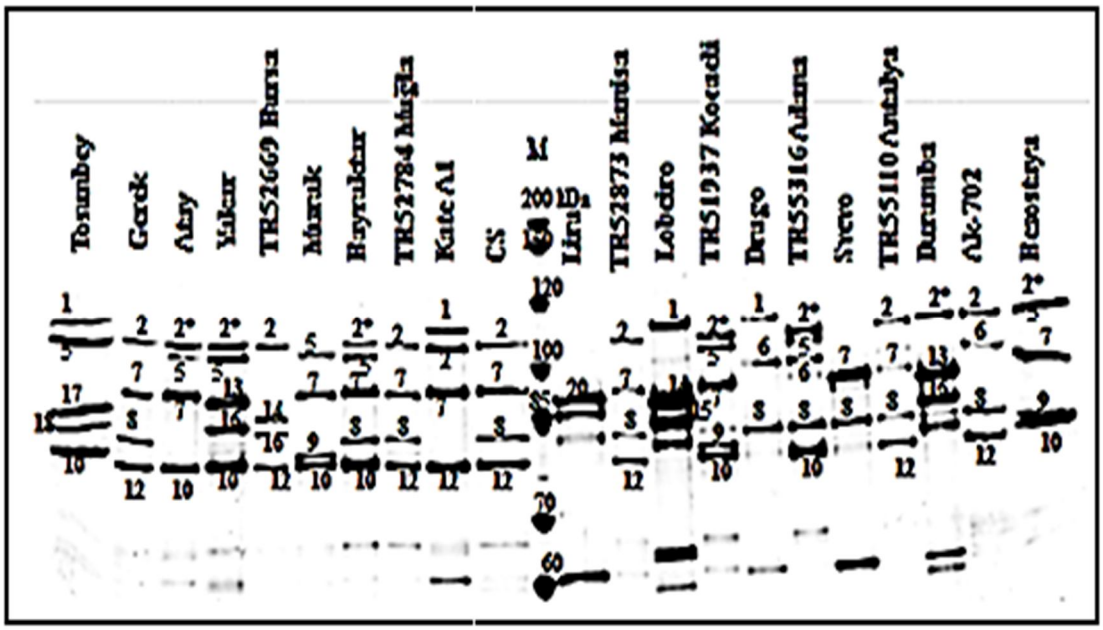


Şekil 3.40 Örneklerin SDS-PAGE jel görüntüleri. M= markır, (101-104 arası örnekler)

TR52669 Bursa örneğinde Bx14+By16 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiştir (Şekil 3.41). Bx14+By16 allelinin kalite üzerine etkisi bilinmediği için *Glu-1* kalite skoru hesaplanamamıştır. TR52784 Muğla örneğinde Axnull, Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.41) ve *Glu-1* kalite skoru 6 olarak hesaplanmıştır (Axnull=1, Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2).

TR52873 Manisa örneğinde Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.41) ve *Glu-1* kalite skoru 5 olarak hesaplanmıştır (Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2). TR51937 Kocaeli örneğinde Ax2*, Bx7+By9 ve Dx5+Dy10 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.41) ve *Glu-1* kalite skoru 9 olarak hesaplanmıştır (Ax2*=3, Bx7+By9=2, Dx5+Dy10=4). TR55316 Adana örneğinde Ax2*, Bx6+By8 ve

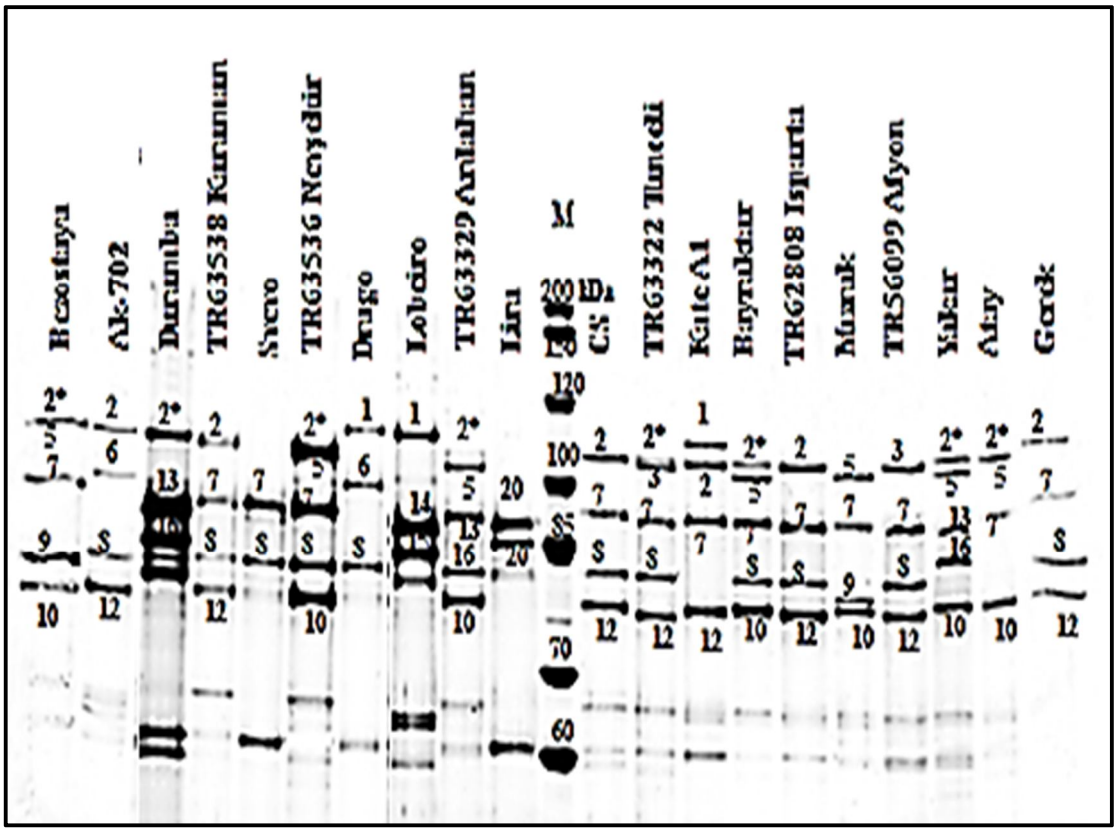
Dx5+Dy10 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.40) ve *Glu-1* kalite skoru 8 olarak hesaplanmıştır (Ax2*=3, Bx6+By8=1, Dx5+Dy10=4). TR55110 Antalya örneğinde Axnull, Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.41) ve *Glu-1* kalite skoru 6 olarak hesaplanmıştır (Axnull=1, Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2).



Şekil 3.41 Örneklerin SDS-PAGE jel görüntüleri. M= markır, (105-110 arası örnekler)

TR56099 Afyon örneğinde Axnull, Bx7+By8 ve Dx3+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.42) ve *Glu-1* kalite skoru 6 olarak hesaplanmıştır (Axnull=1, Bx7+By8=3, Dx3+Dy12=2). TR62808 Isparta örneğinde Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.42) ve *Glu-1* kalite skoru 5 olarak hesaplanmıştır (Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2).

TR63322 Tunceli örneğinde Ax2*, Bx7+By8 ve Dx3+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.42) ve *Glu-1* kalite skoru 8 olarak hesaplanmıştır (Ax2*=3, Bx7+By8=3, Dx3+Dy12=2). TR63329 Ardahan örneğinde Axnull, Ax2*, Bx13, Bx17 ve Dx5+Dy10 allellerinin varlığı tespit edilmiştir (Şekil 3.42). TR63536 Nevşehir örneğinde Ax2*, Bx7+By8 ve Dx5+Dy10 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.42) ve *Glu-1* kalite skoru 10 olarak hesaplanmıştır (Ax2*=3, Bx7+By8=3, Dx5+Dy10=4).



Şekil 3.42 Örneklerin SDS-PAGE jel görüntüleri. M= markır, (111-116 arası örnekler)

TR63538 Karaman örneğinde Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 allellerinin varlığı tespit edilmiş (Şekil 3.42) ve *Glu-1* kalite skoru 5 olarak hesaplanmıştır (Bx7+By8=3, Dx2+Dy12=2).

3.3. Çalışılan ekmeklik buğday çeşitlerinde hesaplanan *Glu-1* skorları

Çalışılan örneklerde ve standart buğday çeşitlerinde hesaplanan *Glu-1* kalite skorları Tablo 3.3 ve Tablo 3.4'te verilmiştir. Tabloda **"?"** ile etiketlenmiş alt ünitelerde bu alt ünitenin kalite üzerine etkisi belirlenememiş olmasından dolayı örneklerde *Glu-1* kalite skoru hesaplanamamıştır.

Yapılan çalışmalar sonunda üç örnekte (TR39676-4 Van, TR44433-5 Tokat, TR63329 Ardahan) kalite skoru 11 olarak en yüksek seviyede bulunmuştur. Yine analizler sonucu 4 örnekte (TR32846-6 Erzurum, TR36948-1 Bolu, TR45105 Artvin ve TR63536 Nevşehir) kalite skoru 10 ve 13 örnekte (TR45398-4 Van, TR48025-3 Kars, TR33264-6 Edirne, TR51937-1 Edirne, TR51937-2 Edirne, TR33500-4 Kırklareli, 393-5 Kahramanmaraş, TR45303-4 Yozgat, TR52021-3 Konya, TR52021-6 Konya, TR45094 Ankara, TR52645 Balıkesir ve TR51937 Kocaeli) de 9 olarak hesaplanmıştır.

Tablo 3.3 Çalışılan örneklerde tespit edilen alt üniteler ve *Glu-1* skorları

S. No	Gen Bankası Aksesyon Nu.	Genom			*Glu-1* Skoru
		A	B	D	
1	TR32650-5-Erzurum	n (1)	14+15(?)	2+12(2)	?
2	TR32668-2-Erzurum		7+8(3)	5+10(4)	7
3	TR32780-2-Erzurum		7+8(3)	2+12(2)	5
4	**TR32846-6-Erzurum**	**2*(3)**	**7+8(3)**	**5+10(4)**	**10**
5	TR45370-2-Erzurum		7+8(3)	5+10(4)	7
6	TR48034-6-Erzurum		7+8(3)	5+10(4)	7
7	TR32273-4-Van		7+8(3)	5+10(4)	7
8	**TR39676-4-Van**	**2*(3), n (1)**	**7+8(3)**	**5+10(4)**	**11**
9	TR45402-3-Van	n (1)	6+8 (1)	2+12(2)	4
10	**TR45398-4-Van**	**2*(3),n (1)**	**7+8(3)**	**3+12(2)**	**9**
11	TR47993-1-Van	n (1)	14+16(?)	2+12(2)	?
12	TR32761-6-Kars		14+16(?)	2+12*(2)	?
13	TR32881-2-Kars		14+16(?)	5+10(4)	?
14	TR39660-1-Kars		7+8(3)	2+12*(2)	5
15	TR45105-6-Kars		7+8(3)	2+12(2)	5
16	**TR48025-3-Kars**	**2*(3)**	**7+9(2)**	**5+10(4)**	**9**
17	**TR33264-6-Edirne**	**2*(3)**	**7+9(2)**	**5+10(4)**	**9**
18	**TR51937-1-Edirne**	**2*(3)**	**7+9(2)**	**5+10(4)**	**9**
19	**TR51937-2-Edirne**	**2*(3)**	**7+9(2)**	**5+10(4)**	**9**
20	**TR33500-4-Kırklareli**	**2*(3)**	**7(2)**	**5+10(4)**	**9**
21	TR33500-6-Kırklareli		7+8(3)	2+12(2)	5
22	TR38316-4-Kırklareli		7+8(3)	2+12(2)	5
23	**TR36948-1-Bolu**	**2*(3)**	**7+8(3)**	**5+10(4)**	**10**
24	TR46861-3-Bolu	2*(3)	6+8(1)	4+12(1)	5
25	TR37492-1-Kahramanmaraş		7+8(3)	3+12(2)	5
26	TR37492-2-Kahramanmaraş		7+8(3)	3+12(2)	5
27	TR37492-4-Kahramanmaraş		7+8(3)	2+12(2)	5
28	TR32009-5-Kahramanmaraş		7+8(3)	4+12(1)	4
29	**393-5 Kahramanmaraş**	**2*(3)**	**7+9(2)**	**5+10(4)**	**9**
30	TR31894-3-Malatya		7*+8(3)	2+12(2)	5
31	TR31894-6-Malatya		7*+8(3)	2+12(2)	5
32	TR32014-5-Malatya		7+8(3)	2+12(2)	5
33	TR37234-1-Kastamonu		7+8(3)	2+12(2)	5
34	TR32125-3-Kastamonu	n (1)	7+8(3)	2+12(2)	6
35	TR32218-1-Siirt		20+20(1)	4+12(1)	2
36	TR32218-5-Siirt	n (1)	20+20(1)	5+10(4)	6
37	TR32218-6-Siirt		20+20(1)	5+10(4)	5
38	TR32231-5-Hakkari		7+8(3)	5+10(4)	7
39	TR32231-6-Hakkari	n (1)	7+8(3)	5+10(4)	8
40	TR45420-5-Hakkari	n (1)	20+20(1)	5+10(4)	6
41	TR45422-2-Hakkari	n (1)	20+20(1)	2+12(2)	4
42	TR14857-3-Gümüşhane	n (1)	8(?), 20+20(1)	2+12(2)	?
43	TR14861-5-Gümüşhane		7+8(3)	2+12(2)	5
44	TR44487-4-Gümüşhane	n (1)	7+8(3)	2+12(2)	6
45	TR46873-4-Gümüşhane	1(3)	7+9(2)	2+12(2)	7
46	TR44365-4-Samsun	2*(3)	20+20(1)	5+10(4)	8
47	TR44365-5-Samsun	1(3)	20+20(1)	2+12(2)	6
48	TR44984-5-Samsun		7+8(3)	5+10(4)	7
49	TR44388-6-Tokat	n (1)	7+8(3)	2+12(2)	6
50	**TR44433-5-Tokat**	**2*(3)n(1)**	**7+8(3)**	**5+10(4)**	**11**
51	TR48373-1-Tokat		7+8(3)	2+12(2)	5
52	TR54988-1-Tokat		7+8(3)	2+12(2)	5
53	TR54989-4-Tokat		7+8(3)	2+12(2)	5

Tablo 3.3 Çalışılan örneklerde tespit edilen alt üniteler ve *Glu-1* skorları-Devamı

S. No	Gen Bankası Aksesyon Nu.	Genom			*Glu-1* Skoru
		A	B	D	
54	TR35147-4-Yozgat		7+8(3)	2+12(2)	5
55	**TR45303-4-Yozgat**	**2*(3)**	**7+9(2)**	**5+10(4)**	**9**
56	TR45306-2-Yozgat		6+8(1)	2+12(2)	3
57	TR45306-5-Yozgat		6+8(1)	2+12(2)	3
58	TR45308-2-Yozgat		7+8(3)	2+12(2)	5
59	TR53862-5-Yozgat		7+8(3)	2+12(2)	5
60	TR46810-5-Adıyaman		7+8(3)	2+12(2)	5
61	TR46822-2-Adıyaman		20+20(1)	2+12(2)	3
62	TR38888-6-Adıyaman		7+8(3)	2+12(2)	5
63	TR50455-4-Adıyaman		20+20(1)	2+12(2)	3
64	TR49018-1-Adıyaman	n (1)	7+8(3)	2+12(2)	6
65	TR46889-2-Sivas	2*(3)	6+8(1)	3+12(2)	6
66	TR45324-2-Sivas	2*(3)	7+8(3)	4+12(1)	7
67	TR48061-4-Sivas		7+8(3)	2+12(2)	5
68	TR53299-1-Sivas		7+8(3)	2+12(2)	5
69	TR53343-5-Sivas		7+8(3)	2+12(2)	5
70	TR55002-3-Sivas		7+8(3)	2+12(2)	5
71	TR63316-4-Konya		7+8(3)	2+12(2)	5
72	TR35409-1-Konya		7+8(3)	2+12(2)	5
73	**TR52021-6-Konya**	**2*(3)**	**7+9(2)**	**5+10(4)**	**9**
74	**TR52021-3-Konya**	**2*(3)**	**7+9(2)**	**5+10(4)**	**9**
75	TR35408-4-Konya	n (1)	6+8(1)	2+12(2)	4
76	TR52860-3-Denizli		7+8(3)	2+12(2)	5
77	TR52860-6-Denizli		6+8(1)	2+12(2)	3
78	TR52865-1-Denizli		6+8(1)	2+12(2)	3
79	TR55127-6-Kütahya	1(3)	8(?)	2+12(2)	?
80	TR55140-1-Kütahya	n (1)	7+8(3)	2+12(2)	6
81	TR55144-1-Kütahya	n (1)	7+8(3)	2+12(2)	6
82	TR55174-1-Kütahya	n (1)	7+8(3)	2+12(2)	6
83	TR55201-4-Kütahya		7+8(3)	2+12(2)	5
84	TR55153-4-Eskişehir	2*(3)	6+8(1)	3+12(2)	6
85	TR55164-1-Eskişehir	2*(3)	6+8(1)	3+12(2)	6
86	TR55180-1-Eskişehir	n (1)	6+8(1)	2+12(2)	4
87	TR57999-2-Eskişehir		6+8(1)	2+12(2)	3
88	TR57999-6-Eskişehir		6+8(1)	2+12(2)	3
89	TR37383 Çorum	n (1)	7+8(3)	2+12(2)	6
90	TR32034 Kayseri		7+8(3)	2+12(2)	5
91	TR32218 Şırnak	n (1)	20+20(1)	2+12(2)	4
92	TR26233 İçel		20+20(1)	2+12(2)	3
93	TR26746 Bilecik		20+20(1)	2+12(2)	3
94	TR44365 Sakarya	1(3)	20+20(1)	2+12(2)	6
95	TR31678 Mardin	n (1)	7+8(3)	2+12(2)	6
96	TR45080 Adapazarı	n (1)	7+8(3)	2+12(2)	6
97	**TR45094 Ankara**	**2*(3)**	**7+9(2)**	**5+10(4)**	**9**
98	TR46804 Hatay	1(3)n (1)	20+20(1)	2+12(2)	7
99	**TR45105 Artvin**	**2*(3)n (1)**	**7+9(2)**	**5+10(4)**	**10**
100	TR47944 Çankırı	n (1)	7+8(3)	2+12(2)	6
101	TR47961 Muş	n (1)	7+8(3)	3+12(2)	6
102	TR48050 Erzincan	2*(3)	7+8(3)	4+12(1)	7
103	TR50443 Diyarbakır	2*(3)	7+9(2)	3+12(2)	7
104	**TR52645 Balıkesir**	**2*(3)**	**7+9(2)**	**5+10(4)**	**9**
105	TR52669 Bursa		14+16(?)	2+12(2)	?
106	TR52784 Muğla	n (1)	7+8(3)	2+12(2)	6

Tablo 3.3 Çalışılan örneklerde tespit edilen alt üniteler ve *Glu-1* skorları-Devamı

S. No	Gen Bankası Aksesyon Nu.	Genom			*Glu-1* Skoru
		A	B	D	
107	TR52873 Manisa		7+8(3)	2+12(2)	5
108	**TR51937 Kocaeli**	**2*(3)**	**7+9(2)**	**5+10(4)**	**9**
109	TR55316 Adana	2*(3)	6+8(1)	5+10(4)	8
110	TR55110 Antalya	n (1)	7+8(3)	2+12(2)	6
111	TR56099 Afyon	n (1)	7+8(3)	3+12(2)	6
112	TR62808 Isparta		7+8(3)	2+12(2)	5
113	TR63322 Tunceli	2*(3)	7+8(3)	3+12(2)	8
114	**TR63329 Ardahan**	**2*(3),n(1)**	**13+16 (3)**	**5+10(4)**	**11**
115	**TR63536 Nevşehir**	**2*(3)**	**7+8(3)**	**5+10(4)**	**10**
116	TR63538 Karaman		7+8(3)	2+12(2)	5

Tablo 3.4 Standart buğday çeşitlerinde hesaplanan *Glu-1* skorları

S. No	Gen Bankası Aksesyon Nu.	Genom			*Glu-1* Skoru
		A	B	D	
1	CS	n(1)	7+8(3)	2+12(2)	6
2	Drago		20+20(1)		1
3	Lobeiro	1(3)	14+15(?)		?
4	Lira	1(3)	6+8(1)		4
5	Svevo		7+8(3)		3
6	Duramba	2*(3)	13+16(3)		6
7	Ak 702		6+8(1)	2+12(2)	3
8	**Bezostaya 1**	**2*(3)**	**7+9(2)**	**5+10(4)**	**9**
9	Kate A1	1(3)	7(2)	2+12(2)	7
10	**Bayraktar**	**2*(3)**	**7+8(3)**	**5+10(4)**	**10**
11	Mızrak	n(1)	7+9(2)	5+10(4)	7
12	**Yakar**	**2*(3)**	**13+16(3)**	**5+10(4)**	**10**
13	**Atay 85**	**2*(3)**	**7(2)**	**5+10(4)**	**9**
14	Gerek 79		7+8(3)	2+12(2)	5
15	**Tosunbey**	**1(3)**	**17+18(3)**	**5+10(4)**	**10**

3.4. Türkiye orjinli yerel ekmeklik buğday çeşitlerinde alt ünite frekansları

Türkiye orjinli ekmeklik buğday çeşitlerinde bireysel alt ünite frekansları Tablo 3.5'te verilmiştir. Çalışma sonuçlarına göre Türkiye orjinli ekmeklik buğday çeşitlerinde *Glu-A1* lokusunda %29.46 frekans ile en fazla görülen alt ünite Axnull olmuştur. Bunu %26.34 frekans ile Ax2* alt ünitesi ve %8.53 frekans ile de AX1 alt ünitesi takip etmiştir. Çalışılan çeşitlerin %43.41'inde ise *Glu-A1* lokusunda herhangi bir alt üniteye rastlanmamıştır. *Glu-B1* lokusunda en sık görülen alt ünite %52.71 frekans ile Bx7+By8 alt ünitesi olmuştur. Bunu %15.50 frekans ile Bx20+By20 ve %12.40 frekans ile de Bx6+By8 ve Bx7+By9 alt üniteleri izlemiştir. *Glu-D1* lokusunda ise en sık gözlenen alt ünite %59.69 frekans ile Dx2+Dy12 alt ünitesi olmuştur. Bunu %27.91 frekans ile Dx5+Dy10 alt ünitesi izlemiştir. Diğer alt üniteler ise %10'dan daha düşük frekansta gözlenmiştir.

Tablo 3.5 Türkiye orjinli ekmeklik buğday çeşitlerinde bireysel alt ünite frekansları

Genom					
A	**Allel Frekansı (%)**	**B**	**Allel frekansı (%)**	**D**	**Allel frekansı (%)**
Null	29.46	7+8	52.71	2+12	59.69
2*	26.36	20+20	15.50	5+10	27.91
1	8.53	6+8	12.40	3+12	7.75
-	43.41	7+9	12.40	4+12	3.88
		8	4.65	2+12*	1.55
		14+16	3.88	12	0.78
		7	1.55	5	0.78
		13+16	1.55	-	0.78
		13+15	1.55		
		7*+8	1.55		
		9	1.55		
		14+15	0.78		
		17+18	0.78		
		6+16	0.78		

3.5. Türkiye orjinli ekmeklik buğday çeşitlerinde elde edilen allelik kombinasyonlar ve frekansları

Tablo 3.6 Türkiye orjinli buğday çeşitlerinde allelik kombinasyonlar ve frekansları

A	**B**	**D**	**Örnek Sayısı**	**Frekans (%)**	**A**	**B**	**D**	**Örnek Sayısı**	**Frekans (%)**
-	7+8	2+12	29	22.48	2*	7+8	5+10	3	2.33
Null	7+8	2+12	13	10.08	2*	6+8	3+12	3	2.33
2*	7+9	5+10	11	8.53	2*, null	7+8	5+10	2	1.55
-	7+8	5+10	6	4.65	-	14+16	2+12	2	1.55
-	6+8	2+12	6	4.65	-	7+8	3+12	2	1.55
-	20+20	2+12	4	3.10	-	7*+8	2+12	2	1.55
Null	6+8	2+12	3	2.33	Null	20+20	5+10	2	1.55
Null	20+20	2+12	2	1.55	2*	7+8	4+12	2	1.55
Null	7+8, 20+20	2+12	2	1.55	Null	7+8	3+12	2	1.55
1	20+20	2+12	2	1.55					

Çalışılan Türkiye ekmeklik buğday çeşitlerine ait gözlenen allelik kombinasyonlar ve bunların gözlenme frekansları Tablo 3.6'da verilmiştir. Buna göre Türkiye orjinli ekmeklik buğday çeşitlerinde 50 farklı allelik kombinasyon gözlenmiştir. Bu allelik kombinasyonlar içerisinde %22.48 frekans ile Bx7+By8, Dx2+Dy12 kombinasyonu en yüksek oranda gözlenmiştir. Bunu %10.08 frekans ile Axnull, Bx7+By8, Dx2+Dy12 allelik kombinasyonu ve %8.53 frekans ile de Ax2*, Bx7+By9, Dx5+Dy10 allelik kombinasyonu izlemiştir. Gözlenen diğer allelik kombinasyonlar %5'den daha düşük frekansta gözlenmiştir.

Tablo 3.6 Türkiye orjinli yerel ekmeklik buğday çeşitlerinde allelik kombinasyonlar ve frekansları-Devamı

A	B	D	Örnek Sayısı	Frekans (%)	A	B	D	Örnek Sayısı	Frekans (%)
-	7+8	4+12	1	0.78	Null	8, 20+20	2+12	1	0.78
Null	14+16	2+12	1	0.78	2*	20+20	5+10	1	0.78
Null	14+15	2+12	1	0.78	2*, null	7+8	3+12	1	0.78
-	20+20	4+12	1	0.78	2*	7, 17+18	5+10	1	0.78
-	14+16	5+10	1	0.78	1	8	2+12	1	0.78
-	20+20	5+10	1	0.78	1, null	7+8, 13+16	12	1	0.78
Null	7+8	5+10	1	0.78	1, 2*	8, 20+20	5+10	1	0.78
2*	7	5+10	1	0.78	1, null	20+20	2+12	1	0.78
2*	6+8	4+12	1	0.78	2*, null	7+9	5+10	1	0.78
1	7+9	2+12	1	0.78	1	7+8, 14+16	5, 2+12	1	0.78
-	6+8, 13	2+12	1	0.78	2*	6+8	5+10	1	0.78
2*, null	7+8, 9	5+10	1	0.78	2*	8, 13+15	5+10	1	0.78
1	7+8, 9, 20+20	2+12	1	0.78	2*	7+8	3+12	1	0.78
2*	7+9	3+12	1	0.78	2*, null	13+16	5+10	1	0.78
1, null	7+8, 13+15	2+12	1	0.78	null	6+8, 20+20	2+12	1	0.78
1, null	6+16	-	1	0.78					

Tablo 3.7 Marmara Bölgesine ait buğday çeşitlerinde allelik kombinasyonlar ve frekansları

S. No	Gen Bankası Aksesyon Nu.	Genom			*Glu-1* Skoru	Alt ünite frekansı (%)
		A	B	D		
1	TR33264-6-Edirne	2*(3)	7+9(2)	5+10(4)	9	35.71
2	TR51937-1-Edirne	2*(3)	7+9(2)	5+10(4)	9	35.71
3	TR51937-2-Edirne	2*(3)	7+9(2)	5+10(4)	9	35.71
4	TR33500-4-Kırklareli	2*(3)	7(2)	5+10(4)	9	7.14
5	TR33500-6-Kırklareli		7+8(3)	2+12(2)	5	14.29
6	TR38316-4-Kırklareli		7+8(3)	2+12(2)	5	14.29
7	TR26746 Bilecik		20+20(1)	2+12(2)	3	7.14
8	TR44365 Sakarya	1(3)	20+20(1)	2+12(2)	6	7.14
9	TR45080 Adapazarı	n (1)	7+8(3)	2+12(2)	6	7.14
10	TR52645 Balıkesir	2*(3)	7+9(2)	5+10(4)	9	35.71
11	TR52669 Bursa		14+16(?)	2+12(2)	?	7.14
12	TR51937 Kocaeli	2*(3)	7+9(2)	5+10(4)	9	35.71
Ortalama *Glu-1* Skoru					**7.18**	

Marmara bölgesi buğday çeşitlerinde 9 allelik kombinasyon gözlenmiştir (Tablo 3.7). Bu kombinasyonlar içerisinde Ax2*, Bx7+By9, Dx5+Dy10 allelik kombinasyonu %35.71 ile en yüksek frekansa sahiptir. Bunu %14.29 frekans ile Bx7+By8, Dx2+Dy12 allelik kombinasyonu izlemiştir. Marmara Bölgesi çeşitlerinde ortalama *Glu-1* kalite skoru 7.18 olarak hesaplanmıştır.

Tablo 3.8 Ege Bölgesine ait buğday çeşitlerinde allelik kombinasyonlar ve frekansları

S. No	**Gen Bankası Aksesyon Nu.**	**Genom**			***Glu-1* Skoru**	**Allel frekansı (%)**
		A	**B**	**D**		
1	TR52860-3-Denizli		7+8(3)	2+12(2)	5	20.00
2	TR52860-6-Denizli		6+8(1)	2+12(2)	3	13.33
3	TR52865-1-Denizli		6+8(1)	2+12(2)	3	13.33
4	TR55127-6-Kütahya	1(3)	8(?)	2+12(2)	?	6.67
5	TR55140-1-Kütahya	n (1)	7+8(3)	2+12(2)	6	26.67
6	TR55144-1-Kütahya	n (1)	7+8(3)	2+12(2)	6	26.67
7	TR55174-1-Kütahya	n (1)	7+8(3)	2+12(2)	6	26.67
8	TR55201-4-Kütahya		7+8(3)	2+12(2)	5	20.00
9	TR52784 Muğla	n (1)	7+8(3)	2+12(2)	6	26.67
10	TR52873 Manisa		7+8(3)	2+12(2)	5	20.00
11	TR56099 Afyon	n (1)	7+8(3)	3+12(2)	6	6.67
Ortalama *Glu-1* Skoru					**5.10**	

Ege Bölgesi buğday çeşitlerinde 9 allelik kombinasyon gözlenmiştir (Tablo 3.8). Bu kombinasyonlar içerisinde Axnull, Bx7+By8, Dx2+Dy12 allelik kombinasyonu %26.67 ile en yüksek frekansa sahiptir. Bunu %20.00 frekans ile Bx7+By8, Dx2+Dy12 allelik kombinasyonu izlemiştir. Ege Bölgesi çeşitlerinde ortalama *Glu-1* kalite skoru 5.10 olarak hesaplanmıştır.

Tablo 3.9 Akdeniz Bölgesine ait buğday çeşitlerinde allelik kombinasyonlar ve frekansları

S. No	**Gen Bankası Aksesyon Nu.**	**Genom**			***Glu-1* Skoru**	**Allel frekansı (%)**
		A	**B**	**D**		
1	TR37492-1-Kahramanmaraş		7+8(3)	3+12(2)	5	18.18
2	TR37492-2-Kahramanmaraş		7+8(3)	3+12(2)	5	18.18
3	TR37492-4-Kahramanmaraş		7+8(3)	2+12(2)	5	18.18
4	TR32009-5-Kahramanmaraş		7+8(3)	4+12(1)	4	9.09
5	393-5 Kahramanmaraş	2*(3)	7+9(2)	5+10(4)	9	9.09
6	TR55316 Adana	2*(3)	6+8(1)	5+10(4)	8	9.09
7	TR55110 Antalya	n (1)	7+8(3)	2+12(2)	6	9.09
8	TR62808 Isparta		7+8(3)	2+12(2)	5	18.18
9	TR26233 İçel		20+20(1)	2+12(2)	3	9.09
10	TR46804 Hatay	1(3),n (1)	20+20(1)	2+12(2)	7	9.09
Ortalama *Glu-1* Skoru					**5.70**	

Akdeniz Bölgesi buğday çeşitlerinde 9 allelik kombinasyon gözlenmiştir (Tablo 3.9). Bu kombinasyonlar içerisinde Bx7+By8, Dx2+Dy12 ve Bx7+By8, Dx3+Dy12 allelik kombinasyonları %18.18 ile en yüksek frekansa sahiptir. Akdeniz Bölgesinde gözlenen diğer allelik kombinasyonların hepsi de eşit frekansa (% 9.09) sahiptir. Akdeniz Bölgesi çeşitlerinde ortalama *Glu-1* kalite skoru 5.70 olarak hesaplanmıştır.

İç Anadolu Bölgesi buğday çeşitlerinde 9 allelik kombinasyon gözlenmiştir (Tablo 3.10). Bu kombinasyonlar içerisinde Bx7+By8, Dx2+Dy12 allelik kombinasyonu %39.39 ile en yüksek frekansa sahiptir. Bunu %14.29 frekans ile Bx6+By8, Dx2+Dy12 ve Ax2*, Bx7+By9, Dx5+Dy10 allelik kombinasyonları izlemiştir. İç Anadolu Bölgesi çeşitlerinde ortalama *Glu-1* kalite skoru 5.63 olarak hesaplanmıştır.

Tablo 3.10 İç Anadolu Bölgesine ait buğday çeşitlerinde allelik kombinasyonlar ve frekansları

S. No	**Gen Bankası Aksesyon Nu.**	**Genom**			***Glu-1* Skoru**	**Allel frekansı (%)**
		A	**B**	**D**		
1	TR35147-4-Yozgat		7+8(3)	2+12(2)	5	39.29
2	TR45303-4-Yozgat	2*(3)	7+9(2)	5+10(4)	9	14.29
3	TR45306-2-Yozgat		6+8(1)	2+12(2)	3	14.29
4	TR45306-5-Yozgat		6+8(1)	2+12(2)	3	14.29
5	TR45308-2-Yozgat		7+8(3)	2+12(2)	5	39.29
6	TR53862-5-Yozgat		7+8(3)	2+12(2)	5	39.29
7	TR46889-2-Sivas	2*(3)	6+8(1)	3+12(2)	6	10.71
8	TR45324-2-Sivas	2*(3)	7+8(3)	4+12(1)	7	3.57
9	TR48061-4-Sivas		7+8(3)	2+12(2)	5	39.29
10	TR53299-1-Sivas		7+8(3)	2+12(2)	5	39.29
11	TR53343-5-Sivas		7+8(3)	2+12(2)	5	39.29
12	TR55002-3-Sivas		7+8(3)	2+12(2)	5	39.29
13	TR63316-4-Konya		7+8(3)	2+12(2)	5	39.29
14	TR35409-1-Konya		7+8(3)	2+12(2)	5	39.29
15	TR52021-6-Konya	2*(3)	7+9(2)	5+10(4)	9	14.29
16	TR52021-3-Konya	2*(3)	7+9(2)	5+10(4)	9	14.29
17	TR35408-4-Konya	n (1)	6+8(1)	2+12(2)	4	7.14
18	TR55153-4-Eskişehir	2*(3)	6+8(1)	3+12(2)	6	10.71
19	TR55164-1-Eskişehir	2*(3)	6+8(1)	3+12(2)	6	10.71
20	TR55180-1-Eskişehir	n (1)	6+8(1)	2+12(2)	4	7.14
21	TR57999-2-Eskişehir		6+8(1)	2+12(2)	3	14.29
22	TR57999-6-Eskişehir		6+8(1)	2+12(2)	3	14.29
23	TR32034 Kayseri		7+8(3)	2+12(2)	5	39.29
24	TR63536 Nevşehir	2*(3)	7+8(3)	5+10(4)	10	3.57
25	TR63538 Karaman		7+8(3)	2+12(2)	5	39.29
26	TR45094 Ankara	2*(3)	7+9(2)	5+10(4)	9	14.29
27	TR47944 Çankırı	n (1)	7+8(3)	2+12(2)	6	3.57
Ortalama *Glu-1* Skoru					**5.63**	

Tablo 3.11 Karadeniz Bölgesine ait buğday çeşitlerinde allelik kombinasyonlar ve frekansları

S. No	**Gen Bankası Aksesyon Nu.**	**Genom**			***Glu-1* Skoru**	**Allel frekansı (%)**
		A	**B**	**D**		
1	TR36948-1-Bolu	2*(3)	7+8(3)	5+10(4)	10	5.26
2	TR46861-3-Bolu	2*(3)	6+8(1)	4+12(1)	5	5.26
3	TR37234-1-Kastamonu		7+8(3)	2+12(2)	5	26.32
4	TR32125-3-Kastamonu	n (1)	7+8(3)	2+12(2)	6	21.05
5	TR14857-3-Gümüşhane	n (1)	8(?),20(1)	2+12(2)	?	5.26
6	TR14861-5-Gümüşhane		7+8(3)	2+12(2)	5	26.32
7	TR44487-4-Gümüşhane	n (1)	7+8(3)	2+12(2)	6	21.05
8	TR46873-4-Gümüşhane	1(3)	7+9(2)	2+12(2)	7	5.26
9	TR44365-4-Samsun	2*(3)	20+20(1)	5+10(4)	8	5.26
10	TR44365-5-Samsun	1(3)	20+20(1)	2+12(2)	6	5.26
11	TR44984-5-Samsun		7+8(3)	5+10(4)	7	5.26
12	TR44388-6-Tokat	n (1)	7+8(3)	2+12(2)	6	21.05
13	TR44433-5-Tokat	2*(3),n (1)	7+8(3)	5+10(4)	11	5.26
14	TR48373-1-Tokat		7+8(3)	2+12(2)	5	26.32
15	TR54988-1-Tokat		7+8(3)	2+12(2)	5	26.32
16	TR54989-4-Tokat		7+8(3)	2+12(2)	5	26.32
17	TR37383 Çorum	n (1)	7+8(3)	2+12(2)	6	21.05
18	TR45105 Artvin	2*(3),n (1)	7+9(2)	5+10(4)	10	5.26
Ortalama *Glu-1* Skoru					**6.65**	

Karadeniz Bölgesi buğday çeşitlerinde 12 allelik kombinasyon gözlenmiştir (Tablo 3.11). Bu kombinasyonlar içerisinde Bx7+By8, Dx2+Dy12 allelik kombinasyonu %26.32 ile en yüksek frekansa sahiptir. Bunu %21.05 frekans ile Axnull, Bx7+By8, Dx2+Dy12 allelik kombinasyonu izlemiştir. Karadeniz Bölgesi çeşitlerinde ortalama *Glu-1* kalite skoru 6.65 olarak hesaplanmıştır.

Doğu Anadolu Bölgesi buğday çeşitlerinde 22 allelik kombinasyon ile en yüksek varyasyon gözlenmiştir (Tablo 3.12). Bu kombinasyonlar içerisinde Bx7+By8, Dx5+Dy10 allelik kombinasyonu %16.67 ile en yüksek frekansa sahiptir. Bunu %10.00 frekans ile Bx7+By8, Dx2+Dy12 allelik kombinasyonu izlemiştir. Doğu Anadolu Bölgesi çeşitlerinde ortalama *Glu-1* kalite skoru 6.57 olarak hesaplanmıştır.

Tablo 3.12 Doğu Anadolu Bölgesine ait buğday çeşitlerinde allelik kombinasyonlar ve frekansları

S. No	Gen Bankası Aksesyon Nu.	Genom			*Glu-1* Skoru	Allel frekansı (%)
		A	B	D		
1	TR32650-5-Erzurum	n (1)	14+15(?)	2+12(2)	?	3.33
2	TR32668-2-Erzurum		7+8(3)	5+10(4)	7	16.67
3	TR32780-2-Erzurum		7+8(3)	2+12(2)	5	10.00
4	TR32846-6-Erzurum	2*(3)	7+8(3)	5+10(4)	10	3.33
5	TR45370-2-Erzurum		7+8(3)	5+10(4)	7	16.67
6	TR48034-6-Erzurum		7+8(3)	5+10(4)	7	16.67
7	TR32273-4-Van		7+8(3)	5+10(4)	7	16.67
8	TR39676-4-Van	2*(3),n (1)	7+8(3)	5+10(4)	11	3.33
9	TR45402-3-Van	n (1)	6+8 (1)	2+12(2)	4	3.33
10	TR45398-4-Van	2*(3),n (1)	7+8(3)	3+12(2)	9	3.33
11	TR47993-1-Van	n (1)	14+16(?)	2+12(2)	?	3.33
12	TR32761-6-Kars		14+16(?)	2+12*(2)	?	3.33
13	TR32881-2-Kars		14+16(?)	5+10(4)	?	3.33
14	TR39660-1-Kars		7+8(3)	2+12*(2)	5	3.33
15	TR45105-6-Kars		7+8(3)	2+12(2)	5	10.00
16	TR48025-3-Kars	2*(3)	7+9(2)	5+10(4)	9	3.33
17	TR31894-3-Malatya		7*+8(3)	2+12(2)	5	6.67
18	TR31894-6-Malatya		7*+8(3)	2+12(2)	5	6.67
19	TR32014-5-Malatya		7+8(3)	2+12(2)	5	10.00
20	TR32231-5-Hakkari		7+8(3)	5+10(4)	7	16.67
21	TR32231-6-Hakkari	n (1)	7+8(3)	5+10(4)	8	3.33
22	TR45420-5-Hakkari	n (1)	20+20(1)	5+10(4)	6	3.33
23	TR45422-2-Hakkari	n (1)	20+20(1)	2+12(2)	4	6.67
24	TR32218 Şırnak	n (1)	20+20(1)	2+12(2)	4	6.67
25	TR63322 Tunceli	2*(3)	7+8(3)	3+12(2)	8	3.33
26	TR63329 Ardahan	2*(3),n (1)	13+16 (3)	5+10(4)	11	3.33
27	TR47961 Muş	n (1)	7+8(3)	3+12(2)	6	3.33
28	TR48050 Erzincan	2*(3)	7+8(3)	4+12(1)	7	3.33
Ortalama *Glu-1* Skoru					**6.57**	

Güneydoğu Bölgesi buğday çeşitlerinde 9 allelik kombinasyon gözlenmiştir (Tablo 3.13). Bu kombinasyonlar içerisinde Axnull, Bx7+By8, Dx2+Dy12; Bx7+By8, Dx2+Dy12 ve Bx20+By20, Dx2+Dy12 allelik kombinasyonları %16.67 ile en yüksek frekansa sahiptir. Diğer allelik kombinasyonların hepsi de eşit frekansa (%8.33) sahiptir. Güneydoğu Anadolu Bölgesi çeşitlerinde ortalama *Glu-1* kalite skoru 4.80 olarak hesaplanmıştır.

Tablo 3.13 Güneydoğu Anadolu Bölgesine ait buğday çeşitlerinde allelik kombinasyonlar ve frekansları

S. No	**Gen Bankası Aksesyon Nu.**	**Genom**			***Glu-1* Skoru**	**Allel frekansı (%)**
		A	**B**	**D**		
1	TR32218-1-Siirt		20+20(1)	4+12(1)	2	8.33
2	TR32218-5-Siirt	n (1)	20+20(1)	5+10(4)	6	8.33
3	TR32218-6-Siirt		20+20(1)	5+10(4)	5	8.33
4	TR46810-5-Adıyaman		7+8(3)	2+12(2)	5	16.67
5	TR46822-2-Adıyaman		20+20(1)	2+12(2)	3	16.67
6	TR38888-6-Adıyaman		7+8(3)	2+12(2)	5	16.67
7	TR50455-4-Adıyaman		20+20(1)	2+12(2)	3	16.67
8	TR49018-1-Adıyaman	n (1)	7+8(3)	2+12(2)	6	16.67
9	TR31678 Mardin	n (1)	7+8(3)	2+12(2)	6	16.67
10	TR50443 Diyarbakır	2*(3)	7+9(2)	3+12(2)	7	8.33
Ortalama *Glu-1* Skoru					**4.80**	

3.6. Bölgeler bazında ve toplamda alt ünite frekansları

Bölgelere göre *Glu-1* genomu allel frekansları Tablo 3.14'de verilmiştir. Bölgeler bazında *Glu-A1* lokusunda Axnull alleli en yüksek frekansta (%46.67) Ege bölgesinde gözlenmişken en düşük frekans (%7.1) Marmara bölgesinde gözlenmiştir.

Ax1 alleli en yüksek frekansta (%18.18) Akdeniz bölgesinde gözlenmişken en düşük frekans ise (%3.33) Doğu Anadolu bölgesinde gözlenmiştir. İç Anadolu bölgesinde ise Ax1 alleli gözlenmemiştir. Ax2* alleli en yüksek frekansta (%50.00) Marmara bölgesinde gözlenmiştir. Axnull, Ax1 ve Ax2* allellerinin toplam frekansları sırasıyla %30.23, %8.53 ve %26.36 şeklinde gözlenmiştir.

Tablo 3.14. Bölgeler bazında ve toplamda alt ünite frekansları

Bölgeler / Alt Ünite	Marmara Bölgesi	Ege Bölgesi	Akdeniz Bölgesi	İç Anadolu Bölgesi	Karadeniz Bölgesi	Doğu Anadolu Bölgesi	Güneydoğu Anadolu Bölgesi	Toplam Frekans
Glu-A1								
Null	0.071	0.4667	0.2727	0.1429	0.3684	0.4333	0.3333	0.3023
1	0.142	0.1333	0.1818	0.000	0.1579	0.0333	0.0833	0.0853
2*	0.500	0.0667	0.1818	0.3214	0.3158	0.2333	0.1667	0.2636
Glu-B1								
7+8	0.285	0.6000	0.1818	0.5357	0.6316	0.6000	0.5000	0.5426
14+15	0.000	0.000	0.5455	0.000	0.000	0.0333	0.000	0.0078
6+8	0.000	0.2667	0.0909	0.3214	0.0526	0.0333	0.000	0.1240
14+16	0.142	0.000	0.000	0.000	0.000	0.1000	0.000	0.0388
7+9	0.357	0.000	0.0909	0.1429	0.1053	0.0333	0.0833	0.1085
7	0.071	0.0667	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.0155
7*+8	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.0667	0.000	0.0155
20+20	0.142	0.0667	0.1818	0.0357	0.2105	0.1333	0.5000	0.1550
8	0.071	0.0667	0.000	0.000	0.1053	0.000	0.000	0.0310
17+18	0.000	0.0667	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.0078
13+16	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.0667	0.000	0.0155
13	0.000	0.0667	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.0078
13+15	0.071	0.0667	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.0155
9	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.1667	0.0155
Glu-D1								
2+12	0.500	0.8667	0.4545	0.6786	0.6316	0.3667	0.5833	0.5736
5+10	0.500	0.0667	0.1818	0.1786	0.3158	0.4000	0.2500	0.2791
3+12	0.000	0.0667	0.1818	0.1071	0.000	0.1000	0.0833	0.0775
4+12	0.000	0.000	0.0909	0.0357	0.0526	0.0333	0.0833	0.0388
2+12*	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.0667	0.000	0.0155
12	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.0333	0.000	0.0078
5	0.071	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.0078
D(-)	0.000	0.000	0.0909	0.000	0.000	0.000	0.000	0.0078

Glu-B1 lokusunda 14 alt ünite gözlenmiştir (Bx7+By8, Bx14+By15, Bx6+By8, Bx14+By16, Bx7+By9, Bx7, Bx7*+By8, Bx20+By20, By8, Bx17+By18, Bx13+By16, Bx13, Bx13+By15 ve By9). Marmara bölgesinde 7 (7+8, 14+16, 7+9, 7, 20+20, 8 ve 13+15), Ege bölgesinde 8 (7+8, 6+8, 7, 20+20, 8, 17+18, 13 ve 13+15), Akdeniz bölgesinde 5 (7+8, 14+15, 6+8, 7+9 ve 20+20), İç Anadolu bölgesinde 4 (7+8, 6+8, 7+9 ve 20+20), Karadeniz bölgesinde 5 (7+8, 6+8, 7+9, 20+20 ve 8), Doğu Anadolu bölgesinde 8 (7+8, 14+15, 6+8, 14+16, 7+9, 7*+8, 20+20 ve 13+16) ve Güneydoğu Anadolu bölgesinde ise 4 (7+8, 7+9, 20+20 ve 9) alt ünite tespit edilmiştir. Türkiye yerel ekmeklik buğday çeşitlerinde *Glu-B1* lokusundaki alt ünitelerden Bx7+By8 (%54.26), Bx6+By8 (%12.40), Bx7+By9 (%10.85) ve Bx20+By20 (%15.50) sık görülen alleller, Bx14+By16 (%3.88), Bx7 (%1.55), Bx7*+By8 (%1.55), By8 (%3.10), Bx13+By16 (%1.55), Bx13+By15 (%1.55) ve By9 (%1.55) seyrek görülen allellerken Bx14+By15, Bx17+By18 ve Bx13 (%0.78) nadir görülen alleller olarak tespit edilmiştir

(allel frekansları %5'den büyük ise sık görülen, 55'ten küçük ise seyrek görülen ve %1'den küçük ise nadir görülen alleller olarak kabul edilmektedir) [349].

Glu-D1 lokusunda 7 alt ünite tanımlanmıştır (Dx2+Dy12, Dx5+Dy10, Dx3+Dy12, Dx4+Dy12, Dx2+Dy12*, Dy12 ve Dx5). *Glu-D1* lokusunda %57.36 frekans ile en fazla 2+12 alt ünitesi gözlenmiş bunu %27.91 ile 5+10 alt ünitesi takip etmiştir. Dx5 ve Dy12 alt üniteleri nadir görülen alleller olarak tespit edilmiştir (%0.78).

3.7. Bölgesel populasyon analizleri

3.7.1. Marmara Bölgesi populasyon analizleri

3.7.1.1. Marmara Bölgesi bireysel allel ve alt ünite frekansları

Marmara bölgesinde *Glu-A1* lokusunda en fazla görülen allel %50 frekans ile Ax2* olmuştur (Tablo 3.15). Axnull alleli ise %7.14 frekans ile en düşük gözlenen allel olmuştur. Ax1 alleli %14.29 frekansta gözlenmiştir. *Glu-B1* lokusunda 7 farklı alt ünite tespit edilmiştir (Tablo 3.15). Bu alt üniteler içerisinde %19.82 frekans ile Bx7+By9 alt ünitesi en sık görülen alt ünitedir. *Glu-D1* lokusunda ise 3 farklı alt ünite tespit edilmiş (Tablo 3.15) ve bu alt üniteler içerisinde de Dx2+Dy12 ve Dx5 ve Dy10 alt üniteleri eşit frekansta (%29.29) gözlenmiştir.

Tablo 3.15. Marmara Bölgesi alt ünite frekansları

Glu-A1		*Glu-B1*		*Glu-D1*	
Null	7.14	7+8	28.50	2+12	50.00
1	14.29	14+15	0.00	5+10	50.00
2*	50.00	6+8	0.00	3+12	0.00
		14+16	14.20	4+12	0.00
		7+9	35.70	2+12*	0.00
		7	7.10	12	0.00
		7*+8	0.00	5	7.10
		20+20	14.20	D(-)	0.00
		8	7.10		
		17+18	0.00		
		13+16	0.00		
		13	0.00		
		13+15	7.10		
		9	0.00		

Marmara bölgesinde 15 farklı bireysel allel tespit edilmiştir (Tablo 3.16). Bu 15 allel 9 farklı kombinasyonda gözlenmiştir (Ax2*, Bx7+By9, Dx5+Dy10; Ax2*, Bx7, Dx5+Dy10; Bx7+By8, Dx2+Dy12; Bx20+By20, Dx2+Dy12; Ax1, Bx20+By20, Dx2+Dy12; Axnull, Bx7+By8, Dx2+Dy12; Ax1, Bx7+By8, Bx14+By16, Dx5,

Dx2+Dy12; Bx14+By16, Dx2+Dy12 ve Ax2*, By8, Bx13+By15, Dx5+Dy10). Bu kombinasyonlar içerisinde Ax2*, Bx7+By9, Dx5+Dy10 allel kombinasyonu en yüksek frekansta gözlenmiştir (%35.71) (Tablo 3.7).

Tablo 3.16. Marmara Bölgesi *Glu-1* lokusu bireysel allel frekansları

Alleller	Null	1	2	2*	3	4	5	6	7	7*	8
% frekans	3.64	7.42	29.3	29.3	0.0	0.0	34.5	0.0	46.6	0.0	19.8

Alleller	9	10	12	12*	13	14	15	16	17	18	20
% frekans	19.8	29.3	29.3	0.00	3.6	7.4	3.64	7.4	0.00	0.0	7.42

3.7.1.2. Marmara Bölgesi genetik varyasyon analizleri

Marmara bölgesinde *Glu-A1* lokusunda ortalama gen çeşitliliği 0.2925 ± 0.1882 bulunmuştur (Tablo 3.17). Bu oran Ax2* alt ünitesinde 0.50 iken Axnull alt ünitesinde 0.1327 olarak tespit edilmiştir. Marmara bölgesinde Lewontin [331]'e göre Shannon Bilgi indeksi (genetik benzerlik oranı) ortalama 0.4535 ± 0.2211 olarak bulunmuştur. Bu oran Ax2* alt ünitesinde 0.6931, Ax1 alt ünitesinde 0.4101 ve Axnull alt ünitesinde de 0.2573 olarak belirlenmiştir. Marmara bölgesinde *Glu-A1* lokusunda polimorfizm oranı %100 olarak tespit edilmiştir.

Tablo 3.17. Marmara bölgesi *Glu-A1* lokusu genetik varyasyon analizi [329]

Alleller	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
null	12	2.0000	1.1529	0.1327	0.2573
1	12	2.0000	1.3243	0.2449	0.4101
2*	12	2.0000	2.0000	0.5000	0.6931
Ort	12	2.0000	1.4924	0.2925	0.4535
Std. Sapma		0.0000	0.4479	0.1882	0.2211

* Na = Allellerin gözlenme sayısı
* Ne = Allellerin etki sayısı [330]
* h= Nei gen çeşitliliği [350]
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]
Polimorfik bölge sayısı : 3
Polimorfik bölgelerin yüzdesi : 100.00 %

Marmara bölgesinde *Glu-B1* lokusunda ortalama gen çeşitliliği 0.0760 ± 0.1042 bulunmuştur (Tablo 3.18). Bu oran Bx7+By9 alt ünitesinde 0.3179, Bx7+By8 alt ünitesinde 0.2617 ve Bx20+By20 ve Bx14+By16 alt ünitelerinde 0.1374 iken Bx7, By8 ve Bx13+By15 alt ünitelerinde 0.0701 olarak tespit edilmiştir. Marmara bölgesinde Lewontin [331]'e göre Shannon Bilgi indeksi (genetik benzerlik oranı) ortalama 0.1376

± 0.1713 olarak bulunmuştur. Bu oran Bx7+By9 alt ünitesinde 0.4979, Bx7+By8 alt ünitesinde 0.4310 ve Bx14+By16 alt ünitesinde de 0.2643 olarak belirlenmiştir. Marmara bölgesinde *Glu-B1* lokusunda polimorfizm oranı %50 olarak tespit edilmiştir.

Tablo 3.18. Marmara bölgesi *Glu-B1* lokusu genetik varyasyon analizi [329].

Alt üniteler	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
7+8	12	2.0000	1.3545	0.2617	0.4310
14+15	12	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
6+8	12	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
14+16	12	2.0000	1.1592	0.1374	0.2643
7+9	12	2.0000	1.4660	0.3179	0.4979
7	12	2.0000	1.0754	0.0701	0.1563
7*+8	12	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
20+20	12	2.0000	1.1592	0.1374	0.2643
8	12	2.0000	1.0754	0.0701	0.1563
17+18	12	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13+16	12	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13	12	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13+15	12	2.0000	1.0754	0.0701	0.1563
9	12	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
Ort	12	1.5000	1.0975	0.0760	0.1376
Std. Sapma		0.5189	0.1461	0.1042	0.1713

* Na = Allellerin gözlenme sayısı, * Ne = Allellerin etki sayısı [Kimura and Crow [330]'a göre], * h = Nei's [350] gen çeşitliliği, * I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]
Polimorfik bölge sayısı : 7,
Polimorfik bölgelerin yüzdesi : 50.00 %

Marmara bölgesinde *Glu-D1* lokusunda ortalama gen çeşitliliği 0.1123 ± 0.1879 olarak bulunmuştur. Bu oran Dx2+Dy12 ve Dx5+Dy10 alt ünitelerinde 0.4142, Dx5 alt ünitesinde ise 0.0701 olarak bulunmuştur (Tablo 3.19). Marmara bölgesinde Lewontin [331]'e göre Shannon Bilgi indeksi (genetik benzerlik oranı) ortalama 0.1123 ± 0.1879 olarak bulunmuştur. Bu oran Dx2+Dy12 ve Dx5+Dy10 alt ünitelerinde 0.6047, Dx5 alt ünitesinde ise 0.1563 olarak tespit edilmiştir. Marmara bölgesinde *Glu-D1* lokusunda polimorfizm oranı ise %37.50 olarak bulunmuştur.

Tablo 3.19. Marmara bölgesi *Glu-D1* lokusu genetik varyasyon analizi. Nei [383]'ye göre.

Alleller	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
2+12	12	2.0000	1.7071	0.4142	0.6047
5+10	12	2.0000	1.7071	0.4142	0.6047
3+12	12	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
4+12	12	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
2+12*	12	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
12	12	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
5	12	2.0000	1.0754	0.0701	0.1563
D(-)	12	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
Ort	12	1.3750	1.1862	0.1123	0.1707
Std. Sapma		0.5175	0.3226	0.1879	0.2732

* Na = Allellerin gözlenme sayısı,
* Ne = Allellerin etki sayısı [Kimura and Crow [330]'a göre],
* h = Nei's [350] gen çeşitliliği,
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]

Polimorfik bölge sayısı : 3
Polimorfik bölgelerin yüzdesi : 37.50 %

Marmara bölgesinde *Glu-1* lokusu bireysel alleller bakımından bütün olarak değerlendirildiğinde ortalama gen çeşitliliği 0.1819 ± 0.1829 olarak bulunmuştur. Bu oran Bx7 allelinde 0.4976, Dx5 allelinde 0.4522, Ax2*, Dx2, Dy10 ve Dy12 allellerinde ise 0.4142 olarak bulunmuştur (Tablo 3.20).

Marmara bölgesinde Lewontin [331]'e göre Shannon Bilgi indeksi (genetik benzerlik oranı) ortalama 0.2853 ± 0.2594 olarak bulunmuştur. Bu oran Bx7 allelinde 0.6908, Dx5 allelinde 0.6445 olarak bulunmuşken Ax2*, Dx2, Dy10 ve Dy12 allellerinde 0.6047 olarak tespit edilmiştir.

Marmara bölgesinde bireysel alleller bakımından tüm *Glu-1* lokusunda polimorfizm oranı ise %68.18 olarak bulunmuştur.

Tablo 3.20. Marmara bölgesi allellere göre *Glu-1* lokusu genetik varyasyon analizi. Nei [329]'ye göre.

Alleller	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
null	12	2.0000	1.0754	0.0701	0.1563
1	12	2.0000	1.1592	0.1374	0.2643
2	12	2.0000	1.7071	0.4142	0.6047
2*	12	2.0000	1.7071	0.4142	0.6047
3	12	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
4	12	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
5	12	2.0000	1.8254	0.4522	0.6445
6	12	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
7	12	2.0000	1.9905	0.4976	0.6908
7*	12	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
8	12	2.0000	1.4660	0.3179	0.4979
9	12	2.0000	1.4660	0.3179	0.4979
10	12	2.0000	1.7071	0.4142	0.6047
12	12	2.0000	1.7071	0.4142	0.6047
12*	12	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13	12	2.0000	1.0754	0.0701	0.1563
14	12	2.0000	1.1592	0.1374	0.2643
15	12	2.0000	1.0754	0.0701	0.1563
16	12	2.0000	1.1592	0.1374	0.2643
17	12	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
18	12	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
20	12	2.0000	1.1592	0.1374	0.2643
Ort	12	1.6818	1.2927	0.1819	0.2853
Std. Sapma		0.4767	0.3331	0.1829	0.2594

* Na = Allellerin gözlenme sayısı
* Ne = Allellerin etki sayısı [Kimura and Crow [330]'a göre]
* h = Nei's [350] gen çeşitliliği
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]

Polimorfik bölge sayısı : 15
Polimorfik bölgelerin yüzdesi : 68.18 %

Marmara bölgesinde *Glu-1* lokusu bireysel alt üniteler bakımından bütün olarak değerlendirildiğinde ortalama gen çeşitliliği 0.1506 ± 0.1858 olarak bulunmuştur. Bu oran Ax2*, Dx2+Dy12 ve Dx5+Dy10 alt ünitelerinde 0.50, Bx7+By9'da 0.4592 ve Bx7+By8 alt ünitesinde 0.4082 olarak bulunmuştur (Tablo 3.21).

Marmara bölgesinde Lewontin [331]'e göre Shannon Bilgi indeksi (genetik benzerlik oranı) ortalama 0.2339 ± 0.2656 olarak bulunmuştur. Bu oran Ax2*, Dx2+Dy12 ve Dx5+Dy10 alt ünitelerinde 0.6931, Bx7+By9 alt ünitesinde 0.6518 ve Bx7+By8 alt ünitesinde de 0.5983 olarak tespit edilmiştir.

Marmara bölgesinde bireysel alt üniteler bakımından tüm *Glu-1* lokusunda polimorfizm oranı ise %52.00 olarak bulunmuştur.

Tablo 3.21. Marmara bölgesi alt üniteler bazında *Glu-1* lokusu genetik varyasyon analizi. Nei [329]'ye göre).

Alt ünite	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
Null	12	2.0000	1.1529	0.1327	0.2573
1	12	2.0000	1.3243	0.2449	0.4101
2*	12	2.0000	2.0000	0.5000	0.6931
7+8	12	2.0000	1.6897	0.4082	0.5983
14+15	12	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
6+8	12	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
14+16	12	2.0000	1.3243	0.2449	0.4101
7+9	12	2.0000	1.8491	0.4592	0.6518
7	12	2.0000	1.1529	0.1327	0.2573
7*+8	12	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
20+20	12	2.0000	1.3243	0.2449	0.4101
8	12	2.0000	1.1529	0.1327	0.2573
17+18	12	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13+16	12	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13	12	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13+15	12	2.0000	1.1529	0.1327	0.2573
9	12	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
2+12	12	2.0000	2.0000	0.5000	0.6931
5+10	12	2.0000	2.0000	0.5000	0.6931
3+12	12	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
4+12	12	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
2+12*	12	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
12	12	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
5	12	2.0000	1.1529	0.1327	0.2573
D(-)	12	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
Ortalama	12	1.5200	1.2511	0.1506	0.2339
Std. Sapma		0.5099	0.3567	0.1858	0.2656

* Na = Allellerin gözlenme sayısı
* Ne = Allellerin etki sayısı [Kimura and Crow [330]'a göre]
* h = Nei's [350] gen çeşitliliği
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]

Polimorfik bölge sayısı : 13
Polimorfik bölgelerin yüzdesi : 52.00 %

3.7.2. Ege Bölgesi populasyon analizleri

3.7.2.1. Ege Bölgesi bireysel allel ve alt ünite frekansları

Glu-A1 lokusunda en sık görülen allel Ax2* olmasına rağmen bu allele Ege bölgesinde en az frekansta rastlanmıştır (%6.67) (Tablo 3.22). Ege bölgesinde *Glu-A1* lokusunda en fazla rastlanan allel %46.67 frekans ile Axnull alleli olmuştur. Bu allel Marmara bölgesinde en az rastlanan alleldir. *Glu-A1* lokusunda Ax1 alleli ise %13.33 frekansta gözlenmiştir.

Marmara bölgesinde en yüksek frekansta gözlenen alt ünite Bx7+By9 olmasına karşın bu alt üniteye Ege bölgesinde rastlanmamıştır. Ege bölgesinde *Glu-B1* lokusunda en sık rastlanan alt ünite %36.75 frekans ile Bx7+By8 alt ünitesi olmuştur. Bu alt üniteyi

%14.37 frekans ile Bx6+By8 alt ünitesi izlemiştir. Bx7, Bx20+By20, By8, Bx17+By18, Bx13 ve Bx13+By15 alt ünitelerine ise %3.39 frekansta rastlanmıştır. Ege bölgesinde *Glu-D1* lokusunda 3 alt ünite tespit edilmiştir (Dx2+Dy12, Dx5+Dy10 ve Dx3+Dy12) (Tablo 3.22). Bu alt üniteler içerisinde %63.49 frekans ile Dx2+Dy12 alt ünitesi en sık rastlanan alt ünitedir. Diğer iki alt üniteye eşit frekansta (%3.39) rastlanmıştır.

Tablo 3.22. Ege Bölgesi alt ünite frekansları

Glu-A1		*Glu-B1*		*Glu-D1*	
Null	46.67	7+8	60.00	2+12	86.67
1	13.33	14+15	0.00	5+10	6.67
2*	6.67	6+8	26.67	3+12	6.67
		14+16	0.00	4+12	0.00
		7+9	0.00	2+12*	0.00
		7	6.67	12	0.00
		7*+8	0.00	5	0.00
		20+20	6.67	D(-)	0.00
		8	6.67		
		17+18	6.67		
		13+16	0.00		
		13	6.67		
		13+15	6.67		
		9	0.00		

Ege bölgesinde 16 farklı bireysel allel tespit edilmiştir (Tablo 3.23). Bu 16 allel 9 farklı kombinasyonda gözlenmiştir (Ax2*, Bx7, Bx17+By18, Dx5+Dy10; Bx7+By8, Dx2+Dy12; Bx6+By8, Dx2+Dy12; Ax1, By8, Dx2+Dy12; Axnull, Bx7+By8, Dx2+Dy12; Bx6+By8, Bx13, Dx2+Dy12; Axnull, Ax1, Bx7+By8, Bx13+By15, Dx2+Dy12; Axnull, Bx7+By8, Dx3+Dy12 ve Axnull, Bx6+By8, Bx20+By20, Dx2+Dy12) (Tablo 3.8). Bu allelik kombinasyonlar içerisinde Axnull, Bx7+By8, Dx2+Dy12 allelik kombinasyonuna en yüksek frekansta rastlanmıştır (%26.67).

Tablo 3.23. Ege Bölgesi *Glu-1* lokusu bireysel allel frekansları

Alleller	Null	1	2	2*	3	4	5	6	7	7*	8
% frekans	26.97	6.91	63.49	3.39	3.39	0.00	3.39	14.37	42.26	0.0	74.2

Alleller	9	10	12	12*	13	14	15	16	17	18	20
% frekans	0.00	3.39	74.18	0.00	6.91	0.00	3.39	0.00	3.39	3.4	3.39

3.7.2.2. Ege Bölgesi genetik varyasyon analizleri

Ege bölgesinde *Glu-A1* lokusunda ortalama gen çeşitliliği (h) 0.2844 ± 0.1923 bulunmuştur (Tablo 3.24). Bu oran Axnull alt ünitesinde 0.4978 iken Ax2* alt ünitesinde 0.1244 olarak tespit edilmiştir. Ege bölgesinde Lewontin [331]'e göre

Shannon Bilgi İndeksi (I) ortalama 0.4428 ± 0.2272 olarak bulunmuştur. Bu oran Axnull alt ünitesinde 0.6909 ile en yüksek değerde iken Ax2* alt ünitesinde 0.2272 ile en düşük seviyededir. Ege bölgesinde *Glu-A1* lokusu polimorfizm oranı %100 olarak tespit edilmiştir.

Tablo 3.24. Ege bölgesi *Glu-A1* lokusu genetik varyasyon analizi.
Nei [329]'ye göre.

Alleller	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
null	11	2.0000	1.9912	0.4978	0.6909
1	11	2.0000	1.3006	0.2311	0.3927
2*	11	2.0000	1.1421	0.1244	0.2449
Ort	11	2.0000	1.4780	0.2844	0.4428
Std. Sapma		0.0000	0.4514	0.1923	0.2272

* Na = Allellerin gözlenme sayısı,
* Ne = Allellerin etki sayısı [Kimura and Crow [330]'a göre],
* h = Nei's [350] gen çeşitliliği,
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]
Polimorfik bölge sayısı : 3,
Polimorfik bölgelerin yüzdesi : 100.00 %

Tablo 3.25. Ege bölgesi *Glu-B1* lokusu genetik varyasyon analizi. Nei [329]'ye göre.

Alt üniteler	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
7+8	11	2.0000	1.8688	0.4649	0.6576
14+15	11	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
6+8	11	2.0000	1.3263	0.2460	0.4115
14+16	11	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
7+9	11	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
7	11	2.0000	1.0701	0.0655	0.1481
7*+8	11	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
20+20	11	2.0000	1.0701	0.0655	0.1481
8	11	2.0000	1.0701	0.0655	0.1481
17+18	11	2.0000	1.0701	0.0655	0.1481
13+16	11	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13	11	2.0000	1.0701	0.0655	0.1481
13+15	11	2.0000	1.0701	0.0655	0.1481
9	11	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
Ort	11	1.5714	1.1154	0.0789	0.1398
Std. Sapma		0.5136	0.2328	0.1287	0.1880

* Na = Allellerin gözlenme sayısı,
* Ne = Allellerin etki sayısı [Kimura and Crow [330]'a göre],
* h = Nei's [350] gen çeşitliliği,
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]
Polimorfik bölge sayısı : 8,
Polimorfik bölgelerin yüzdesi : 57.14 %

Ege bölgesi *Glu-B1* lokusunda ortalama gen çeşitliliği 0.0789 ± 0.1287 olarak bulunmuştur (Tablo 3.25). Bu oran Bx7+By8 alt ünitesinde 0.4649 ile en yüksek oranda gözlenmiştir. Bx6+By8 alt ünitesinde 0.2460, Bx7, Bx20+By20, By8, Bx17+By18,

Bx13 ve Bx13+By15 alt ünitelerinde ise 0.0655 olarak tespit edilmiştir. Ege bölgesinde genetik benzerlik oranı (I) ortalama 0.1398 ± 0.1880 olarak tespit edilmiştir. Bu oran Bx7+By8 alt ünitesinde 0.6576, Bx6+By8 alt ünitesinde 0.4115, Bx7, Bx20+By20, By8, Bx17+By18, Bx13 ve bx13+By15 alt ünitelerinde ise 0.1481 olarak bulunmuştur. Ege bölgesinde *Glu-B1* lokusunda genetik varyasyon bakımından polimorfizm oranı %57.14 olarak tespit edilmiştir.

Ege bölgesinde *Glu-D1* lokusunda gen çeşitliliği (h) ortalama 0.0743 ± 0.1601 olarak bulunmuştur. Bu oran Dx2+Dy12 alt ünitesinde 0.4636, Dx5+Dy10 ve Dx3+Dy12 alt ünitelerinde de 0.0655 olarak bulunmuştur (Tablo 3.26). Ege bölgesinde, Marmara bölgesine oranla (0.4142) Dx5+Dy10 alt ünitesindeki gen çeşitliliği oldukça düşüktür. Ege bölgesinde genetik benzerlik oranı (I) ortalama 0.1191 ± 0.2272 olarak bulunmuştur. Bu oran Dx2+Dy12 alt ünitesinde 0.6563 ile en yüksek oranda bulunmuştur. Dx5+Dy10 ve Dx3+Dy12 alt ünitelerinde ise 0.1481 olarak bulunmuştur. Ege bölgesinde *Glu-D1* lokusunda polimorfizm oranı %37.50 olarak tespit edilmiştir.

Tablo 3.26. Ege bölgesi *Glu-D1* lokusu genetik varyasyon analizi. Nei [383]'ye göre.

Alleller	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
2+12	11	2.0000	1.8644	0.4636	0.6563
5+10	11	2.0000	1.0701	0.0655	0.1481
3+12	11	2.0000	1.0701	0.0655	0.1481
4+12	11	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
2+12*	11	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
12	11	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
5	11	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
D(-)	11	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
Ort	11	1.3750	1.1256	0.0743	0.1191
Std. Sapma		0.5175	0.3002	0.1601	0.2272

* Na = Allellerin gözlenme sayısı,
* Ne = Allellerin etki sayısı [Kimura and Crow [330]'a göre],
* h = Nei's [350] gen çeşitliliği,
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]

Polimorfik bölge sayısı : 3
Polimorfik bölgelerin yüzdesi : 37.50 %

Ege bölgesinde *Glu-1* lokusu bireysel alleller bakımından bütün olarak değerlendirildiğinde ortalama gen çeşitliliği 0.1427 ± 0.1665 olarak bulunmuştur. Bu oran Bx7 allelinde 0.4880, Dx2 allelinde 0.4636, Axnull allelinde 0.3939 , By8 ve Dy12 allellerinde ise 0.3831 olarak tespit edilmiştir (Tablo 3.27). Ege bölgesinde genetik benzerlik oranı (I) ortalama 0.2346 ± 0.2337 olarak bulunmuştur. Bu oran Bx7 allelinde

0.6811, Dx2 allelinde 0.6563, Axnull allelinde 0.5830, By8 ve Dy12 allellerinde ise 0.5712 olarak tespit edilmiştir. Ege bölgesinde bireysel alleller bakımından *Glu-1* lokusundaki polimorfizm oranı %72.73 olarak tespit edilmiştir.

Ege bölgesinde *Glu-1* lokusu bireysel alt üniteler bakımından bütün olarak değerlendirildiğinde ortalama gen çeşitliliği (h) 0.1180 ± 0.1485 olarak bulunmuştur. Bu oran Axnull alt ünitesinde 0.4978, Bx7+By8 alt ünitesinde 0.4800 ve Bx6+By8 alt ünitesinde 0.3911 olarak tespit edilmiştir (Tablo 3.28). Ege bölgesinde bireysel alt üniteler arasında genetik benzerlik oranı (I) ortalama 0.1973 ± 0.2181 olarak belirlenmiştir. Bu oran Axnull alt ünitesinde 0.6909, Bx7+By8 alt ünitesinde 0.6730 ve bx6+By8 alt ünitesinde de 0.5799 olarak bulunmuştur. Ege bölgesinde bireysel alt ünitelere göre *Glu-1* lokusunda polimorfizm oranı %56.00 olarak tespit edilmiştir.

Tablo 3.27. Ege bölgesi allellere göre *Glu-1* lokusu genetik varyasyon analizi. [329]

Alleller	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
null	11	2.0000	1.6500	0.3939	0.5830
1	11	2.0000	1.1475	0.1286	0.2512
2	11	2.0000	1.8644	0.4636	0.6563
2*	11	2.0000	1.0701	0.0655	0.1481
3	11	2.0000	1.0701	0.0655	0.1481
4	11	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
5	11	2.0000	1.0701	0.0655	0.1481
6	11	2.0000	1.3263	0.2460	0.4115
7	11	2.0000	1.9533	0.4880	0.6811
7*	11	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
8	11	2.0000	1.6209	0.3831	0.5712
9	11	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
10	11	2.0000	1.0701	0.0655	0.1481
12	11	2.0000	1.6209	0.3831	0.5712
12*	11	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13	11	2.0000	1.1475	0.1286	0.2512
14	11	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
15	11	2.0000	1.0701	0.0655	0.1481
16	11	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
17	11	2.0000	1.0701	0.0655	0.1481
18	11	2.0000	1.0701	0.0655	0.1481
20	11	2.0000	1.0701	0.0655	0.1481
Ort	11	1.7273	1.2223	0.1427	0.2346
Std. Sapma		0.4558	0.3048	0.1665	0.2337

* Na = Allellerin gözlenme sayısı,
* Ne = Allellerin etki sayısı [Kimura and Crow [330]'a göre],
* h = Nei's [350] gen çeşitliliği,
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331],

Polimorfik bölge sayısı : 16,
Polimorfik bölgelerin yüzdesi : 72.73 %

Tablo 3.28. Ege bölgesi alt üniteler bazında *Glu-1* lokusu genetik varyasyon analizi. [329]

Alt ünite	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
Null	11	2.0000	1.9912	0.4978	0.6909
1	11	2.0000	1.3006	0.2311	0.3927
2*	11	2.0000	1.1421	0.1244	0.2449
7+8	11	2.0000	1.9231	0.4800	0.6730
14+15	11	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
6+8	11	2.0000	1.6423	0.3911	0.5799
14+16	11	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
7+9	11	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
7	11	2.0000	1.1421	0.1244	0.2449
7*+8	11	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
20+20	11	2.0000	1.1421	0.1244	0.2449
8	11	2.0000	1.1421	0.1244	0.2449
17+18	11	2.0000	1.1421	0.1244	0.2449
13+16	11	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13	11	2.0000	1.1421	0.1244	0.2449
13+15	11	2.0000	1.1421	0.1244	0.2449
9	11	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
2+12	11	2.0000	1.3006	0.2311	0.3927
5+10	11	2.0000	1.1421	0.1244	0.2449
3+12	11	2.0000	1.1421	0.1244	0.2449
4+12	11	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
2+12*	11	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
12	11	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
5	11	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
Ortalama	11	1.5600	1.1775	0.1180	0.1973
Std. Sapma		0.5066	0.2755	0.1485	0.2181

* Na = Allellerin gözlenme sayısı, * Ne = Allellerin etki sayısı [Kimura and Crow [330]'a göre], * h = Nei's [350] gen çeşitliliği, * I = Shannon's Bilgi İndeksi [331], Polimorfik bölge sayısı : 14, Polimorfik bölgelerin yüzdesi : 56.00 %

3.7.3. Akdeniz Bölgesi populasyon analizleri

3.7.3.1. Akdeniz Bölgesi bireysel allel ve alt ünite frekansları

Akdeniz bölgesinde *Glu-A1* lokusunda üç allel gözlenmiş ve en sık rastlanan allel %27.27 frekans ile Axnull alleli olmuştur (Tablo 3.29). Ax1 ve Ax2* allellerine eşit oranda rastlanmaktadır (%18.18).

Akdeniz bölgesinde *Glu-B1* lokusunda 5 alt ünite gözlenmiştir (Bx7+By8, Bx14+By15, Bx6+By8, Bx7+By9 ve Bx20+By20). Bu alt üniteler arasında %54.55 frekans ile en fazla gözlenen alt ünite Bx14+By15 alt ünitesi olmuştur. Bx20+By20 ve Bx7+By8 alt üniteleri %18.18, Bx6+By8 ve Bx7+By9 alt üniteleri ise %9.09 frekansta gözlenmiştir.

Akdeniz bölgesinde *Glu-D1* lokusunda da 4 alt ünite tespit edilmiştir (Dx2+Dy12, Dx5+Dy10, Dx3+Dy12 ve Dx4+Dy12). TR52824 Burdur örneğinde *Glu-D1* lokusunda herhangi bir alt üniteye rastlanmamıştır (Tablo 3.9). Akdeniz bölgesinde *Glu-D1* lokusunda %45.45 frekans ile en fazla gözlenen alt ünite Dx2+Dy12 alt ünitesi

olmuştur. Bu alt üniteyi %18.18 ile Dx5+Dy10 ve Dx3+Dy12 alt üniteleri takip etmiştir. Dx4+Dy12 alt ünitesinin görülme sıklığı ise %9.09 olarak belirlenmiştir (Tablo 3.29).

Tablo 3.29. Akdeniz Bölgesi alt ünite frekansları

Glu-A1		*Glu-B1*		*Glu-D1*	
Null	27.27	7+8	18.18	2+12	45.45
1	18.18	14+15	54.55	5+10	18.18
2*	18.18	6+8	9.09	3+12	18.18
		14+16	0.00	4+12	9.09
		7+9	9.09	2+12*	0.00
		7	0.00	12	0.00
		7*+8	0.00	5	0.00
		20+20	18.18	D(-)	9.09
		8	0.00		
		17+18	0.00		
		13+16	0.00		
		13	0.00		
		13+15	0.00		
		9	0.00		

Akdeniz bölgesinde 15 farklı bireysel allel tespit edilmiştir (Tablo 3.30). Bu 15 allel 9 farklı kombinasyonda gözlenmiştir (Bx7+By8, Dx3+Dy12; Bx7+By8, Dx2+Dy12; Bx7+By8, Dx4+Dy12; Ax2*, Bx7+By9, Dx5+Dy10; Axnull, Ax1, Bx6+By16; Ax2*, Bx6+By8, Dx5+Dy10; Axnull, Bx7+By8, Dx2+Dy12; Bx20+By20, Dx2+Dy12 ve Axnull, Ax1, Bx20+By20, Dx2+Dy12) (Tablo 3.9). Akdeniz bölgesinde gözlenen allelik kombinasyonlar arasında en yüksek frekans Bx7+By8, Dx3+Dy12 ve Bx7+By8, Dx2+Dy12 allelik kombinasyonlarına aittir (%18.18) (Tablo 3.9).

Tablo 3.30. Akdeniz Bölgesi *Glu-1* lokusu bireysel allel frekansları

Alleller	Null	1	2	2*	3	4	5	6	7	7*	8
% frekans	14.72	9.55	26.15	9.55	9.55	4.65	9.55	9.55	39.70	0.0	39.7
Alleller	9	10	12	12*	13	14	15	16	17	18	20
% frekans	4.65	9.55	47.78	0.00	0.00	0.00	0.00	4.65	0.00	0.0	9.6

3.7.3.2. Akdeniz Bölgesi genetik varyasyon analizleri

Akdeniz bölgesi *Glu-A1* lokusunda ortalama gen çeşitliliği (h) 0.3306 ± 0.0573 olarak bulunmuştur (Tablo 3.31). Bu oran Axnull alt ünitesinde 0.3967, Ax1 ve Ax2* alt ünitelerinde ise 0.2975 olarak belirlenmiştir. Akdeniz bölgesinde *Glu-A1* lokusunda genetik benzerlik oranı (I) ortalama 0.5114 ± 0.0646 olarak bulunmuştur. Bu oran Axnull alt ünitesinde 0.5860, Ax1 ve Ax2* alt ünitelerinde ise 0.4741 olarak

belirlenmiştir. Akdeniz bölgesinde *Glu-A1* lokusu genetik varyasyonunda polimorfizm oranı %100 olarak tespit edilmiştir.

Tablo 3.31. Akdeniz bölgesi *Glu-A1* lokusu genetik varyasyon analizi. Nei (1987a)'ya göre.

Alleller	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
null	10	2.0000	1.6575	0.3967	0.5860
1	10	2.0000	1.4235	0.2975	0.4741
2*	10	2.0000	1.4235	0.2975	0.4741
Ort	10	2.0000	1.5015	0.3306	0.5114
Std. Sapma		0.0000	0.1351	0.0573	0.0646

* Na = Allellerin gözlenme sayısı
* Ne = Allellerin etki sayısı [Kimura and Crow [330]'a göre]
* h = Nei's [350] gen çeşitliliği
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]

Polimorfik bölge sayısı : 3
Polimorfik bölgelerin yüzdesi : 100.00 %

Akdeniz bölgesi *Glu-B1* lokusunda ortalama gen çeşitliliği (h) 0.0564 ± 0.1222 olarak bulunmuştur (Tablo 3.32). Bu oran Bx7+By8 alt ünitesinde 0.4393, Bx20+By20 alt ünitesinde 0.1727, Bx6+By8 ve Bx7+By9 alt ünitelerinde ise 0.0887 olarak tespit edilmiştir. Akdeniz bölgesinde *Glu-B1* lokusunda genetik benzerlik oranı (I) ortalama 0.0945 ± 0.1847 olarak belirlenmiştir. Bu oran Bx7+By8 alt ünitesinde 0.6312, Bx20+By20 alt ünitesinde 0.3150, Bx6+By8 ve Bx7+By9 alt ünitelerinde ise 0.1882 olarak tespit edilmiştir. Akdeniz bölgesinde *Glu-B1* lokusunda polimorfizm oranı %28.57 olarak tespit edilmiştir.

Akdeniz bölgesinde *Glu-D1* lokusunda gen çeşitliliği (h) ortalama 0.1136 ± 0.1316 olarak bulunmuştur (Tablo 3.33). Bu oran Dx2+Dy12 alt ünitesinde 0.3862, Dx5+Dy10 ve Dx3+Dy12 alt ünitelerinde 0.1727 ve Dx4+Dy12 alt ünitesinde ise 0.0887 olarak belirlenmiştir.

Akdeniz bölgesinde *Glu-D1* lokusundaki genetik benzerlik oranı (I) ortalama 0.1976 ± 0.2025 olarak tespit edilmiştir. Bu oran Dx2+Dy12 alt ünitesinde 0.5746, Dx5+Dy10 ve Dx3+Dy12 alt ünitelerinde 0.3150 ve Dx4+Dy12 alt ünitesinde ise 0.1882 olarak belirlenmiştir. Akdeniz bölgesinde *Glu-D1* lokusunda polimorfizm oranı %62.50 olarak tespit edilmiştir.

Tablo 3.32. Akdeniz bölgesi *Glu-B1* lokusu genetik varyasyon analizi. Nei [329]'ye göre.

Alt üniteler	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
7+8	10	2.0000	1.7835	0.4393	0.6312
14+15	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
6+8	10	2.0000	1.0974	0.0887	0.1882
14+16	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
7+9	10	2.0000	1.0974	0.0887	0.1882
7	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
7*+8	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
20+20	10	2.0000	1.2088	0.1727	0.3150
8	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
17+18	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13+16	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13+15	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
9	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
Ort	10	1.2857	1.0848	0.0564	0.0945
Std. Sapma		0.4688	0.2105	0.1222	0.1847

* Na = Allellerin gözlenme sayısı
* Ne = Allellerin etki sayısı [Kimura and Crow [330]'a göre]
* h = Nei's [350] gen çeşitliliği
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]

Polimorfik bölge sayısı : 4
Polimorfik bölgelerin yüzdesi : 28.57 %

Tablo 3.33. Akdeniz bölgesi *Glu-D1* lokusu genetik varyasyon analizi. Nei [329]'ye göre.

Alleller	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
2+12	10	2.0000	1.6292	0.3862	0.5746
5+10	10	2.0000	1.2088	0.1727	0.3150
3+12	10	2.0000	1.2088	0.1727	0.3150
4+12	10	2.0000	1.0974	0.0887	0.1882
2+12*	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
12	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
5	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
D(-)	10	2.0000	1.0974	0.0887	0.1882
Ort	10	1.6250	1.1552	0.1136	0.1976
Std. Sapma		0.5175	0.2102	0.1316	0.2025

* Na = Allellerin gözlenme sayısı
* Ne = Allellerin etki sayısı [Kimura and Crow [330]'a göre]
* h = Nei's [350] gen çeşitliliği
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]

Polimorfik bölge sayısı : 5
Polimorfik bölgelerin yüzdesi : 62.50 %

Akdeniz bölgesinde *Glu-1* lokusu bireysel alleller bakımından bütün olarak değerlendirildiğinde ortalama gen çeşitliliği (h) 0.1622 ± 0.1652 olarak bulunmuştur (Tablo 3.37). Bu oran Dx12 allelinde 0.4990, Bx7 ve By8 allellerinde 0.4788 ve Dx2 allelinde 0.3862 olarak bulunmuştur. Akdeniz bölgesinde genetik benzerlik oranı (I)

ortalama 0.2635 ± 0.2350 olarak tespit edilmiştir. Bu oran Dx12 allelinde 0.6922, Bx7 ve By8 allellerinde 0.6718 ve Dx2 allelinde 0.5746 olarak belirlenmiştir. Akdeniz bölgesinde bireysel alleller bakımından *Glu-1* lokusundaki polimorfizm oranı %68.18 olarak tespit edilmiştir.

Tablo 3.34. Akdeniz bölgesi allellere göre *Glu-1* lokusu genetik varyasyon analizi. Nei [329]'ye göre.

Alleller	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
null	10	2.0000	1.3352	0.2511	0.4178
1	10	2.0000	1.2088	0.1727	0.3150
2	10	2.0000	1.6292	0.3862	0.5746
2*	10	2.0000	1.2088	0.1727	0.3150
3	10	2.0000	1.2088	0.1727	0.3150
4	10	2.0000	1.0974	0.0887	0.1882
5	10	2.0000	1.2088	0.1727	0.3150
6	10	2.0000	1.2088	0.1727	0.3150
7	10	2.0000	1.9185	0.4788	0.6718
7*	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
8	10	2.0000	1.9185	0.4788	0.6718
9	10	2.0000	1.0974	0.0887	0.1882
10	10	2.0000	1.2088	0.1727	0.3150
12	10	2.0000	1.9961	0.4990	0.6922
12*	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
14	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
15	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
16	10	2.0000	1.0974	0.0887	0.1882
17	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
18	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
20	10	2.0000	1.2088	0.1727	0.3150
Ort	10	1.6818	1.2523	0.1622	0.2635
Std. Sapma		0.4767	0.3178	0.1652	0.2350

* Na = Allellerin gözlenme sayısı
* Ne = Allellerin etki sayısı [Kimura and Crow [330]'a göre]
* h = Nei's [350] gen çeşitliliği
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]

Polimorfik bölge sayısı : 15
Polimorfik bölgelerin yüzdesi : 68.18 %

Akdeniz bölgesinde *Glu-1* lokusu bireysel alt üniteler bakımından bütün olarak değerlendirildiğinde ortalama gen çeşitliliği (h) 0.1415 ± 0.1708 olarak bulunmuştur. Bu oran Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 alt ünitelerinde 0.4959, Axnull alt ünitesinde 0.3967, Ax1, Ax2*, Bx20+By20, Dx5+Dy10 ve Dx3+Dy12 alt ünitelerinde ise 0.2975 olarak tespit edilmiştir (Tablo 3.35). Akdeniz bölgesinde bireysel alt üniteler arasında genetik benzerlik oranı (I) ortalama 0.2221 ± 0.2545 olarak belirlenmiştir. Bu oran Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 alt ünitelerinde 0.6890, Axnull alt ünitesinde 0.5860, Ax1, Ax2*, Bx20+By20, Dx5+Dy10 ve Dx3+Dy12 alt ünitelerinde ise 0.4741 olarak tespit

edilmiştir. Akdeniz bölgesinde bireysel alt ünitelere göre *Glu-1* lokusunda polimorfizm oranı %48.00 olarak tespit edilmiştir.

Tablo 3.35. Akdeniz bölgesi alt üniteler bazında *Glu-1* lokusu genetik varyasyon analizi. Nei [329]'ye göre.

Alt ünite	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
Null	10	2.0000	1.6575	0.3967	0.5860
1	10	2.0000	1.4235	0.2975	0.4741
2*	10	2.0000	1.4235	0.2975	0.4741
7+8	10	2.0000	1.9836	0.4959	0.6890
14+15	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
6+8	10	2.0000	1.1980	0.1653	0.3046
14+16	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
7+9	10	2.0000	1.1980	0.1653	0.3046
7	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
7*+8	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
20+20	10	2.0000	1.4235	0.2975	0.4741
8	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
17+18	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13+16	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13+15	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
9	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
2+12	10	2.0000	1.9836	0.4959	0.6890
5+10	10	2.0000	1.4235	0.2975	0.4741
3+12	10	2.0000	1.4235	0.2975	0.4741
4+12	10	2.0000	1.1980	0.1653	0.3046
2+12*	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
12	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
5	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
D(-)	10	2.0000	1.1980	0.1653	0.3046
Ortalama	10	1.4800	1.2214	0.1415	0.2221
Std. Sapma		0.5099	0.3025	0.1708	0.2545

* Na = Allellerin gözlenme sayısı
* Ne = Allellerin etki sayısı [Kimura and Crow [330]'a göre]
* h = Nei's [350] gen çeşitliliği
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]

Polimorfik bölge sayısı : 12
Polimorfik bölgelerin yüzdesi : 48.00 %

3.7.4. İç Anadolu Bölgesi populasyon analizleri

3.7.4.1. İç Anadolu Bölgesi bireysel allel ve alt ünite frekansları

İç Anadolu bölgesinde *Glu-A1* lokusunda iki allel gözlenmiştir (Axnull ve Ax2*) (Tablo 3.36). Bu bölgede çalışılan örneklerde Ax1 alleli gözlenmemiştir. İç Anadolu bölgesinde *Glu-A1* lokusunda en sık rastlanan allel %32.14 frekans ile Ax2* alleli olmuştur. Axnull alleli %14.29 frekansta gözlenmiştir.

İç Anadolu bölgesinde çalışılan örneklerde *Glu-B1* lokusunda 4 alt ünite gözlenmiştir (Bx7+By8, Bx6+By8, Bx7+By9 ve Bx20+By20). Bu alt üniteler arasında %31.86 frekans ile Bx7+By8 alt ünitesi en sık rastlanan alt ünite olmuştur. Bx6+By8 alt ünitesi %17.62, Bx7+By9 alt ünitesi %7.42 ve Bx20+By20 alt ünitesi de %1.80 frekans ile gözlenmiştir.

İç Anadolu bölgesinde çalışılan örneklerde *Glu-D1* lokusunda 4 alt ünite tespit edilmiştir. %43.31 frekans ile Dx2+Dy12 alt ünitesi en sık rastlanan alt ünite olmuştur. Bunu %9.37 frekans ile Dx5+Dy10, %5.51 frekans ile Dx3+Dy12 ve %1.80 frekans ile Dx4+Dy12 alt üniteleri takip etmiştir.

Tablo 3.36. İç Anadolu Bölgesi alt ünite frekansları

Glu-A1		*Glu-B1*		*Glu-D1*	
Null	14.29	7+8	53.57	2+12	67.86
1	0.00	14+15	0.00	5+10	17.86
2*	32.14	6+8	32.14	3+12	10.71
		14+16	0.00	4+12	3.57
		7+9	14.29	2+12*	0.00
		7	0.00	12	0.00
		7*+8	0.00	5	0.00
		20+20	3.57	D(-)	0.00
		8	0.00		
		17+18	0.00		
		13+16	0.00		
		13	0.00		
		13+15	0.00		
		9	0.00		

Tablo 3.37. İç Anadolu Bölgesi *Glu-1* lokusu bireysel allel frekansları

Alleller	Null	1	2	2*	3	4	5	6	7	7*	8
% frekans	7.42	0.00	43.31	17.62	5.51	1.80	9.37	17.62	43.31	0.0	62.2

Alleller	9	10	12	12*	13	14	15	16	17	18	20
% frekans	7.42	9.37	57.74	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.0	1.8

İç Anadolu bölgesinde 13 farklı bireysel allel tespit edilmiştir (Tablo 3.37). Bu 13 allel 9 farklı kombinasyonda gözlenmiştir (Bx7+By8, Dx2+Dy12; Ax2*, Bx7+By9, Dx5+Dy10; Bx6+By8, Dx2+Dy12; Ax2*, Bx6+By8, Dx3+Dy12; Ax2*, Bx7+By8, Dx4+Dy12; Axnull, Bx6+By8, Dx2+Dy12; Ax2*, Bx7+By8, Dx5+Dy10; Axnull, Bx7+By8, Bx20+By20, Dx2+Dy12; Axnull, Bx7+By8, Dx2+Dy12) (Tablo 3.10). İç

Anadolu bölgesinde gözlenen allelik kombinasyonlar arasında en yüksek frekans Bx7+By8, Dx2+Dy12 allelik kombinasyonuna aittir (%39.29) (Tablo 3.10).

3.7.4.2. İç Anadolu Bölgesi genetik varyasyon analizleri

İç Anadolu bölgesi *Glu-A1* lokusu ortalama gen çeşitliliği (h) 0.2270 ± 0.2187 olarak bulunmuştur (Tablo 3.38). Bu oran Ax2* alt ünitesinde 0.4362, Axnull alt ünitesinde ise 0.2449 olarak tespit edilmiştir. İç Anadolu bölgesinde çalışılan örneklerde *Glu-A1* lokusunda Ax1 alt ünitesine rastlanmadığı için burada Ax1 alt ünitesi için genetik çeşitlilik hesaplanamamıştır. İç Anadolu bölgesinde *Glu-A1* lokusunda genetik benzerlik oranı (I) ortalama 0.3460 ± 0.3188 olarak belirlenmiştir. Bu oran Ax2* alt ünitesinde 0.6279, Axnull alt ünitesinde ise 0.4101 olarak hesaplanmıştır. İç Anadolu bölgesinde *Glu-A1* lokusu polimorfizm oranı %66.67 olarak tespit edilmiştir.

Tablo 3.38. İç Anadolu bölgesi *Glu-A1* lokusu genetik varyasyon analizi. Nei [329]'ye göre.

Alleller	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
null	27	2.0000	1.3243	0.2449	0.4101
1	27	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
2*	27	2.0000	1.7738	0.4362	0.6279
Ort	27	1.6667	1.3660	0.2270	0.3460
Std. Sapma		0.5774	0.3886	0.2187	0.3188

* Na = Allellerin gözlenme sayısı
* Ne = Allellerin etki sayısı [Kimura and Crow [330]'a göre]
* h = Nei's [350] gen çeşitliliği
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]

Polimorfik bölge sayısı : 2
Polimorfik bölgelerin yüzdesi : 66.67 %

İç Anadolu bölgesinde çalışılan örneklerde *Glu-B1* lokusunda ortalama gen çeşitliliği 0.0641 ± 0.1346 olarak bulunmuştur (Tablo 3.39). Bu oran Bx7+By8 alt ünitesinde oldukça yüksek (0.4342) olmasına rağmen bu bölgede diğer alt ünitelere rastlanmaması dolayısı ile ortalama genetik çeşitlilik oldukça düşük olmaktadır. *Glu-B1* lokusunda Bx6+By8 alt ünitesinde genetik çeşitlilik 0.2904, Bx7+By9 alt ünite için 0.1374 ve Bx20+By20 alt ünitesi için de 0.0354 olarak belirlenmiştir.

İç Anadolu bölgesinde *Glu-B1* lokusunda genetik benzerlik oranı ortalama 0.1033 ± 0.2033 olarak belirlenmiştir. Bu oran Bx7+By8 alt ünitesi için 0.6258, Bx6+By8 alt ünitesi için 0.4657, Bx7+By9 alt ünitesi için 0.2643 ve Bx20+By20 alt ünitesi için de

0.0902 olarak belirlenmiştir. İç Anadolu bölgesinde *Glu-B1* lokusunda polimorfizm oranı %28.57 olarak tespit edilmiştir.

Tablo 3.39. İç Anadolu bölgesi *Glu-B1* lokusu genetik varyasyon analizi. Nei [329]'ye göre.

Alt üniteler	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
7+8	27	2.0000	1.7674	0.4342	0.6258
14+15	27	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
6+8	27	2.0000	1.4092	0.2904	0.4657
14+16	27	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
7+9	27	2.0000	1.1592	0.1374	0.2643
7	27	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
7*+8	27	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
20+20	27	2.0000	1.0367	0.0354	0.0902
8	27	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
17+18	27	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13+16	27	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13	27	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13+15	27	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
9	27	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
Ort	27	1.2857	1.0980	0.0641	0.1033
Std. Sapma		0.4688	0.2233	0.1346	0.2033

* Na = Allellerin gözlenme sayısı,
* Ne = Allellerin etki sayısı [Kimura and Crow [330]'a göre],
* h = Nei's [350] gen çeşitliliği,
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]

Polimorfik bölge sayısı : 4;
Polimorfik bölgelerin yüzdesi : 28.57 %

İç Anadolu bölgesinde çalışılan örneklerde *Glu-D1* lokusunda gen çeşitliliği (h) ortalama 0.1000 ± 0.1699 olarak bulunmuştur (Tablo 3.40). Bu oran Dx2+Dy12 alt ünitesi için 0.4910, Dx5+Dy10 alt ünitesi için 0.1698, Dx3+Dy12 alt ünitesi için 0.2132 ve Dx4+Dy12 alt ünitesi için de 0.0354 olarak bulunmuştur.

İç Anadolu bölgesinde *Glu-D1* lokusundaki genetik benzerlik oranı (I) ortalama 0.1623 ± 0.2413 olarak hesaplanmıştır (Tablo 3.40). Bu oran Dx2+Dy12 alt ünitesi için 0.6842, Dx5+Dy10 alt ünitesi için 0.3110, Dx3+Dy12 alt ünitesi için 0.2132 ve Dx4+Dy12 alt

ünitesi için de 0.0902 olarak bulunmuştur. İç Anadolu bölgesinde *Glu-D1* lokusunda polimorfizm oranı %50.00 olarak tespit edilmiştir.

Tablo 3.40. İç Anadolu bölgesi *Glu-D1* lokusu genetik varyasyon analizi. Nei [329]'ye göre.

Alleller	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
2+12	27	2.0000	1.9648	0.4910	0.6842
5+10	27	2.0000	1.2045	0.1698	0.3110
3+12	27	2.0000	1.1162	0.1041	0.2132
4+12	27	2.0000	1.0367	0.0354	0.0902
2+12*	27	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
12	27	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
5	27	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
D(-)	27	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
Ort	27	1.5000	1.1653	0.1000	0.1623
Std. Sapma		0.5345	0.3314	0.1699	0.2413

* Na = Allellerin gözlenme sayısı,
* Ne = Allellerin etki sayısı [Kimura and Crow [330]'a göre],
* h = Nei's [350] gen çeşitliliği,
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]

Polimorfik bölge sayısı : 4;
Polimorfik bölgelerin yüzdesi : 50.00 %

İç Anadolu bölgesinde *Glu-1* lokusu bireysel alleller bakımından bütün olarak değerlendirildiğinde ortalama gen çeşitliliği (h) 0.1505 ± 0.1853 olarak bulunmuştur (Tablo 3.41). Bu oran Dx2 ve Bx7 allelleri için 0.4910, Dx12 alleli için 0.4880 ve By8 alleli için 0.4702 olarak belirlenmiştir.

İç Anadolu bölgesinde genetik benzerlik oranı (I) ortalama 0.2358 ± 0.2623 olarak tespit edilmiştir. Bu oran Bx7 ve Dx2 allelleri için 0.6842, Dx12 alleli için 0.6811 ve By8 alleli için de 0.6631 olarak belirlenmiştir. İç Anadolu bölgesinde bireysel alleller bakımından *Glu-1* lokusundaki polimorfizm oranı %59.09 olarak tespit edilmiştir.

Tablo 3.41. İç Anadolu bölgesi allellere göre *Glu-1* lokusu genetik varyasyon analizi. Nei [329]'ye göre.

Alleller	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
null	27	2.0000	1.1592	0.1374	0.2643
1	27	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
2	27	2.0000	1.9648	0.4910	0.6842
2*	27	2.0000	1.4092	0.2904	0.4657
3	27	2.0000	1.1162	0.1041	0.2132
4	27	2.0000	1.0367	0.0354	0.0902
5	27	2.0000	1.2045	0.1698	0.3110
6	27	2.0000	1.4092	0.2904	0.4657
7	27	2.0000	1.9648	0.4910	0.6842
7*	27	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
8	27	2.0000	1.8876	0.4702	0.6631
9	27	2.0000	1.1592	0.1374	0.2643
10	27	2.0000	1.2045	0.1698	0.3110
12	27	2.0000	1.9532	0.4880	0.6811
12*	27	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13	27	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
14	27	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
15	27	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
16	27	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
17	27	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
18	27	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
20	27	2.0000	1.0367	0.0354	0.0902
Ort	27	1.5909	1.2503	0.1505	0.2358
Std. Sapma		0.5032	0.3563	0.1853	0.2623

* Na = Allellerin gözlenme sayısı
* Ne = Allellerin etki sayısı [Kimura and Crow [330]'a göre]
* h = Nei's [350] gen çeşitliliği
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]

Polimorfik bölge sayısı : 13
Polimorfik bölgelerin yüzdesi : 59.09 %

İç Anadolu bölgesinde çalışılan örneklerde *Glu-1* lokusu bireysel alt üniteler bakımından bütün olarak değerlendirildiğinde ortalama gen çeşitliliği (h) 0.1167 ± 0.1744 olarak bulunmuştur (Tablo 3.42). Bu oran Bx7+By8 alt ünitesi için 0.4974, Ax2*, Bx6+By8 ve Dx2+Dy12 alt üniteleri için 0.4362 ve Dx5+Dy10 alt ünitesi için de 0.2934 olarak belirlenmiştir.

İç Anadolu bölgesinde bireysel alt üniteler arasında genetik benzerlik oranı (I) 0.1805 ± 0.2554 olarak bulunmuştur. Bu oran Bx7+By8 alt ünitesi için 0.6906, Ax2*, Bx6+By8 ve Dx2+Dy12 alt üniteleri için 0.6279 ve Dx5+Dy10 alt ünitesi için de 0.4692 olarak belirlenmiştir. İç Anadolu bölgesinde bireysel alt ünitelere göre *Glu-1* lokusunda polimorfizm oranı %40.00 olarak tespit edilmiştir.

Tablo 3.42. İç Anadolu bölgesi alt üniteler bazında *Glu-1* lokusu genetik varyasyon analizi. Nei [329]'ye göre.

Alt ünite	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
Null	27	2.0000	1.3243	0.2449	0.4101
1	27	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
2*	27	2.0000	1.7738	0.4362	0.6279
7+8	27	2.0000	1.9898	0.4974	0.6906
14+15	27	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
6+8	27	2.0000	1.7738	0.4362	0.6279
14+16	27	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
7+9	27	2.0000	1.3243	0.2449	0.4101
7	27	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
7*+8	27	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
20+20	27	2.0000	1.0740	0.0689	0.1541
8	27	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
17+18	27	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13+16	27	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13	27	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13+15	27	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
9	27	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
2+12	27	2.0000	1.7738	0.4362	0.6279
5+10	27	2.0000	1.4152	0.2934	0.4692
3+12	27	2.0000	1.2366	0.1913	0.3405
4+12	27	2.0000	1.0740	0.0689	0.1541
2+12*	27	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
12	27	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
5	27	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
D(-)	27	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
Ortalama	27	1.4000	1.1904	0.1167	0.1805
Std. Sapma		0.5000	0.3109	0.1744	0.2554

* Na = Allellerin gözlenme sayısı
* Ne = Allellerin etki sayısı [Kimura and Crow [330]'a göre]
* h = Nei's [350] gen çeşitliliği
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]

Polimorfik bölge sayısı : 10
Polimorfik bölgelerin yüzdesi : 40.00 %

3.7.5. Karadeniz Bölgesi populasyon analizleri

3.7.5.1. Karadeniz Bölgesi bireysel allel ve alt ünite frekansları

Karadeniz bölgesinde çalışılan örneklerde *Glu-A1* lokusunda üç allel gözlenmiştir (Axnull, Ax1 ve Ax2*) (Tablo 3.43). Karadeniz bölgesinde *Glu-A1* lokusunda en sık rastlanan allel %36.84 frekans ile Axnull alleli olmuştur. Ax2* alleli %31.58 ve Ax1 alleli de %15.79 frekansta gözlenmiştir.

Karadeniz bölgesinde *Glu-B1* lokusunda 5 alt ünite gözlenmiştir (Bx7+By8, Bx6+By8, Bx7+By9, Bx20+By20 ve By8). Bu alt üniteler arasında %39.30 frekans ile Bx7+By8

alt ünitesi en sık rastlanan alt ünite olmuştur. Bx20+By20 alt ünitesi %11.15, Bx6+By8 2.67, Bx7+By9 ve By8 alt ünitelerinin frekansı da %5.41 olarak tespit edilmiştir.

Karadeniz bölgesi *Glu-D1* lokusunda 3 alt ünite tespit edilmiştir (Dx2+Dy12, Dx5+Dy10 ve Dx4+Dy12) (Tablo 3.43). %39.30 frekans ile Dx2+Dy12 alt ünitesi en sık rastlanan alt ünite olmuştur. Bunu %17.28 frekans ile Dx5+Dy10 ve %2.67 frekans ile Dx4+Dy12 alt üniteleri takip etmiştir.

Tablo 3.43. Karadeniz Bölgesi alt ünite frekansları

Glu-A1		*Glu-B1*		*Glu-D1*	
Null	36.84	7+8	63.16	2+12	63.16
1	15.79	14+15	0.00	5+10	31.58
2*	31.58	6+8	5.26	3+12	0.00
		14+16	0.00	4+12	5.26
		7+9	10.53	2+12*	0.00
		7	0.00	12	0.00
		7*+8	0.00	5	0.00
		20+20	21.05	D(-)	0.00
		8	10.53		
		17+18	0.00		
		13+16	0.00		
		13	0.00		
		13+15	0.00		
		9	0.00		

Karadeniz bölgesinde 13 farklı bireysel allel tespit edilmiştir (Tablo 3.44). Bu 13 allel 12 farklı kombinasyonda gözlenmiştir (Ax2*, Bx7+By8, Dx5+Dy10; Ax2*, Bx6+By8, Dx4+Dy12; Bx7+By8, Dx2+Dy12; Axnull, Bx7+By8, Dx2+Dy12; Axnull, By8, Bx20+By20, Dx2+Dy12; Ax1, Bx7+By9, Dx2+Dy12; Ax2*, Bx20+By20, Dx5+Dy10; Ax1, Bx20+By20, Dx2+Dy12; Bx7+By8, Dx5+Dy10; Axnull, Ax2*, Bx7+By8, Dx5+Dy10; Ax1, Ax2*, By8, Bx20+By20, Dx5+Dy10; Axnull, Ax2*, Bx7+By9ve Dx5+Dy10) (Tablo 3.11).

Karadeniz bölgesinde gözlenen allelik kombinasyonlar arasında en yüksek frekans Bx7+By8, Dx2+Dy12 allelik kombinasyonuna aittir (%26.32) (Tablo 3.11).

Tablo 3.44 Karadeniz Bölgesi *Glu-1* lokusu bireysel allel frekansları

Alleller	Null	1	2	2*	3	4	5	6	7	7*	8
% frekans	20.53	8.23	39.30	17.28	0.00	2.67	17.28	2.67	48.70	0.0	54.1
Alleller	9	10	12	12*	13	14	15	16	17	18	20
% frekans	5.41	17.28	43.80	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.0	11.2

3.7.5.2. Karadeniz Bölgesi genetik varyasyon analizleri

Karadeniz bölgesinde çalışılan örneklerde *Glu-A1* lokusu ortalama gen çeşitliliği (h) 0.3878 ± 0.1069 olarak bulunmuştur (Tablo 3.45). Bu oran Axnull alt ünitesinde 0.4654, Ax2* alt ünitesinde 0.4321 ve Ax1 alt ünitesinde ise 0.2659 olarak bulunmuştur. Karadeniz bölgesinde *Glu-A1* lokusunda genetik benzerlik oranı (I) ortalama 0.5726 ± 0.1194 olarak hesaplanmıştır. Bu oran Axnull alt ünitesinde 0.6581, Ax2* alt ünitesinde 0.6237 ve Ax1 alt ünitesinde ise 0.4362 olarak belirlenmiştir. Karadeniz bölgesinde *Glu-A1* lokusu polimorfizm oranı %100 olarak tespit edilmiştir.

Tablo 3.45 Karadeniz bölgesi *Glu-A1* lokusu genetik varyasyon analizi. Nei [329]'ye göre.

Alleller	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
null	18	2.0000	1.8705	0.4654	0.6581
1	18	2.0000	1.3623	0.2659	0.4362
2*	18	2.0000	1.7610	0.4321	0.6237
Ort	18	2.0000	1.6646	0.3878	0.5726
Std. Sapma		0.0000	0.2675	0.1069	0.1194

* Na = Allellerin gözlenme sayısı
* Ne = Allellerin etki sayısı [Kimura and Crow [330]'a göre]
* h = Nei's [350] gen çeşitliliği
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]

Polimorfik bölge sayısı : 3
Polimorfik bölgelerin yüzdesi : 100.00 %

Karadeniz bölgesinde çalışılan örneklerde *Glu-B1* lokusu gen çeşitliliği (h) ortalama 0.0666 ± 0.1326 olarak bulunmuştur (Tablo 3.46). Bu oran Bx7+By8 alt ünitesi için 0.4771, Bx20+By20 alt ünitesi için 0.1981, Bx7+By9 ve By8 alt üniteleri için 0.1023 ve Bx6+By8 alt ünitesi için de 0.0519 olarak belirlenmiştir. Karadeniz bölgesinde *Glu-B1* lokusunda genetik benzerlik oranı (I) ortalama 0.1117 ± 0.1962 olarak belirlenmiştir. Bu oran Bx7+By8 alt ünitesi için 0.6701, Bx20+By20 alt ünitesi için 0.3496, Bx7+By9 ve By8 alt üniteleri için 0.2104 ve Bx6+By8 alt ünitesi için de 0.1230 olarak belirlenmiştir. Karadeniz bölgesinde *Glu-B1* lokusunda polimorfizm oranı %35.71 olarak tespit edilmiştir.

Karadeniz bölgesinde çalışılan örneklerde *Glu-D1* lokusunda gen çeşitliliği (h) ortalama 0.1019 ± 0.1809 olarak bulunmuştur (Tablo 3.47). Bu oran Dx2+Dy12 alt ünitesi için 0.4771, Dx5+Dy10 alt ünitesi için 0.2859 ve Dx4+Dy12 alt ünitesi için de 0.0519

olarak belirlenmiştir. Karadeniz bölgesinde *Glu-D1* lokusundaki genetik benzerlik oranı (I) ortalama 0.1567 ± 0.2618 olarak hesaplanmıştır (Tablo 3.47). Bu oran Dx2+Dy12 alt ünitesi için 0.6701, Dx5+Dy10 alt ünitesi için 0.4603 ve Dx4+Dy12 alt ünitesi için de 0.1230 olarak hesaplanmıştır. Karadeniz bölgesinde *Glu-D1* lokusunda polimorfizm oranı %37.50 olarak tespit edilmiştir.

Tablo 3.46 Karadeniz bölgesi *Glu-B1* lokusu genetik varyasyon analizi. Nei [329]'ye göre.

Alt üniteler	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
7+8	18	2.0000	1.9125	0.4771	0.6701
14+15	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
6+8	18	2.0000	1.0548	0.0519	0.1230
14+16	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
7+9	18	2.0000	1.1140	0.1023	0.2104
7	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
7*+8	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
20+20	18	2.0000	1.2470	0.1981	0.3496
8	18	2.0000	1.1140	0.1023	0.2104
17+18	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13+16	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13+15	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
9	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
Ort	18	1.3571	1.1030	0.0666	0.1117
Std. Sapma		0.4972	0.2440	0.1326	0.1962

* Na = Allellerin gözlenme sayısı
* Ne = Allellerin etki sayısı [Kimura and Crow [330]'a göre]
* h = Nei's [350] gen çeşitliliği
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]

Polimorfik bölge sayısı : 5
Polimorfik bölgelerin yüzdesi : 35.71 %

Tablo 3.47 Karadeniz bölgesi *Glu-D1* lokusu genetik varyasyon analizi. Nei [329]'ye göre.

Alleller	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
2+12	18	2.0000	1.9125	0.4771	0.6701
5+10	18	2.0000	1.4004	0.2859	0.4603
3+12	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
4+12	18	2.0000	1.0548	0.0519	0.1230
2+12*	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
12	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
5	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
D(-)	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
Ort	18	1.3750	1.1710	0.1019	0.1567
Std. Sapma		0.5175	0.3300	0.1809	0.2618

* Na = Allellerin gözlenme sayısı
* Ne = Allellerin etki sayısı [Kimura and Crow [330]'a göre]
* h = Nei's [350] gen çeşitliliği
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]

Polimorfik bölge sayısı : 3
Polimorfik bölgelerin yüzdesi : 37.50 %

Karadeniz bölgesinde çalışılan örneklerde *Glu-1* lokusu bireysel alleller bakımından bütün olarak değerlendirildiğinde gen çeşitliliği (h) ortalama 0.1684 ± 0.1917 olarak bulunmuştur (Tablo 3.48). Bu oran Bx7, By8 ve Dx12 allellerinde 0.4923, Axnull allelinde 0.3263, Ax2*, Dx5 ve Dy10 allelerinde ise 0.2859 olarak belirlenmiştir. Karadeniz bölgesinde genetik benzerlik oranı (I) ortalama 0.2599 ± 0.2726 olarak tespit edilmiştir. Bu oran Bx7, By8 ve Dx12 allellerinde 0.6928, Axnull allelinde 0.5076, Ax2*, Dx5 ve Dy10 allelerinde ise 0.4603 olarak belirlenmiştir. Karadeniz bölgesinde bireysel alleller bakımından *Glu-1* lokusundaki polimorfizm oranı %59.09 olarak tespit edilmiştir.

Tablo 3.48 Karadeniz bölgesi allellere göre *Glu-1* lokusu genetik varyasyon analizi. Nei [329]'ye göre.

Alleller	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
null	18	2.0000	1.4843	0.3263	0.5076
1	18	2.0000	1.1780	0.1511	0.2844
2	18	2.0000	1.9125	0.4771	0.6701
2*	18	2.0000	1.4004	0.2859	0.4603
3	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
4	18	2.0000	1.0548	0.0519	0.1230
5	18	2.0000	1.4004	0.2859	0.4603
6	18	2.0000	1.0548	0.0519	0.1230
7	18	2.0000	1.9987	0.4997	0.6928
7*	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
8	18	2.0000	1.9865	0.4966	0.6898
9	18	2.0000	1.1140	0.1023	0.2104
10	18	2.0000	1.4004	0.2859	0.4603
12	18	2.0000	1.9698	0.4923	0.6855
12*	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
14	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
15	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
16	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
17	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
18	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
20	18	2.0000	1.2470	0.1981	0.3496
Ort	18	1.5909	1.2819	0.1684	0.2599
Std. Sapma		0.5032	0.3666	0.1917	0.2726

* Na = Allellerin gözlenme sayısı
* Ne = Allellerin etki sayısı [Kimura and Crow [330]'a göre]
* h = Nei's [350] gen çeşitliliği
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]

Polimorfik bölge sayısı : 13
Polimorfik bölgelerin yüzdesi : 59.09 %

Karadeniz bölgesinde çalışılan örneklerde *Glu-1* lokusu bireysel alt üniteler bakımından bütün olarak değerlendirildiğinde gen çeşitliliği (h) ortalama 0.1374 ± 0.1852 olarak bulunmuştur (Tablo 3.49). Bu oran Axnull, Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 alt ünitelerinde

0.4654, Ax2* ve Dx5+Dy10 alt ünitelerinde 0.4321, Dx4+Dy12 alt ünitesinde ise 0.0997 olarak belirlenmiştir. Karadeniz bölgesinde bireysel alt üniteler arasında genetik benzerlik oranı (I) ortalama 0.2103 ± 0.2691 olarak bulunmuştur. Bu oran Axnull, Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 alt ünitelerinde 0.6581, Ax2* ve Dx5+Dy10 alt ünitelerinde 0.6237, Dx4+Dy12 alt ünitesinde ise 0.2062 olarak belirlenmiştir. Karadeniz bölgesinde bireysel alt ünitelere göre *Glu-1* lokusunda polimorfizm oranı %44.00 olarak tespit edilmiştir.

Tablo 3.49 Karadeniz bölgesi alt üniteler bazında *Glu-1* lokusu genetik varyasyon analizi. Nei [329]'ye göre.

Alt ünite	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
Null	18	2.0000	1.8705	0.4654	0.6581
1	18	2.0000	1.3623	0.2659	0.4362
2*	18	2.0000	1.7610	0.4321	0.6237
7+8	18	2.0000	1.8705	0.4654	0.6581
14+15	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
6+8	18	2.0000	1.1108	0.0997	0.2062
14+16	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
7+9	18	2.0000	1.2321	0.1884	0.3365
7	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
7*+8	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
20+20	18	2.0000	1.4979	0.3324	0.5147
8	18	2.0000	1.2321	0.1884	0.3365
17+18	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13+16	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13+15	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
9	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
2+12	18	2.0000	1.8705	0.4654	0.6581
5+10	18	2.0000	1.7610	0.4321	0.6237
3+12	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
4+12	18	2.0000	1.1108	0.0997	0.2062
2+12*	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
12	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
5	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
D(-)	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
Ortalama	18	1.4400	1.2272	0.1374	0.2103
Std. Sapma		0.5066	0.3325	0.1852	0.2691

* Na = Allellerin gözlenme sayısı
* Ne = Allellerin etki sayısı [Kimura and Crow [330]'a göre]
* h = Nei's [350] gen çeşitliliği
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]

Polimorfik bölge sayısı : 11
Polimorfik bölgelerin yüzdesi : 44.00 %

3.7.6. Doğu Anadolu Bölgesi populasyon analizleri

3.7.6.1. Doğu Anadolu Bölgesi bireysel allel ve alt ünite frekansları

Doğu Anadolu bölgesinde çalışılan örneklerde *Glu-A1* lokusunda 3 allel gözlenmiştir (Axnull, Ax1 ve Ax2*) (Tablo 3.50). *Glu-A1* lokusunda en sık rastlanan allel %43.33 frekans ile Axnull olmuştur. Ax2* alleli %23.33 ve Ax1 alleli de %3.33 frekansta gözlenmiştir.

Doğu Anadolu bölgesinde çalışılan örneklerde *Glu-B1* lokusunda 8 alt ünite gözlenmiştir (Bx7+By8, Bx14+By15, Bx6+By8, Bx14+By16, Bx7+By9, Bx7*+By8, Bx20+By20 ve Bx13+By16). Bu alt üniteler arasında %36.75 frekans ile Bx7+By8 alt ünitesi en sık rastlanan alt ünite olmuştur. Diğer alt üniteler %10 frekansın altında gözlenmiştir.

Doğu Anadolu bölgesinde çalışılan örneklerde *Glu-D1* lokusunda 6 alt ünite tespit edilmiştir (Dx2+Dy12, Dx5+Dy10, Dx3+Dy12, Dx4+Dy12, Dx2+Dy12*, Dy12) (Tablo 3.50). Bu alt ünitelerden Dx2+Dy12 %20.42, Dx5+Dy10 alt ünitesi ise %22.54 frekansa sahiptir. Diğer alt üniteler genelde %5'den daha düşük frekansa sahip olarak gözlenmiştir.

Tablo 3.50 Doğu Anadolu Bölgesi alt ünite frekansları

Glu-A1		*Glu-B1*		*Glu-D1*	
Null	43.33	7+8	60.00	2+12	36.67
1	3.33	14+15	3.33	5+10	40.00
2*	23.33	6+8	3.33	3+12	10.00
		14+16	10.00	4+12	3.33
		7+9	3.33	2+12*	6.67
		7	0.00	12	3.33
		7*+8	6.67	5	0.00
		20+20	13.33	D(-)	0.00
		8	0.00		
		17+18	0.00		
		13+16	6.67		
		13	0.00		
		13+15	0.00		
		9	0.00		

Doğu Anadolu bölgesinde çalışılan örneklerde 20 farklı bireysel allel tespit edilmiştir (Tablo 3.51). Bu 20 allel 22 farklı kombinasyonda gözlenmiştir (Tablo 3.12). Doğu Anadolu bölgesinde gözlenen allelik kombinasyonlar arasında en yüksek frekans Bx7+By8, Dx5+Dy10 allelik kombnasyonuna aittir (%16.67) (Tablo 3.12).

Tablo 3.51 Doğu Anadolu Bölgesi *Glu-1* lokusu bireysel allel frekansları

Alleller	Null	1	2	2*	3	4	5	6	7	7*	8
% frekans	24.72	1.68	24.72	12.44	5.13	1.68	22.54	1.68	39.45	3.4	45.2

Alleller	9	10	12	12*	13	14	15	16	17	18	20
% frekans	1.68	22.54	31.69	3.39	3.39	6.91	1.68	8.71	0.00	0.0	6.9

3.7.6.2. Doğu Anadolu Bölgesi genetik varyasyon analizleri

Doğu Anadolu bölgesinde çalışılan örneklerde *Glu-A1* lokusu gen çeşitliliği (h) ortalama 0.3044 ± 0.2183 olarak bulunmuştur (Tablo 3.52). Bu oran Axnull alt ünitesinde 0.4911, Ax2* alt ünitesinde 0.3578 ve Ax1 alt ünitesinde de 0.0644 olarak belirlenmiştir. Doğu Anadolu bölgesinde *Glu-A1* lokusunda genetik benzerlik oranı (I) ortalama 0.4579 ± 0.2790 olarak hesaplanmıştır. Bu oran Axnull alt ünitesinde 0.6842, Ax2* alt ünitesinde 0.5433 ve Ax1 alt ünitesinde de 0.1461 olarak belirlenmiştir. Doğu Anadolu bölgesinde *Glu-A1* lokusu polimorfizm oranı %100 olarak tespit edilmiştir.

Tablo 3.52 Doğu Anadolu bölgesi *Glu-A1* lokusu genetik varyasyon analizi. Nei [329]'ye göre.

Alleller	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
null	28	2.0000	1.9651	0.4911	0.6842
1	28	2.0000	1.0689	0.0644	0.1461
2*	28	2.0000	1.5571	0.3578	0.5433
Ort	28	2.0000	1.5303	0.3044	0.4579
Std. Sapma		0.0000	0.4487	0.2183	0.2790

* Na = Allellerin gözlenme sayısı
* Ne = Allellerin etki sayısı [Kimura and Crow [330]'a göre]
* h = Nei's [350] gen çeşitliliği
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]

Polimorfik bölge sayısı : 3
Polimorfik bölgelerin yüzdesi : 100.00 %

Doğu Anadolu bölgesinde çalışılan örneklerde *Glu-B1* lokusu gen çeşitliliği (h) ortalama 0.0658 ± 0.1220 olarak bulunmuştur (Tablo 3.53). Bu oran Bx7+By8 alt ünitesinde 0.4649, Bx20+By20 alt ünitesinde 0.1286 ve Bx14+By16 alt ünitesinde de 0.0974 olarak belirlenmiştir. Doğu Anadolu bölgesi *Glu-B1* lokusunda genetik benzerlik oranı (I) ortalama 0.1188 ± 0.1764 olarak bulunmuştur. Bu oran Bx7+By8 alt ünitesinde 0.6576, Bx20+By20 alt ünitesinde 0.2512 ve Bx14+By16 alt ünitesinde de 0.2024 olarak belirlenmiştir. Doğu Anadolu bölgesinde *Glu-B1* lokusunda polimorfizm oranı %57.14 olarak tespit edilmiştir.

Doğu Anadolu bölgesinde çalışılan örneklerde *Glu-D1* lokusunda gen çeşitliliği (h) ortalama 0.1129 ± 0.1422 olarak bulunmuştur (Tablo 3.54). Bu oran Dx5+Dy10 alt ünitesinde 0.3492, Dx2+Dy12 alt ünitesinde 0.3250 ve Dx3+Dy12 alt ünitesinde 0.0974 olarak belirlenmiştir. Doğu Anadolu bölgesinde *Glu-D1* lokusundaki genetik benzerlik oranı (I) ortalama 0.1951 ± 0.2117 olarak bulunmuştur. Bu oran Dx5+Dy10 alt ünitesinde 0.5337, Dx2+Dy12 alt ünitesinde 0.5061 ve Dx3+Dy12 alt ünitesinde 0.2024 olarak belirlenmiştir. Doğu Anadolu bölgesinde *Glu-D1* lokusunda polimorfizm oranı %75.00 olarak tespit edilmiştir.

Doğu Anadolu bölgesinde çalışılan örneklerde *Glu-1* lokusu bireysel alleller bakımından bütün olarak değerlendirildiğinde gen çeşitliliği (h) ortalama 0.1792 ± 0.1703 olarak bulunmuştur (Tablo 3.55). Bu oran By8 allelinde 0.4954, Bx7 allelinde 0.1777, Dx12 allelinde 0.4329, Axnull ve Dx2 allellerinde 0.3722, Ax1, Dx4, Bx6, By9 ve By15 allellerinde ise 0.0331 olarak belirlenmiştir.

Tablo 3.53 Doğu Anadolu bölgesi *Glu-B1* lokusu genetik varyasyon analizi. Nei [329]'ye göre.

Alt üniteler	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
7+8	28	2.0000	1.8688	0.4649	0.6576
14+15	28	2.0000	1.0342	0.0331	0.0853
6+8	28	2.0000	1.0342	0.0331	0.0853
14+16	28	2.0000	1.1079	0.0974	0.2024
7+9	28	2.0000	1.0342	0.0331	0.0853
7	28	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
7*+8	28	2.0000	1.0701	0.0655	0.1481
20+20	28	2.0000	1.1475	0.1286	0.2512
8	28	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
17+18	28	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13+16	28	2.0000	1.0701	0.0655	0.1481
13	28	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13+15	28	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
9	28	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
Ort	28	1.5714	1.0976	0.0658	0.1188
Std. Sapma		0.5136	0.2267	0.1220	0.1764

* Na = Allellerin gözlenme sayısı
* Ne = Allellerin etki sayısı [Kimura and Crow [330]'a göre]
* h = Nei's [350] gen çeşitliliği
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]

Polimorfik bölge sayısı : 8
Polimorfik bölgelerin yüzdesi : 57.14 %

Doğu Anadolu bölgesinde bireysel alleller bakımından genetik benzerlik oranı (I) ortalama 0.2917 ± 0.2325 olarak tespit edilmiştir. Bu oran By8 allelinde 0.6886, Bx7

allelinde 0.6707, Dx12 allelinde 0.6245, Axnull ve Dx2 allellerinde 0.5593, Ax1, Dx4, Bx6, By9 ve By15 allellerinde ise 0.0853 olarak belirlenmiştir. Doğu Anadolu bölgesinde bireysel alleller bakımından *Glu-1* lokusundaki polimorfizm oranı %90.91 olarak tespit edilmiştir.

Tablo 3.54 Doğu Anadolu bölgesi *Glu-D1* lokusu genetik varyasyon analizi. Nei [329]'ye göre.

Alleller	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
2+12	28	2.0000	1.4814	0.3250	0.5061
5+10	28	2.0000	1.5366	0.3492	0.5337
3+12	28	2.0000	1.1079	0.0974	0.2024
4+12	28	2.0000	1.0342	0.0331	0.0853
2+12*	28	2.0000	1.0701	0.0655	0.1481
12	28	2.0000	1.0342	0.0331	0.0853
5	28	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
D(-)	28	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
Ort	28	1.7500	1.1580	0.1129	0.1951
Std. Sapma		0.4629	0.2200	0.1422	0.2117

* Na = Allellerin gözlenme sayısı
* Ne = Allellerin etki sayısı [Kimura and Crow [330]'a göre]
* h = Nei's [350] gen çeşitliliği
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]

Polimorfik bölge sayısı : 6
Polimorfik bölgelerin yüzdesi : 75.00 %

Doğu Anadolu bölgesinde *Glu-1* lokusu bireysel alt üniteler bakımından bütün olarak değerlendirildiğinde gen çeşitliliği (h) ortalama 0.1450 ± 0.1720 olarak bulunmuştur (Tablo 3.56). Bu oran Axnull alt ünitesinde 0.4911, Dx5+Dy10 ve Bx7+By8 alt ünitelerinde 0.4800, Dx2+Dy12 alt ünitesinde 0.4644 ve Bx7*+By8 ve Dx2+Dy12* alt ünitelerinde 0.1244 olarak belirlenmiştir.

Doğu Anadolu bölgesinde bireysel alt üniteler arasında genetik benzerlik oranı (I) ortalama 0.2354 ± 0.2406 olarak bulunmuştur. Bu oran Axnull alt ünitesinde 0.6842, Dx5+Dy10 ve Bx7+By8 alt ünitelerinde 0.6730, Dx2+Dy12 alt ünitesinde 0.6572 ve Bx7*+By8 ve Dx2+Dy12* alt ünitelerinde 0.2449 olarak belirlenmiştir. Doğu Anadolu

bölgesinde bireysel alt ünitelere göre *Glu-1* lokusunda polimorfizm oranı %68.00 olarak tespit edilmiştir.

Tablo 3.55 Doğu Anadolu bölgesi allellere göre *Glu-1* lokusu genetik varyasyon analizi. Nei [329]'ye göre.

Alleller	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
null	28	2.0000	1.5929	0.3722	0.5593
1	28	2.0000	1.0342	0.0331	0.0853
2	28	2.0000	1.5929	0.3722	0.5593
2*	28	2.0000	1.2785	0.2179	0.3756
3	28	2.0000	1.1079	0.0974	0.2024
4	28	2.0000	1.0342	0.0331	0.0853
5	28	2.0000	1.5366	0.3492	0.5337
6	28	2.0000	1.0342	0.0331	0.0853
7	28	2.0000	1.9147	0.4777	0.6707
7*	28	2.0000	1.0701	0.0655	0.1481
8	28	2.0000	1.9819	0.4954	0.6886
9	28	2.0000	1.0342	0.0331	0.0853
10	28	2.0000	1.5366	0.3492	0.5337
12	28	2.0000	1.7634	0.4329	0.6245
12*	28	2.0000	1.0701	0.0655	0.1481
13	28	2.0000	1.0701	0.0655	0.1481
14	28	2.0000	1.1475	0.1286	0.2512
15	28	2.0000	1.0342	0.0331	0.0853
16	28	2.0000	1.1892	0.1591	0.2958
17	28	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
18	28	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
20	28	2.0000	1.1475	0.1286	0.2512
Ort	28	1.9091	1.2805	0.1792	0.2917
Std. Sapma		0.2942	0.3178	0.1703	0.2325

* Na = Allellerin gözlenme sayısı
* Ne = Allellerin etki sayısı [Kimura and Crow [330]'a göre]
* h = Nei's [350] gen çeşitliliği
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]

Polimorfik bölge sayısı : 20
Polimorfik bölgelerin yüzdesi : 90.91 %

Tablo 3.56 Doğu Anadolu bölgesi alt üniteler bazında *Glu-1* lokusu genetik varyasyon analizi. Nei [329]'ye göre.

Alt ünite	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
Null	28	2.0000	1.9651	0.4911	0.6842
1	28	2.0000	1.0689	0.0644	0.1461
2*	28	2.0000	1.5571	0.3578	0.5433
7+8	28	2.0000	1.9231	0.4800	0.6730
14+15	28	2.0000	1.0689	0.0644	0.1461
6+8	28	2.0000	1.0689	0.0644	0.1461
14+16	28	2.0000	1.2195	0.1800	0.3251
7+9	28	2.0000	1.0689	0.0644	0.1461
7	28	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
7*+8	28	2.0000	1.1421	0.1244	0.2449
20+20	28	2.0000	1.3006	0.2311	0.3927
8	28	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
17+18	28	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13+16	28	2.0000	1.1421	0.1244	0.2449
13	28	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13+15	28	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
9	28	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
2+12	28	2.0000	1.8672	0.4644	0.6572
5+10	28	2.0000	1.9231	0.4800	0.6730
3+12	28	2.0000	1.2195	0.1800	0.3251
4+12	28	2.0000	1.0689	0.0644	0.1461
2+12*	28	2.0000	1.1421	0.1244	0.2449
12	28	2.0000	1.0689	0.0644	0.1461
5	28	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
D(-)	28	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
Ortalama	28	1.6800	1.2326	0.1450	0.2354
Std. Sapma		0.4761	0.3305	0.1720	0.2406

* Na = Allellerin gözlenme sayısı
* Ne = Allellerin etki sayısı [Kimura and Crow [330]'a göre]
* h = Nei's [350] gen çeşitliliği
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331], Polimorfik bölge sayısı : 17, Polimorfik bölgelerin yüzdesi : 68.00 %

3.7.7. Güneydoğu Anadolu Bölgesi populasyon analizleri

3.7.7.1. Güneydoğu Anadolu Bölgesi bireysel allel ve alt ünite frekansları

Güneydoğu Anadolu bölgesinde çalışılan örneklerde *Glu-A1* lokusunda 3 allel gözlenmiştir (Axnull, Ax1 ve Ax2*) (Tablo 3.57). *Glu-A1* lokusunda en sık rastlanan allel %33.33 frekans ile Axnull olmuştur. Ax2* alleli %16.67 ve Ax1 alleli de %8.33 frekansta gözlenmiştir. Güneydoğu Anadolu bölgesinde çalışılan örneklerde *Glu-B1* lokusunda 4 alt ünite (Bx7+By8, Bx7+By9, Bx20+By20 ve By9) tespit edilmiştir (Tablo 3.57). Bu alt üniteler arasında %29.29 frekans ile Bx7+By8 ve Bx20+By20 alt üniteleri en sık rastlanan alt üniteler olmuştur. Bx7+By9 alt ünitesi %4.26 ve By9 alt ünitesi de %8.71 frekans ile gözlenmiştir.

Güneydoğu Anadolu bölgesinde *Glu-D1* lokusunda 4 alt ünite tespit edilmiştir (Dx2+Dy12, Dx5+Dy10, Dx3+Dy12 ve Dx4+Dy12) (Tablo 3.57). Bu alt ünitelerden Dx2+Dy12 alt ünitesi %35.45 frekans ile en sık görülen alt ünite olmuştur. Dx5+Dy10 %13.40, Dx3+Dy12 ve Dx4+Dy12 alt üniteleri de %4.26 frekans ile gözlenmiştir.

Tablo 3.57 Güneydoğu Anadolu Bölgesi genomlar bazında allel frekansları

Glu-A1		*Glu-B1*		*Glu-D1*	
Null	33.33	7+8	50.00	2+12	58.33
1	8.33	14+15	0.00	5+10	25.00
2*	16.67	6+8	0.00	3+12	8.33
		14+16	0.00	4+12	8.33
		7+9	8.33	2+12*	0.00
		7	0.00	12	0.00
		7*+8	0.00	5	0.00
		20+20	50.00	D(-)	0.00
		8	0.00		
		17+18	0.00		
		13+16	0.00		
		13	0.00		
		13+15	0.00		
		9	16.67		

Güneydoğu Anadolu bölgesinde 13 farklı bireysel allel tespit edilmiştir (Tablo 3.58). Bu 13 allel 9 farklı kombinasyonda gözlenmiştir (Tablo 3.13). Güneydoğu Anadolu bölgesinde gözlenen allelik kombinasyonlar arasında en yüksek frekans %16.67 frekans ile Bx7+By8, Dx2+Dy12; Bx20+By20, Dx2+Dy12; Axnull, Bx7+By8, Dx2+Dy12 allelik kombinasyonlarına aittir (Tablo 3.13).

Tablo 3.58 Güneydoğu Anadolu Bölgesi *Glu-1* lokusu bireysel allel frekansları

Alleller	Null	1	2	2*	3	4	5	6	7	7*	8
% frekans	18.35	4.26	35.45	8.71	4.26	4.26	13.40	0.00	35.45	0.0	29.3

Alleller	9	10	12	12*	13	14	15	16	17	18	20
% frekans	13.40	13.40	50.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.0	29.3

3.7.7.2. Güneydoğu Anadolu Bölgesi genetik varyasyon analizleri

Güneydoğu Anadolu bölgesinde çalışılan örneklerde *Glu-A1* lokusu gen çeşitliliği (h) ortalama 0.2917 ± 0.1463 olarak bulunmuştur (Tablo 3.59). Bu oran Axnull alt ünitesinde 0.4444, Ax2* alt ünitesinde 0.2778 ve Ax1 alt ünitesinde de 0.1528 olarak belirlenmiştir. Güneydoğu Anadolu bölgesinde *Glu-A1* lokusunda genetik benzerlik oranı (I) ortalama 0.4580 ± 0.1750 olarak hesaplanmıştır. Bu oran Axnull alt ünitesinde 0.6365, Ax2* alt ünitesinde 0.4506 ve Ax1 alt ünitesinde de 0.2868 olarak

belirlenmiştir. Güneydoğu Anadolu bölgesinde *Glu-A1* lokusu polimorfizm oranı %100 olarak tespit edilmiştir.

Tablo 3.59 Güneydoğu Anadolu bölgesi *Glu-A1* lokusu genetik varyasyon analizi. Nei [329]'ye göre.

Alleller	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
null	10	2.0000	1.8000	0.4444	0.6365
1	10	2.0000	1.1803	0.1528	0.2868
2*	10	2.0000	1.3846	0.2778	0.4506
Ort	10	2.0000	1.4550	0.2917	0.4580
Std. Sapma		0.0000	0.3158	0.1463	0.1750

* Na = Allellerin gözlenme sayısı,* Ne = Allellerin etki sayısı [Kimura and Crow [330]'a göre], * h = Nei's [350] gen çeşitliliği, * I = Shannon's Bilgi İndeksi [331], Polimorfik bölge sayısı : 3, Polimorfik bölgelerin yüzdesi : 100.00 %

Güneydoğu Anadolu bölgesinde çalışılan örneklerde *Glu-B1* lokusu gen çeşitliliği (h) ortalama 0.0764 ± 0.1502 olarak bulunmuştur (Tablo 3.60). Bu oran Bx7+By8 ve Bx20+By20 alt ünitelerinde 0.4142, By9 alt ünitesinde 0.1591 ve Bx7+By9 alt ünitesinde de 0.0815 olarak belirlenmiştir. Güneydoğu Anadolu bölgesi *Glu-B1* lokusunda genetik benzerlik oranı (I) ortalama 0.1201 ± 0.2233 olarak bulunmuştur. Bu oran Bx7+By8 ve Bx20+By20 alt ünitelerinde 0.6047, By9 alt ünitesinde 0.2958 ve Bx7+By9 alt ünitesinde de 0.1760 olarak belirlenmiştir. Güneydoğu Anadolu bölgesinde *Glu-B1* lokusunda polimorfizm oranı %28.57 olarak tespit edilmiştir.

Tablo 3.60 Güneydoğu Anadolu bölgesi *Glu-B1* lokusu genetik varyasyon analizi. Nei [329]'ye göre.

Alt üniteler	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
7+8	10	2.0000	1.7071	0.4142	0.6047
14+15	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
6+8	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
14+16	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
7+9	10	2.0000	1.0888	0.0815	0.1760
7	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
7*+8	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
20+20	10	2.0000	1.7071	0.4142	0.6047
8	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
17+18	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13+16	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13+15	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
9	10	2.0000	1.1892	0.1591	0.2958
Ort	10	1.2857	1.1209	0.0764	0.1201
Std. Sapma		0.4688	0.2541	0.1502	0.2233

* Na = Allellerin gözlenme sayısı,* Ne = Allellerin etki sayısı [Kimura and Crow [330]'a göre], * h = Nei's [350] gen çeşitliliği, * I = Shannon's Bilgi İndeksi [331],
Polimorfik bölge sayısı : 4
Polimorfik bölgelerin yüzdesi : 28.57 %

Güneydoğu Anadolu bölgesinde çalışılan örneklerde *Glu-D1* lokusunda gen çeşitliliği (h) ortalama 0.1066 ± 0.1629 olarak bulunmuştur (Tablo 3.61). Bu oran Dx2+Dy12 alt ünitesinde 0.4577, Dx5+Dy10 alt ünitesinde 0.2321, Dx3+Dy12 ve Dx4+Dy12 alt ünitelerinde de 0.0815 olarak belirlenmiştir. Güneydoğu Anadolu bölgesinde *Glu-D1* lokusundaki genetik benzerlik oranı (I) ortalama 0.1745 ± 0.2379 olarak bulunmuştur. Bu oran Dx2+Dy12 alt ünitesinde 0.6502, Dx5+Dy10 alt ünitesinde 0.3939, Dx3+Dy12 ve Dx4+Dy12 alt ünitelerinde de 0.1760 olarak belirlenmiştir. Güneydoğu Anadolu bölgesinde *Glu-D1* lokusunda polimorfizm oranı %50.00 olarak tespit edilmiştir.

Tablo 3.61 Güneydoğu Anadolu bölgesi *Glu-D1* lokusu genetik varyasyon analizi. Nei [329]'ye göre.

Alleller	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
2+12	10	2.0000	1.8439	0.4577	0.6502
5+10	10	2.0000	1.3022	0.2321	0.3939
3+12	10	2.0000	1.0888	0.0815	0.1760
4+12	10	2.0000	1.0888	0.0815	0.1760
2+12*	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
12	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
5	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
D(-)	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
Ort	10	1.5000	1.1654	0.1066	0.1745
Std. Sapma		0.5345	0.2928	0.1629	0.2379

* Na = Allellerin gözlenme sayısı
* Ne = Allellerin etki sayısı [Kimura and Crow [330]'a göre]
* h = Nei's [350] gen çeşitliliği
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]

Polimorfik bölge sayısı : 4
Polimorfik bölgelerin yüzdesi : 50.00 %

Güneydoğu Anadolu bölgesinde çalışılan örneklerde *Glu-1* lokusu bireysel alleller bakımından bütün olarak değerlendirildiğinde gen çeşitliliği (h) ortalama 0.1656 ± 0.1833 olarak bulunmuştur (Tablo 3.62). Bu oran Dy12 allelinde 0.5000, Dx2 ve Bx7 allellerinde 0.4577, By8, Bx20 ve By20 allellerinde ise 0.4142 olarak belirlenmiştir.

Güneydoğu Anadolu bölgesinde bireysel alleller bakımından genetik benzerlik oranı (I) ortalama 0.2584 ± 0.2638 olarak tespit edilmiştir. Bu oran Dy12 allelinde 0.6931, Dx2 ve Bx7 allellerinde 0.6502, By8, Bx20 ve By20 allellerinde ise 0.6047 olarak belirlenmiştir. Güneydoğu Anadolu bölgesinde bireysel alleller bakımından *Glu-1* lokusundaki polimorfizm oranı %59.09 olarak tespit edilmiştir.

Tablo 3.62 Güneydoğu Anadolu bölgesi allellere göre *Glu-1* lokusu genetik varyasyon analizi. Nei [329]'ye göre.

Alleller	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
null	10	2.0000	1.4279	0.2997	0.4767
1	10	2.0000	1.0888	0.0815	0.1760
2	10	2.0000	1.8439	0.4577	0.6502
2*	10	2.0000	1.1892	0.1591	0.2958
3	10	2.0000	1.0888	0.0815	0.1760
4	10	2.0000	1.0888	0.0815	0.1760
5	10	2.0000	1.3022	0.2321	0.3939
6	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
7	10	2.0000	1.8439	0.4577	0.6502
7*	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
8	10	2.0000	1.7071	0.4142	0.6047
9	10	2.0000	1.3022	0.2321	0.3939
10	10	2.0000	1.3022	0.2321	0.3939
12	10	2.0000	2.0000	0.5000	0.6931
12*	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
14	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
15	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
16	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
17	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
18	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
20	10	2.0000	1.7071	0.4142	0.6047
Ort	10	1.5909	1.2678	0.1656	0.2584
Std. Sapma		0.5032	0.3354	0.1833	0.2638

* Na = Allellerin gözlenme sayısı
* Ne = Allellerin etki sayısı [Kimura and Crow [330]'a göre]
* h = Nei's [350] gen çeşitliliği
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]

Polimorfik bölge sayısı : 13
Polimorfik bölgelerin yüzdesi : 59.09 %

Güneydoğu Anadolu bölgesinde çalışılan örneklerde *Glu-1* lokusu bireysel alt üniteler bakımından bütün olarak değerlendirildiğinde gen çeşitliliği (h) ortalama 0.1389 ± 0.1871 olarak bulunmuştur (Tablo 3.63). Bu oran Bx7+By8 ve Bx20+By20 alt ünitelerinde 0.5000, Dx2+Dy12 alt ünitesinde 0.4861, Axnull alt ünitesinde 0.4444 ve Dx5+Dy10 alt ünitesinde 0.3750 olarak belirlenmiştir.

Güneydoğu Anadolu bölgesinde bireysel alt üniteler arasında genetik benzerlik oranı (I) ortalama 0.2125 ± 0.2700 olarak bulunmuştur. Bu oran Bx7+By8 ve Bx20+By20 alt ünitelerinde 0.6931, Dx2+Dy12 alt ünitesinde 0.6792, Axnull alt ünitesinde 0.6365 ve Dx5+Dy10 alt ünitesinde 0.5623 olarak belirlenmiştir. Güneydoğu Anadolu bölgesinde bireysel alt ünitelere göre *Glu-1* lokusunda polimorfizm oranı %44.00 olarak tespit edilmiştir.

Tablo 3.63 Güneydoğu Anadolu bölgesi alt üniteler bazında *Glu-1* lokusu genetik varyasyon analizi. Nei [329]'ye göre.

Alt ünite	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
Null	10	2.0000	1.8000	0.4444	0.6365
1	10	2.0000	1.1803	0.1528	0.2868
2*	10	2.0000	1.3846	0.2778	0.4506
7+8	10	2.0000	2.0000	0.5000	0.6931
14+15	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
6+8	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
14+16	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
7+9	10	2.0000	1.1803	0.1528	0.2868
7	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
7*+8	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
20+20	10	2.0000	2.0000	0.5000	0.6931
8	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
17+18	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13+16	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
13+15	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
9	10	2.0000	1.3846	0.2778	0.4506
2+12	10	2.0000	1.9459	0.4861	0.6792
5+10	10	2.0000	1.6000	0.3750	0.5623
3+12	10	2.0000	1.1803	0.1528	0.2868
4+12	10	2.0000	1.1803	0.1528	0.2868
2+12*	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
12	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
5	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
D(-)	10	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
Ortalama	10	1.4400	1.2335	0.1389	0.2125
Std. Sapma		0.5066	0.3511	0.1871	0.2700

* Na = Allellerin gözlenme sayısı, * Ne = Allellerin etki sayısı [Kimura and Crow [330]'a göre], * h = Nei's [350] gen çeşitliliği
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]
Polimorfik bölge sayısı : 11
Polimorfik bölgelerin yüzdesi : 44.00 %

3.8. Çeşitlerde Ewens-Watterson Nötralite testleri

Ewens-Watterson testi, homozigotluk testi veya Ewens-watterson nötralite testi olarak isimlendirilir [334]. Sınırlı bir çeşitteki nötral allellerin örnek dağılımından faydalanılarak yapılır [351, 352]. Gözlenen F değeri örnek homozigositesini vermektedir. F minimuma eşit olduğunda tüm alleller eşit oranda temsil ediliyor anlamına gelmektedir. $F_{göz} << F_{bek}$, veya $F_{göz} >> F_{bek}$ ise hipotez testi reddedilir.

Ewens-Watterson homozigosite nötralite testi (EW), allel frekansları kullanılarak seleksiyonun etkisini belirlemek için bir metot sunmaktadır [334]. Yönlü seleksiyon bir veya birkaç alleli desteklerken dengelenmiş seleksiyon allellerin birçoğunu nispeten eşit frekansta tutmaktadır. EW testi gözlenen homozigosite istatistiği ($F_{göz}$, allel frekanslarının kareleri toplamı olarak tanımlanır) kullanılır ve bunu beklenen değer ile karşılaştırır. Belirli bir örnek büyüklüğü (2n) ve allel sayısı (k) için Ewens [334] tarafından tanımlandığı gibi doğal evrim altında homozigosite (rastgele nötral mutasyon ve genetik sürüklenme) beklenmektedir.

Doğal evrimin null hipotezi reddedildiği zaman bu test ya dengelenmiş seleksiyon ($F_{göz} << F_{bek}$ olduğu zaman) ya da yönlü seleksiyon ($F_{göz} >> F_{bek}$ olduğu zaman) etkisini önermektedir. Populasyon gelişimindeki ekstrem demografik olaylar (çökme etkisi veya populasyon darboğazı) gözlenen F değeri beklenen F değerinden nispeten büyük olduğunda beklenmektedir.

3.8.1. Marmara Bölgesi çeşitlerinde Ewens-Watterson Nötralite testleri

Marmara Bölgesi *Glu-A1* lokusu homozigotluk bakımından incelendiğinde Ax2* allellerinin tüm çeşitte eşit temsil edildiği gözlenmiştir ($F_{göz} = 0.5$, $F_{min} = 0.5$). Ax1 ve Axnull allellerinin nispeten beklenen değerden yüksek oranda gözlendiği (F_{ort} Ax1 = 0.7123 ± 0.0183, $F_{göz}$ Ax1 = 0.7551; F_{ort} Axnull = 0.7096, $F_{göz}$ Axnull = 0.8673 ± 0.0185) (yönlü seleksiyon) ve çeşitte bu alleller bakımın bir darboğazın beklenebileceği belirlenmiştir (Tablo 3.64).

Marmara bölgesi *Glu-B1* lokusu homozigotluk bakımından incelendiği zaman Bx7+By8 ve Bx7+By9 alt ünitelerinin nispeten dengelenmiş bir seleksiyona sahip olduğu gözlenmiştir (gözlenen F değerleri nispeten beklenen F değerlerine yakın) (Tablo 3.65).

Tablo 3.64 Marmara Bölgesi *Glu-A1* lokusu Ewens-Watterson nötralite testi (Manly [332]'e göre)

Alleller	Örnek sayısı	k	Gözl. F	Min. F	Mak. F	Ort*	SE*	L95*	U95*
Null	12	2	0.8673	0.5000	0.8673	0.7096	0.0185	0.5000	0.8673
1	12	2	0.7551	0.5000	0.8673	0.7123	0.0183	0.5000	0.8673
2*	**12**	**2**	**0.5000**	**0.5000**	**0.8673**	**0.7066**	**0.0190**	**0.5000**	**0.8673**

* Bu istatistik 1000 temsili örnek kullanılarak hesaplanmıştır.

Bu çeşitlerde birçok allelin (Bx14+By15, Bx6+By8, Bx7*+By8, Bx17+By18, Bx13+By16, Bx13 ve By9) gözlenen F değerlerinin 1 çıkması, bu çeşitte yönlü bir seleksiyonun var olduğunu ve bir populasyon darboğazının meydana gelmesinin muhtemel olduğunu işaret etmektedir. Çeşitte geriye kalan diğer tüm allellerde (Bx14+By16, Bx7, Bx20+By20, By8 ve Bx13+By15) de gözlenen F değerleri beklenen F değerlerinden çok daha yüksek çıkmıştır. Bu durum da bu çeşitte yönlü bir seleksiyona işarettir.

Tablo 3.65 Marmara Bölgesi *Glu-B1* lokusu Ewens-Watterson nötralite testi (Manly [332]'e göre)

Alt üniteler	Örnek sayısı	k	Gözl. F	Min. F	Mak. F	Ort*	SE*	L95*	U95*
7+8	12	**2**	**0.7383**	**0.5000**	**0.8673**	**0.7090**	**0.0190**	**0.5000**	**0.8673**
14+15	12	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
6+8	12	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
14+16	12	2	0.8626	0.5000	0.8673	0.7104	0.0191	0.5000	0.8673
7+9	12	**2**	**0.6821**	**0.5000**	**0.8673**	**0.7047**	**0.0190**	**0.5000**	**0.8673**
7	12	2	0.9299	0.5000	0.8673	0.6997	0.0195	0.5000	0.8673
7*+8	12	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
20+20	12	2	0.8626	0.5000	0.8673	0.7052	0.0191	0.5000	0.8673
8	12	2	0.9299	0.5000	0.8673	0.7058	0.0188	0.5000	0.8673
17+18	12	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13+16	12	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13	12	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13+15	12	2	0.9299	0.5000	0.8673	0.7093	0.0196	0.5000	0.8673
9	12	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****

* Bu istatistik 1000 temsili örnek kullanılarak hesaplanmıştır.

Marmara bölgesi *Glu-D1* lokusu homozigotluk bakımından incelendiğinde Dx2+Dy12 ve Dx5+Dy10 alt ünitelerinin gözlenen F değerlerinin beklenen F değerlerinden daha

düşük gözlendiği (Dx2+Dy12 gözlenen F değeri= 0.5858, beklenen F değeri= 0.7096 ± 0.0185; Dx5+Dy10 gözlenen F değeri = 0.5858, beklenen F değeri = 0.7123 ± 0.0183) ve bu alt ünitelerin gözlenen F değerlerinin F minimum değerine yakın olmasından dolayı (F_{min} = 0.5000) bu çeşitte dengelenmiş bir seleksiyonun var olduğu gözlenmiştir (Tablo 3.66).

Bu çeşitte Dx5 alt ünitesi bakımından ise yönlü bir seleksiyon söz konusudur ($F_{göz}$ = 0.9299, F_{bek} = 0.7066 ± 0.0190). Marmara bölgesinde *Glu-D1* lokusu diğer alt üniteleri bakımından (Dx3+Dy12, Dx4+Dy12, Dy12 ve Dx2+Dy12*) da yönlü bir seleksiyon, dolayısıyla da bir populasyon darboğazı sıkıntısı gözlenmektedir.

Tablo 3.66 Marmara Bölgesi *Glu-D1* lokusu Ewens-Watterson nötralite testi (Manly [332]'e göre)

Alt üniteler	Örnek sayısı	k	Gözl. F	Min. F	Mak. F	Ort*	SE*	L95*	U95*
2+12	12	**2**	**0.5858**	**0.5000**	**0.8673**	**0.7096**	**0.0185**	**0.5000**	**0.8673**
5+10	12	**2**	**0.5858**	**0.5000**	**0.8673**	**0.7123**	**0.0183**	**0.5000**	**0.8673**
3+12	12	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
4+12	12	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
2+12*	12	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
12	12	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
5	12	2	0.9299	0.5000	0.8673	0.7066	0.0190	0.5000	0.8673
D(-)	12	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****

* Bu istatistik 1000 temsili örnek kullanılarak hesaplanmıştır.

Marmara bölgesi *Glu-1* lokusu bireysel alleller bakımından bütün olarak incelendiğinde Dx2, Ax2*, Dx5, Bx7, By8, By9, Dx10 ve Dx12 allelleri bakımından çeşitte dengelenmiş bir seleksiyonun olduğu ($F_{göz} << F_{bek}$) gözlenmiştir. Çeşitteki Axnull, Ax1, Bx13, Bx14, By15, By16 ve Bx20 allelleri bakımından ise yönlü bir seleksiyon söz konusudur ($F_{göz} >> F_{bek}$) (Tablo 3.67).

Marmara bölgesi *Glu-1* lokusu bireysel alt üniteler bakımından bütün olarak incelendiğinde Ax2*, Bx7+By8, Bx7+By9, Dx2+Dy12 ve Dx5+Dy10 alt üniteleri bakımından çeşitte dengelenmiş bir seleksiyonun bulunduğu ($F_{göz} << F_{bek}$) gözlenmiştir. Çeşitteki diğer alt üniteler bakımından ise yönlü bir seleksiyonun varlığı ($F_{göz} >> F_{bek}$) ve muhtemel bir populasyon darboğazı söz konusudur (Tablo 3.68).

Tablo 3.67 Marmara Bölgesi *Glu-1* lokusu, allellere göre Ewens-Watterson nötralite testi (Manly [332]'e göre)

Alleller	Örnek sayısı	k	Gözl. F	Min. F	Mak. F	Ort*	SE*	L95*	U95*
null	12	2	0.9299	0.5000	0.8673	0.7096	0.0185	0.5000	0.8673
1	12	2	0.8626	0.5000	0.8673	0.7123	0.0183	0.5000	0.8673
2	12	**2**	**0.5858**	**0.5000**	**0.8673**	**0.7066**	**0.0190**	**0.5000**	**0.8673**
2*	12	**2**	**0.5858**	**0.5000**	**0.8673**	**0.7089**	**0.0191**	**0.5000**	**0.8673**
3	12	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
4	12	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
5	12	**2**	**0.5478**	**0.5000**	**0.8673**	**0.7131**	**0.0190**	**0.5000**	**0.8673**
6	12	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
7	12	**2**	**0.5024**	**0.5000**	**0.8673**	**0.7075**	**0.0194**	**0.5000**	**0.8673**
7*	12	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
8	12	**2**	**0.6821**	**0.5000**	**0.8673**	**0.7056**	**0.0189**	**0.5000**	**0.8673**
9	12	**2**	**0.6821**	**0.5000**	**0.8673**	**0.7043**	**0.0193**	**0.5000**	**0.8673**
10	12	**2**	**0.5858**	**0.5000**	**0.8673**	**0.7086**	**0.0199**	**0.5000**	**0.8673**
12	12	**2**	**0.5858**	**0.5000**	**0.8673**	**0.6995**	**0.0195**	**0.5000**	**0.8673**
12*	12	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13	12	2	0.9299	0.5000	0.8673	0.7056	0.0184	0.5000	0.8673
14	12	2	0.8626	0.5000	0.8673	0.7076	0.0195	0.5000	0.8673
15	12	2	0.9299	0.5000	0.8673	0.7038	0.0190	0.5000	0.8673
16	12	2	0.8626	0.5000	0.8673	0.7126	0.0185	0.5000	0.8673
17	12	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
18	12	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
20	12	2	0.8626	0.5000	0.8673	0.7065	0.0186	0.5000	0.8673

* Bu istatistik 1000 temsili örnek kullanılarak hesaplanmıştır.

Tablo 3.68 Marmara Bölgesi *Glu-1* lokusu, alt ünitelere göre Ewens-Watterson nötralite testi (Manly [332]'e göre)

Alt Ünite	**n**	**k**	**Göz. F**	**Min. F**	**Mak. F**	**Ort.***	**Std. Hata***	**L95***	**U95***
Null	12	2	0.8673	0.5000	0.8673	0.7055	0.0186	0.5000	0.8673
1	12	2	0.7551	0.5000	0.8673	0.7023	0.0188	0.5000	0.8673
2*	12	**2**	**0.5000**	**0.5000**	**0.8673**	**0.7041**	**0.0188**	**0.5000**	**0.8673**
7+8	12	**2**	**0.5918**	**0.5000**	**0.8673**	**0.7066**	**0.0187**	**0.5000**	**0.8673**
14+15	12	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
6+8	12	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
14+16	12	2	0.7551	0.5000	0.8673	0.7138	0.0194	0.5000	0.8673
7+9	12	**2**	**0.5408**	**0.5000**	**0.8673**	**0.7043**	**0.0194**	**0.5000**	**0.8673**
7	12	2	0.8673	0.5000	0.8673	0.7084	0.0194	0.5000	0.8673
7*+8	12	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
20+20	12	2	0.7551	0.5000	0.8673	0.7054	0.0195	0.5000	0.8673
8	12	2	0.8673	0.5000	0.8673	0.7140	0.0188	0.5000	0.8673
17+18	12	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13+16	12	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13	12	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13+15	12	2	0.8673	0.5000	0.8673	0.7139	0.0194	0.5000	0.8673
9	12	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
2+12	12	**2**	**0.5000**	**0.5000**	**0.8673**	**0.7092**	**0.0189**	**0.5000**	**0.8673**
5+10	12	**2**	**0.5000**	**0.5000**	**0.8673**	**0.7076**	**0.0191**	**0.5000**	**0.8673**
3+12	12	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
4+12	12	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
2+12*	12	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
12	12	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
5	12	2	0.8673	0.5000	0.8673	0.7091	0.0185	0.5000	0.8673

* Bu istatistik 1000 temsili örnek kullanılarak hesaplanmıştır.

3.8.2. Ege Bölgesi çeşitlerinde Ewens-Watterson nötralite testleri

Ege bölgesi *Glu-A1* lokusu homozigotluk bakımından değerlendirildiğinde Axnull alleli bakımından çeşitte dengelenmiş bir seleksiyon olduğu gözlenmektedir (Fgöz<< Fbek) (Tablo 3.69). Çeşitte *Glu-A1* lokusundaki diğer allellerde yönlü bir seleksiyon söz konusudur ($F_{göz}$>> F_{bek}).

Tablo 3.69 Ege Bölgesi *Glu-A1* lokusu Ewens-Watterson nötralite testi (Manly [332]'e göre)

Alleller	Örnek sayısı	k	Gözl. F	Min. F	Mak. F	Ort*	SE*	L95*	U95*
Null	**11**	**2**	**0.5022**	**0.5000**	**0.8756**	**0.7138**	**0.0199**	**0.5022**	**0.8756**
1	11	2	0.7689	0.5000	0.8756	0.7174	0.0197	0.5022	0.8756
2*	11	2	0.8756	0.5000	0.8756	0.7124	0.0200	0.5022	0.8756

* Bu istatistik 1000 temsili örnek kullanılarak hesaplanmıştır.

Ege bölgesi *Glu-B1* lokusu homozigotluk bakımından değerlendirildiğinde Bx7+By8 alt ünitesi bakımından çeşitte dengelenmiş bir seleksiyon olduğu gözlenmektedir ($F_{göz}$<< F_{bek}) (Tablo 3.70). Çeşitte *Glu-B1* lokusundaki diğer alt ünitelerde yönlü bir seleksiyon söz konusudur ($F_{göz}$>> F_{bek}).

Tablo 3.70 Ege Bölgesi *Glu-B1* lokusu Ewens-Watterson nötralite testi (Manly [332]'ye göre)

Alt üniteler	Örnek sayısı	k	Gözl. F	Min. F	Mak. F	Ort*	SE*	L95*	U95*
7+8	11	**2**	**0.5351**	**0.5000**	**0.8756**	**0.7168**	**0.0191**	**0.5022**	**0.8756**
14+15	11	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
6+8	11	2	0.7540	0.5000	0.8756	0.7103	0.0202	0.5022	0.8756
14+16	11	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
7+9	11	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
7	11	2	0.9345	0.5000	0.8756	0.7073	0.0188	0.5022	0.8756
7*+8	11	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
20+20	11	2	0.9345	0.5000	0.8756	0.7121	0.0195	0.5022	0.8756
8	11	2	0.9345	0.5000	0.8756	0.7183	0.0205	0.5022	0.8756
17+18	11	2	0.9345	0.5000	0.8756	0.7081	0.0201	0.5022	0.8756
13+16	11	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13	11	2	0.9345	0.5000	0.8756	0.7163	0.0199	0.5022	0.8756
13+15	11	2	0.9345	0.5000	0.8756	0.7111	0.0191	0.5022	0.8756
9	11	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****

* Bu istatistik 1000 temsili örnek kullanılarak hesaplanmıştır.

Tablo 3.71 Ege Bölgesi *Glu-D1* lokusu Ewens-Watterson nötralite testi (Manly [332]'ye göre)

Alt üniteler	Örnek sayısı	k	Gözl. F	Min. F	Mak. F	Ort*	SE*	L95*	U95*
2+12	11	**2**	**0.5364**	**0.5000**	**0.8756**	**0.7138**	**0.0199**	**0.5022**	**0.8756**
5+10	11	2	0.9345	0.5000	0.8756	0.7174	0.0197	0.5022	0.8756
3+12	11	2	0.9345	0.5000	0.8756	0.7124	0.0200	0.5022	0.8756
4+12	11	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
2+12*	11	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
12	11	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
5	11	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
D(-)	11	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****

* Bu istatistik 1000 temsili örnek kullanılarak hesaplanmıştır.

Tablo 3.72 Ege Bölgesi *Glu-1* lokusu, allellere göre Ewens-Watterson nötralite testi (Manly [332]'ye göre)

Alleller	Örnek sayısı	k	Gözl. F	Min. F	Mak. F	Ort*	SE*	L95*	U95*
null	11	**2**	**0.6061**	**0.5000**	**0.8756**	**0.7115**	**0.0200**	**0.5022**	**0.8756**
1	11	2	0.8714	0.5000	0.8756	0.7159	0.0192	0.5022	0.8756
2	11	**2**	**0.5364**	**0.5000**	**0.8756**	**0.7177**	**0.0188**	**0.5022**	**0.8756**
2*	11	2	0.9345	0.5000	0.8756	0.7145	0.0204	0.5022	0.8756
3	11	2	0.9345	0.5000	0.8756	0.7101	0.0191	0.5022	0.8756
4	11	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
5	11	2	0.9345	0.5000	0.8756	0.7089	0.0200	0.5022	0.8756
6	11	**2**	**0.7540**	**0.5000**	**0.8756**	**0.7137**	**0.0195**	**0.5022**	**0.8756**
7	11	**2**	**0.5120**	**0.5000**	**0.8756**	**0.7104**	**0.0201**	**0.5022**	**0.8756**
7*	11	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
8	11	**2**	**0.6169**	**0.5000**	**0.8756**	**0.7146**	**0.0198**	**0.5022**	**0.8756**
9	11	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
10	11	2	0.9345	0.5000	0.8756	0.7060	0.0190	0.5022	0.8756
12	11	**2**	**0.6169**	**0.5000**	**0.8756**	**0.7147**	**0.0201**	**0.5022**	**0.8756**
12*	11	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13	11	2	0.8714	0.5000	0.8756	0.7135	0.0201	0.5022	0.8756
14	11	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
15	11	2	0.9345	0.5000	0.8756	0.7110	0.0195	0.5022	0.8756
16	11	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
17	11	2	0.9345	0.5000	0.8756	0.7158	0.0195	0.5022	0.8756
18	11	2	0.9345	0.5000	0.8756	0.7129	0.0197	0.5022	0.8756
20	11	2	0.9345	0.5000	0.8756	0.7116	0.0200	0.5022	0.8756

* Bu istatistik 1000 temsili örnek kullanılarak hesaplanmıştır.

Ege bölgesi *Glu-D1* lokusu homozigotluk bakımından değerlendirildiğinde Dx2+Dy12 alt ünitesi bakımından çeşitte dengelenmiş bir seleksiyon olduğu gözlenmektedir ($F_{göz} << F_{bek}$) (Tablo 3.71). Çeşitte *Glu-D1* lokusundaki diğer alt ünitelerde yönlü bir seleksiyon söz konusudur ($F_{göz} >> F_{bek}$).

Ege bölgesi *Glu-1* lokusu bireysel alleller bakımından bütün olarak değerlendirildiğinde Axnull, Dx2, Bx6, Bx7, By8 ve Dy12 allelleri bakımından çeşitte dengelenmiş bir seleksiyon olduğu gözlenmektedir ($F_{göz} << F_{bek}$) (Tablo 3.72). Çeşitte *Glu-1* lokusundaki diğer allellerde yönlü bir seleksiyon söz konusudur ($F_{göz} >> F_{bek}$).

Ege bölgesi *Glu-1* lokusu bireysel alt üniteler bakımından bütün olarak değerlendirildiğinde Axnull, Bx7+By8 ve Bx6+By8 alt üniteleri bakımından çeşitte dengelenmiş bir seleksiyon olduğu gözlenmektedir ($F_{göz} << F_{bek}$) (Tablo 3.73). Çeşitte *Glu-1* lokusundaki diğer alt ünitelerde ise yönlü bir seleksiyon söz konusudur ($F_{göz} >> F_{bek}$).

Tablo 3.73 Ege Bölgesi *Glu-1* lokusu, alt ünitelere göre Ewens-Watterson nötralite testi (Manly [332]'ye göre)

Alt Ünite	**n**	**k**	**Göz. F**	**Min. F**	**Mak. F**	**Ort.***	**Std. Hata***	**L95***	**U95***
Null	11	**2**	**0.5022**	**0.5000**	**0.8756**	**0.7073**	**0.0195**	**0.5022**	**0.8756**
1	11	2	0.7689	0.5000	0.8756	0.7145	0.0202	0.5022	0.8756
2*	11	2	0.8756	0.5000	0.8756	0.7143	0.0199	0.5022	0.8756
7+8	11	**2**	**0.5200**	**0.5000**	**0.8756**	**0.7228**	**0.0193**	**0.5022**	**0.8756**
14+15	11	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
6+8	11	**2**	**0.6089**	**0.5000**	**0.8756**	**0.7161**	**0.0188**	**0.5022**	**0.8756**
14+16	11	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
7+9	11	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
7	11	2	0.8756	0.5000	0.8756	0.7176	0.0197	0.5022	0.8756
7*+8	11	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
20+20	11	2	0.8756	0.5000	0.8756	0.7090	0.0203	0.5022	0.8756
8	11	2	0.8756	0.5000	0.8756	0.7128	0.0197	0.5022	0.8756
17+18	11	2	0.8756	0.5000	0.8756	0.7123	0.0198	0.5022	0.8756
13+16	11	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13	11	2	0.8756	0.5000	0.8756	0.7116	0.0199	0.5022	0.8756
13+15	11	2	0.8756	0.5000	0.8756	0.7211	0.0195	0.5022	0.8756
9	11	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
2+12	11	2	0.7689	0.5000	0.8756	0.7069	0.0190	0.5022	0.8756
5+10	11	2	0.8756	0.5000	0.8756	0.7185	0.0190	0.5022	0.8756
3+12	11	2	0.8756	0.5000	0.8756	0.7143	0.0190	0.5022	0.8756
4+12	11	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
2+12*	11	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
12	11	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
5	11	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
D(-)	11	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****

* Bu istatistik 1000 temsili örnek kullanılarak hesaplanmıştır.

3.8.3. Akdeniz Bölgesi çeşitlerinde Ewens-Watterson nötralite testleri

Akdeniz bölgesi *Glu-A1* lokusu homozigotluk bakımından değerlendirildiğinde tüm alleller bakımından çeşitte dengelenmiş bir seleksiyon olduğu gözlenmektedir ($F_{göz}$<< F_{bek}) (Tablo 3.74).

Tablo 3.74 Akdeniz Bölgesi *Glu-A1* lokusu Ewens-Watterson nötralite testi (Manly [332]'ye göre)

Alleller	Örnek sayısı	k	Gözl. F	Min. F	Mak. F	Ort*	SE*	L95*	U95*
Null	**10**	**2**	**0.6033**	**0.5000**	**0.8347**	**0.6890**	**0.0164**	**0.5041**	**0.8347**
1	**10**	**2**	**0.7025**	**0.5000**	**0.8347**	**0.6875**	**0.0166**	**0.5041**	**0.8347**
2*	**10**	**2**	**0.7025**	**0.5000**	**0.8347**	**0.6905**	**0.0173**	**0.5041**	**0.8347**

* Bu istatistik 1000 temsili örnek kullanılarak hesaplanmıştır.

Akdeniz bölgesi *Glu-B1* lokusu homozigotluk bakımından değerlendirildiğinde sadece Bx7+By8 alt ünitesi bakımından çeşitte dengelenmiş bir seleksiyon olduğu gözlenmektedir ($F_{göz}$<< F_{bek}) (Tablo 3.75). Çeşitte *Glu-B1* lokusundaki diğer alt ünitelerde ise yönlü bir seleksiyon söz konusudur ($F_{göz}$>> F_{bek}).

Tablo 3.75 Akdeniz Bölgesi *Glu-B1* lokusu Ewens-Watterson nötralite testi (Manly [332]'ye göre)

Alt üniteler	Örnek sayısı	k	Gözl. F	Min. F	Mak. F	Ort*	SE*	L95*	U95*
7+8	**10**	**2**	**0.5607**	**0.5000**	**0.8347**	**0.6827**	**0.0163**	**0.5041**	**0.8347**
14+15	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
6+8	10	2	0.9113	0.5000	0.8347	0.6856	0.0162	0.5041	0.8347
14+16	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
7+9	10	2	0.9113	0.5000	0.8347	0.6871	0.0161	0.5041	0.8347
7	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
7*+8	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
20+20	10	2	0.8273	0.5000	0.8347	0.6952	0.0168	0.5041	0.8347
8	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
17+18	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13+16	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13+15	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
9	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****

* Bu istatistik 1000 temsili örnek kullanılarak hesaplanmıştır.

Akdeniz bölgesi *Glu-D1* lokusu homozigotluk bakımından değerlendirildiğinde sadece Dx2+Dy12 alt ünitesi bakımından çeşitte dengelenmiş bir seleksiyon olduğu gözlenmektedir ($F_{göz}$<< F_{bek}) (Tablo 3.76). Çeşitte *Glu-D1* lokusundaki diğer alt ünitelerde ise yönlü bir seleksiyon söz konusudur ($F_{göz}$>> F_{bek}).

Akdeniz bölgesi *Glu-1* lokusu bireysel alleller bakımından bütün olarak değerlendirildiğinde Dx2, Bx7, By8 ve Dy12 allelleri bakımından çeşitte dengelenmiş bir seleksiyon olduğu gözlenmektedir ($F_{göz} << F_{bek}$) (Tablo 3.77). Çeşitte *Glu-1* lokusundaki diğer allellerde yönlü bir seleksiyon söz konusudur ($F_{göz} >> F_{bek}$).

Tablo 3.76 Akdeniz Bölgesi *Glu-D1* lokusu Ewens-Watterson nötralite testi (Manly [332]'ye göre)

Alt üniteler	Örnek sayısı	k	Gözl. F	Min. F	Mak. F	Ort*	SE*	L95*	U95*
2+12	10	**2**	**0.6138**	**0.5000**	**0.8347**	**0.6890**	**0.0164**	**0.5041**	**0.8347**
5+10	10	2	0.8273	0.5000	0.8347	0.6875	0.0166	0.5041	0.8347
3+12	10	2	0.8273	0.5000	0.8347	0.6905	0.0173	0.5041	0.8347
4+12	10	2	0.9113	0.5000	0.8347	0.6808	0.0169	0.5041	0.8347
2+12*	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
12	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
5	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
D(-)	10	2	0.9113	0.5000	0.8347	0.6874	0.0162	0.5041	0.8347

* Bu istatistik 1000 temsili örnek kullanılarak hesaplanmıştır.

Tablo 3.77 Akdeniz Bölgesi *Glu-1* lokusu, allellere göre Ewens-Watterson nötralite testi (Manly [332]'ye göre)

Alleller	Örnek sayısı	k	Gözl. F	Min. F	Mak. F	Ort*	SE*	L95*	U95*
null	10	2	0.7489	0.5000	0.8347	0.6842	0.0163	0.5041	0.8347
1	10	2	0.8273	0.5000	0.8347	0.6894	0.0166	0.5041	0.8347
2	10	**2**	**0.6138**	**0.5000**	**0.8347**	**0.6889**	**0.0160**	**0.5041**	**0.8347**
2*	10	2	0.8273	0.5000	0.8347	0.6930	0.0161	0.5041	0.8347
3	10	2	0.8273	0.5000	0.8347	0.6816	0.0166	0.5041	0.8347
4	10	2	0.9113	0.5000	0.8347	0.6946	0.0163	0.5041	0.8347
5	10	2	0.8273	0.5000	0.8347	0.6908	0.0163	0.5041	0.8347
6	10	2	0.8273	0.5000	0.8347	0.6861	0.0163	0.5041	0.8347
7	10	**2**	**0.5212**	**0.5000**	**0.8347**	**0.6948**	**0.0162**	**0.5041**	**0.8347**
7*	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
8	10	**2**	**0.5212**	**0.5000**	**0.8347**	**0.6890**	**0.0167**	**0.5041**	**0.8347**
9	10	2	0.9113	0.5000	0.8347	0.6914	0.0171	0.5041	0.8347
10	10	2	0.8273	0.5000	0.8347	0.6855	0.0165	0.5041	0.8347
12	10	**2**	**0.5010**	**0.5000**	**0.8347**	**0.6942**	**0.0164**	**0.5041**	**0.8347**
12*	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
14	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
15	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
16	10	2	0.9113	0.5000	0.8347	0.6913	0.0160	0.5041	0.8347
17	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
18	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
20	10	2	0.8273	0.5000	0.8347	0.6891	0.0163	0.5041	0.8347

* Bu istatistik 1000 temsili örnek kullanılarak hesaplanmıştır.

Akdeniz bölgesi *Glu-1* lokusu bireysel alt üniteler bakımından bütün olarak değerlendirildiğinde Axnull, Ax1, Ax2*, Bx7+By8, Bx20+By20, Dx2+Dy12, Dx5+Dy10 ve Dx3+Dy12 alt üniteleri bakımından çeşitte dengelenmiş bir seleksiyon

olduğu gözlenmektedir ($F_{göz} << F_{bek}$) (Tablo 3.78). Çeşitte *Glu-1* lokusundaki diğer alt ünitelerde ise yönlü bir seleksiyon söz konusudur ($F_{göz} >> F_{bek}$).

Tablo 3.78 Akdeniz Bölgesi *Glu-1* lokusu, alt ünitelere göre Ewens-Watterson nötralite testi (Manly [332]'ye göre)

Alt Ünite	**n**	**k**	**Göz. F**	**Min. F**	**Mak. F**	**Ort.***	**Std. Hata***	**L95***	**U95***
Null	10	**2**	**0.6033**	**0.5000**	**0.8347**	**0.6900**	**0.0162**	**0.5041**	**0.8347**
1	10	**2**	**0.7025**	**0.5000**	**0.8347**	**0.6917**	**0.0166**	**0.5041**	**0.8347**
2*	10	**2**	**0.7025**	**0.5000**	**0.8347**	**0.6859**	**0.0168**	**0.5041**	**0.8347**
7+8	10	**2**	**0.5041**	**0.5000**	**0.8347**	**0.6909**	**0.0160**	**0.5041**	**0.8347**
14+15	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
6+8	10	2	0.8347	0.5000	0.8347	0.6899	0.0162	0.5041	0.8347
14+16	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
7+9	10	2	0.8347	0.5000	0.8347	0.6857	0.0167	0.5041	0.8347
7	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
7*+8	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
20+20	10	**2**	**0.7025**	**0.5000**	**0.8347**	**0.6866**	**0.0163**	**0.5041**	**0.8347**
8	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
17+18	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13+16	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13+15	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
9	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
2+12	10	**2**	**0.5041**	**0.5000**	**0.8347**	**0.6934**	**0.0164**	**0.5041**	**0.8347**
5+10	10	**2**	**0.7025**	**0.5000**	**0.8347**	**0.6855**	**0.0160**	**0.5041**	**0.8347**
3+12	10	**2**	**0.7025**	**0.5000**	**0.8347**	**0.6916**	**0.0162**	**0.5041**	**0.8347**
4+12	10	2	0.8347	0.5000	0.8347	0.6844	0.0162	0.5041	0.8347
2+12*	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
12	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
5	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
D(-)	10	2	0.8347	0.5000	0.8347	0.6874	0.0164	0.5041	0.8347

* Bu istatistik 1000 temsili örnek kullanılarak hesaplanmıştır.

3.8.4. İç Anadolu Bölgesi çeşitlerinde Ewens-Watterson nötralite testleri

İç Anadolu bölgesi *Glu-A1* lokusu homozigotluk bakımından değerlendirildiğinde Axnull ve Ax2* allelleri bakımından çeşitte dengelenmiş bir seleksiyon olduğu gözlenmektedir ($F_{göz} << F_{bek}$) (Tablo 3.79). Çeşitteki Ax1 allellerinde ise yönlü bir seleksiyon söz konusudur ($F_{göz} >> F_{bek}$).

Tablo 3.79 İç Anadolu Bölgesi *Glu-A1* lokusu Ewens-Watterson nötralite testi (Manly [332]'ye göre)

Alleller	Örnek sayısı	k	Gözl. F	Min. F	Mak. F	Ort*	SE*	L95*	U95*
Null	27	**2**	**0.7551**	**0.5000**	**0.9311**	**0.7415**	**0.0253**	**0.5000**	**0.9311**
1	27	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
2*	27	**2**	**0.5638**	**0.5000**	**0.9311**	**0.7498**	**0.0232**	**0.5026**	**0.9311**

* Bu istatistik 1000 temsili örnek kullanılarak hesaplanmıştır.

İç Anadolu bölgesi *Glu-B1* lokusu homozigotluk bakımından değerlendirildiğinde Bx7+By8 ve Bx6+By8 alt üniteleri bakımından çeşitte dengelenmiş bir seleksiyon

olduğu gözlenmektedir ($F_{göz}$<< F_{bek}) (Tablo 3.80). Çeşitteki diğer alt ünitelerde ise yönlü bir seleksiyon söz konusudur ($F_{göz}$>> F_{bek}).

Tablo 3.80 İç Anadolu Bölgesi *Glu-B1* lokusu Ewens-Watterson nötralite testi (Manly [332]'ye göre)

Alt üniteler	Örnek sayısı	k	Gözl. F	Min. F	Mak. F	Ort*	SE*	L95*	U95*
7+8	27	**2**	**0.5658**	**0.5000**	**0.9311**	**0.7471**	**0.0243**	**0.5026**	**0.9311**
14+15	27	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
6+8	27	**2**	**0.7096**	**0.5000**	**0.9311**	**0.7523**	**0.0249**	**0.5026**	**0.9311**
14+16	27	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
7+9	27	2	0.8626	0.5000	0.9311	0.7490	0.0246	0.5026	0.9311
7	27	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
7*+8	27	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
20+20	27	2	0.9646	0.5000	0.9311	0.7588	0.0240	0.5026	0.9311
8	27	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
17+18	27	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13+16	27	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13	27	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13+15	27	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
9	27	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****

* Bu istatistik 1000 temsili örnek kullanılarak hesaplanmıştır.

İç Anadolu bölgesi *Glu-D1* lokusu homozigotluk bakımından değerlendirildiğinde sadece Dx2+Dy12 alt ünitesi bakımından çeşitte dengelenmiş bir seleksiyon olduğu gözlenmektedir ($F_{göz}$<< F_{bek}) (Tablo 3.81). Çeşitteki diğer alt ünitelerde ise yönlü bir seleksiyon söz konusudur ($F_{göz}$>> F_{bek}).

Tablo 3.81 İç Anadolu Bölgesi *Glu-D1* lokusu Ewens-Watterson nötralite testi (Manly [332]'ye göre)

Alt üniteler	Örnek sayısı	k	Gözl. F	Min. F	Mak. F	Ort*	SE*	L95*	U95*
2+12	27	**2**	**0.5090**	**0.5000**	**0.9311**	**0.7527**	**0.0252**	**0.5026**	**0.9311**
5+10	27	2	0.8302	0.5000	0.9311	0.7475	0.0242	0.5026	0.9311
3+12	27	2	0.8959	0.5000	0.9311	0.7568	0.0232	0.5026	0.9311
4+12	27	2	0.9646	0.5000	0.9311	0.7511	0.0237	0.5026	0.9311
2+12*	27	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
12	27	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
5	27	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
D(-)	27	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****

* Bu istatistik 1000 temsili örnek kullanılarak hesaplanmıştır.

İç Anadolu bölgesi *Glu-1* lokusu bireysel alleller bakımından bütün olarak değerlendirildiğinde Ax2*, Dx2, Bx6, Bx7, By8 ve Dy12 allelleri bakımından çeşitte dengelenmiş bir seleksiyon olduğu gözlenmektedir ($F_{göz}$<< F_{bek}) (Tablo 3.82). Çeşitte *Glu-1* lokusundaki diğer allellerde yönlü bir seleksiyon söz konusudur ($F_{göz}$>> F_{bek}).

Tablo 3.82 İç Anadolu Bölgesi *Glu-1* lokusu allellere göre Ewens-Watterson nötralite testi (Manly [332]'ye göre)

Alleller	Örnek sayısı	k	Gözl. F	Min. F	Mak. F	Ort*	SE*	L95*	U95*
null	27	2	0.8626	0.5000	0.9311	0.7564	0.0243	0.5026	0.9311
1	27	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
2	27	**2**	**0.5090**	**0.5000**	**0.9311**	**0.7582**	**0.0251**	**0.5026**	**0.9311**
2*	27	**2**	**0.7096**	**0.5000**	**0.9311**	**0.7508**	**0.0240**	**0.5026**	**0.9311**
3	27	2	0.8959	0.5000	0.9311	0.7509	0.0242	0.5026	0.9311
4	27	2	0.9646	0.5000	0.9311	0.7477	0.0237	0.5026	0.9311
5	27	2	0.8302	0.5000	0.9311	0.7422	0.0247	0.5026	0.9311
6	27	**2**	**0.7096**	**0.5000**	**0.9311**	**0.7612**	**0.0240**	**0.5026**	**0.9311**
7	27	**2**	**0.5090**	**0.5000**	**0.9311**	**0.7476**	**0.0245**	**0.5026**	**0.9311**
7*	27	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
8	27	**2**	**0.5298**	**0.5000**	**0.9311**	**0.7532**	**0.0239**	**0.5026**	**0.9311**
9	27	2	0.8626	0.5000	0.9311	0.7548	0.0244	0.5026	0.9311
10	27	2	0.8302	0.5000	0.9311	0.7488	0.0241	0.5026	0.9311
12	27	**2**	**0.5120**	**0.5000**	**0.9311**	**0.7425**	**0.0249**	**0.5026**	**0.9311**
12*	27	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13	27	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
14	27	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
15	27	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
16	27	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
17	27	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
18	27	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
20	27	2	0.9646	0.5000	0.9311	0.7479	0.0243	0.5026	0.9311

* Bu istatistik 1000 temsili örnek kullanılarak hesaplanmıştır.

Tablo 3.83 İç Anadolu Bölgesi *Glu-1* lokusu alt ünitelere göre Ewens-Watterson nötralite testi (Manly [332]'ye göre)

Alt Ünite	**n**	**k**	**Göz. F**	**Min. F**	**Mak. F**	**Ort.***	**Std. Hata***	**L95***	**U95***
Null	27	**2**	**0.7551**	**0.5000**	**0.9311**	**0.7476**	**0.0243**	**0.5026**	**0.9311**
1	27	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
2*	27	**2**	**0.5638**	**0.5000**	**0.9311**	**0.7482**	**0.0248**	**0.5026**	**0.9311**
7+8	27	**2**	**0.5026**	**0.5000**	**0.9311**	**0.7491**	**0.0254**	**0.5026**	**0.9311**
14+15	27	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
6+8	27	**2**	**0.5638**	**0.5000**	**0.9311**	**0.7589**	**0.0241**	**0.5026**	**0.9311**
14+16	27	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
7+9	27	**2**	**0.7551**	**0.5000**	**0.9311**	**0.7480**	**0.0236**	**0.5026**	**0.9311**
7	27	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
7*+8	27	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
20+20	27	2	0.9311	0.5000	0.9311	0.7541	0.0245	0.5026	0.9311
8	27	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
17+18	27	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13+16	27	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13	27	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13+15	27	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
9	27	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
2+12	27	**2**	**0.5638**	**0.5000**	**0.9311**	**0.7535**	**0.0245**	**0.5000**	**0.9311**
5+10	27	**2**	**0.7066**	**0.5000**	**0.9311**	**0.7463**	**0.0243**	**0.5026**	**0.9311**
3+12	27	2	0.8087	0.5000	0.9311	0.7459	0.0251	0.5026	0.9311
4+12	27	2	0.9311	0.5000	0.9311	0.7534	0.0237	0.5026	0.9311
2+12*	27	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
12	27	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
5	27	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****

* Bu istatistik 1000 temsili örnek kullanılarak hesaplanmıştır.

İç Anadolu bölgesi *Glu-1* lokusu bireysel alt üniteler bakımından bütün olarak değerlendirildiğinde Axnull, Ax2*, Bx7+By8, Bx6+By8, Bx7+By9, Dx2+Dy12 ve Dx5+Dy10 alt üniteleri bakımından çeşitte dengelenmiş bir seleksiyon olduğu gözlenmektedir ($F_{göz} << F_{bek}$) (Tablo 3.83). Çeşitte *Glu-1* lokusundaki diğer alt ünitelerde ise yönlü bir seleksiyon söz konusudur ($F_{göz} >> F_{bek}$).

3.8.5. Karadeniz Bölgesi çeşitlerinde Ewens-Watterson nötralite testleri

Karadeniz bölgesi *Glu-A1* lokusu homozigotluk bakımından değerlendirildiğinde tüm alleller bakımından çeşitte dengelenmiş bir seleksiyon olduğu gözlenmektedir ($F_{göz} << F_{bek}$) (Tablo 3.84).

Tablo 3.84 Karadeniz Bölgesi *Glu-A1* lokusu Ewens-Watterson nötralite testi (Manly [332]'ye göre)

Alleller	Örnek sayısı	k	Gözl. F	Min. F	Mak. F	Ort*	SE*	L95*	U95*
Null	**18**	**2**	**0.5346**	**0.5000**	**0.9003**	**0.7293**	**0.0225**	**0.5014**	**0.9003**
1	**18**	**2**	**0.7341**	**0.5000**	**0.9003**	**0.7249**	**0.0216**	**0.5014**	**0.9003**
2*	**18**	**2**	**0.5679**	**0.5000**	**0.9003**	**0.7339**	**0.0210**	**0.5014**	**0.9003**

* Bu istatistik 1000 temsili örnek kullanılarak hesaplanmıştır.

Karadeniz bölgesi *Glu-B1* lokusu homozigotluk bakımından değerlendirildiğinde Bx7+By8 alt ünitesi bakımından çeşitte dengelenmiş bir seleksiyon olduğu gözlenmektedir ($F_{göz} << F_{bek}$) (Tablo 3.85). Çeşitteki diğer alt ünitelerde ise yönlü bir seleksiyon söz konusudur ($F_{göz} >> F_{bek}$).

Tablo 3.85 Karadeniz Bölgesi *Glu-B1* lokusu Ewens-Watterson nötralite testi (Manly [332]'ye göre)

Alt üniteler	Örnek sayısı	k	Gözl. F	Min. F	Mak. F	Ort*	SE*	L95*	U95*
7+8	18	**2**	**0.5229**	**0.5000**	**0.9003**	**0.7355**	**0.0219**	**0.5014**	**0.9003**
14+15	18	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
6+8	18	2	0.9481	0.5000	0.9003	0.7290	0.0216	0.5014	0.9003
14+16	18	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
7+9	18	2	0.8977	0.5000	0.9003	0.7289	0.0220	0.5014	0.9003
7	18	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
7*+8	18	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
20+20	18	2	0.8019	0.5000	0.9003	0.7290	0.0210	0.5014	0.9003
8	18	2	0.8977	0.5000	0.9003	0.7234	0.0216	0.5014	0.9003
17+18	18	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13+16	18	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13	18	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13+15	18	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
9	18	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****

* Bu istatistik 1000 temsili örnek kullanılarak hesaplanmıştır.

Tablo 3.86 Karadeniz Bölgesi *Glu-D1* lokusu Ewens-Watterson nötralite testi (Manly [332]'ye göre)

Alt üniteler	Örnek sayısı	k	Gözl. F	Min. F	Mak. F	Ort*	SE*	L95*	U95*
2+12	18	**2**	**0.5229**	**0.5000**	**0.9003**	**0.7272**	**0.0219**	**0.5014**	**0.9003**
5+10	18	**2**	**0.7141**	**0.5000**	**0.9003**	**0.7335**	**0.0212**	**0.5014**	**0.9003**
3+12	18	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
4+12	18	2	0.9481	0.5000	0.9003	0.7347	0.0207	0.5014	0.9003
2+12*	18	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
12	18	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
5	18	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
D(-)	18	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****

* Bu istatistik 1000 temsili örnek kullanılarak hesaplanmıştır.

Tablo 3.87 Karadeniz Bölgesi *Glu-1* lokusu allellere göre Ewens-Watterson nötralite testi (Manly [332]'ye göre)

Alleller	Örnek sayısı	k	Gözl. F	Min. F	Mak. F	Ort*	SE*	L95*	U95*
null	18	**2**	**0.6737**	**0.5000**	**0.9003**	**0.7275**	**0.0214**	**0.5014**	**0.9003**
1	18	2	0.8489	0.5000	0.9003	0.7297	0.0223	0.5014	0.9003
2	18	**2**	**0.5229**	**0.5000**	**0.9003**	**0.7329**	**0.0209**	**0.5014**	**0.9003**
2*	18	**2**	**0.7141**	**0.5000**	**0.9003**	**0.7261**	**0.0224**	**0.5014**	**0.9003**
3	18	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
4	18	2	0.9481	0.5000	0.9003	0.7231	0.0208	0.5014	0.9003
5	18	**2**	**0.7141**	**0.5000**	**0.9003**	**0.7278**	**0.0213**	**0.5014**	**0.9003**
6	18	2	0.9481	0.5000	0.9003	0.7349	0.0227	0.5014	0.9003
7	18	**2**	**0.5003**	**0.5000**	**0.9003**	**0.7222**	**0.0220**	**0.5014**	**0.9003**
7*	18	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
8	18	**2**	**0.5034**	**0.5000**	**0.9003**	**0.7335**	**0.0217**	**0.5014**	**0.9003**
9	18	2	0.8977	0.5000	0.9003	0.7259	0.0211	0.5014	0.9003
10	18	**2**	**0.7141**	**0.5000**	**0.9003**	**0.7227**	**0.0215**	**0.5014**	**0.9003**
12	18	**2**	**0.5077**	**0.5000**	**0.9003**	**0.7254**	**0.0216**	**0.5014**	**0.9003**
12*	18	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13	18	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
14	18	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
15	18	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
16	18	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
17	18	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
18	18	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
20	18	2	0.8019	0.5000	0.9003	0.7266	0.0210	0.5014	0.9003

* Bu istatistik 1000 temsili örnek kullanılarak hesaplanmıştır.

Karadeniz bölgesi *Glu-D1* lokusu homozigotluk bakımından değerlendirildiğinde Dx2+Dy12 ve Dx5+Dy10 alt üniteleri bakımından çeşitte dengelenmiş bir seleksiyon olduğu gözlenmektedir ($F_{göz} << F_{bek}$) (Tablo 3.86). Çeşitteki diğer alt ünitelerde ise yönlü bir seleksiyon söz konusudur ($F_{göz} >> F_{bek}$).

Karadeniz bölgesi *Glu-1* lokusu bireysel alleller bakımından bütün olarak değerlendirildiğinde Axnull, Ax2*, Dx2, Dx5, Bx7, By8, Dx10 ve Dy12 allelleri

bakımından çeşitte dengelenmiş bir seleksiyon olduğu gözlenmektedir ($F_{göz}$<< F_{bek}) (Tablo 3.87). Çeşitte *Glu-1* lokusundaki diğer allellerde yönlü bir seleksiyon söz konusudur ($F_{göz}$>> F_{bek}).

Karadeniz bölgesi *Glu-1* lokusu bireysel alt üniteler bakımından bütün olarak değerlendirildiğinde Axnull, Ax1, Ax2*, Bx7+By8, Bx20+By20, Dx2+Dy12 ve Dx5+Dy10 alt üniteleri bakımından çeşitte dengelenmiş bir seleksiyon olduğu gözlenmektedir ($F_{göz}$<< F_{bek}) (Tablo 3.88). Çeşitte *Glu-1* lokusundaki diğer alt ünitelerde ise yönlü bir seleksiyon söz konusudur ($F_{göz}$>> F_{bek}).

Tablo 3.88 Karadeniz Bölgesi *Glu-1* lokusu alt ünitelere göre Ewens-Watterson nötralite testi (Manly [332]'ye göre)

Alt Ünite	**n**	**k**	**Göz. F**	**Min. F**	**Mak. F**	**Ort.***	**Std. Hata***	**L95***	**U95***
Null	18	**2**	**0.5346**	**0.5000**	**0.9003**	**0.7218**	**0.0214**	**0.5014**	**0.9003**
1	18	**2**	**0.7341**	**0.5000**	**0.9003**	**0.7279**	**0.0218**	**0.5014**	**0.9003**
2*	18	**2**	**0.5679**	**0.5000**	**0.9003**	**0.7346**	**0.0219**	**0.5014**	**0.9003**
7+8	18	**2**	**0.5346**	**0.5000**	**0.9003**	**0.7188**	**0.0222**	**0.5014**	**0.9003**
14+15	18	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
6+8	18	2	0.9003	0.5000	0.9003	0.7200	0.0214	0.5014	0.9003
14+16	18	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
7+9	18	2	0.8116	0.5000	0.9003	0.7365	0.0217	0.5014	0.9003
7	18	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
7*+8	18	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
20+20	18	**2**	**0.6676**	**0.5000**	**0.9003**	**0.7182**	**0.0216**	**0.5014**	**0.9003**
8	18	2	0.8116	0.5000	0.9003	0.7325	0.0215	0.5014	0.9003
17+18	18	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13+16	18	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13	18	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13+15	18	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
9	18	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
2+12	18	**2**	**0.5346**	**0.5000**	**0.9003**	**0.7261**	**0.0212**	**0.5014**	**0.9003**
5+10	18	**2**	**0.5679**	**0.5000**	**0.9003**	**0.7314**	**0.0222**	**0.5014**	**0.9003**
3+12	18	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
4+12	18	2	0.9003	0.5000	0.9003	0.7321	0.0217	0.5014	0.9003
2+12*	18	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
12	18	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
5	18	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
D(-)	18	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****

* Bu istatistik 1000 temsili örnek kullanılarak hesaplanmıştır.

3.8.6. Doğu Anadolu Bölgesi çeşitlerinde Ewens-Watterson Nötralite testleri

Doğu Anadolu bölgesi *Glu-A1* lokusu homozigotluk bakımından değerlendirildiğinde Axnull ve Ax2* allelleri bakımından çeşitte dengelenmiş bir seleksiyon olduğu gözlenmektedir ($F_{göz}$<< F_{bek}) (Tablo 3.89). Çeşitte *Glu-A1* lokusundaki diğer allellerde yönlü bir seleksiyon söz konusudur ($F_{göz}$>> F_{bek}).

Tablo 3.89 Doğu Anadolu Bölgesi *Glu-A1* lokusu Ewens-Watterson nötralite testi (Manly [332]'ye göre)

Alleller	Örnek sayısı	k	Gözl. F	Min. F	Mak. F	Ort*	SE*	L95*	U95*
Null	28	**2**	**0.5089**	**0.5000**	**0.9356**	**0.7552**	**0.0242**	**0.5022**	**0.9356**
1	28	2	0.9356	0.5000	0.9356	0.7546	0.0251	0.5022	0.9356
2*	28	**2**	**0.6422**	**0.5000**	**0.9356**	**0.7605**	**0.0238**	**0.5022**	**0.9356**

* Bu istatistik 1000 temsili örnek kullanılarak hesaplanmıştır.

Doğu Anadolu bölgesi *Glu-B1* lokusu homozigotluk bakımından değerlendirildiğinde Bx7+By8 alt ünitesi bakımından çeşitte dengelenmiş bir seleksiyon olduğu gözlenmektedir ($F_{göz} << F_{bek}$) (Tablo 3.90). Çeşitteki diğer alt ünitelerde ise yönlü bir seleksiyon söz konusudur ($F_{göz} >> F_{bek}$).

Tablo 3.90 Doğu Anadolu Bölgesi *Glu-B1* lokusu Ewens-Watterson nötralite testi (Manly [332]'ye göre)

Alt üniteler	Örnek sayısı	k	Gözl. F	Min. F	Mak. F	Ort*	SE*	L95*	U95*
7+8	28	**2**	**0.5351**	**0.5000**	**0.9356**	**0.7569**	**0.0252**	**0.5022**	**0.9356**
14+15	28	2	0.9669	0.5000	0.9356	0.7585	0.0247	0.5022	0.9356
6+8	28	2	0.9669	0.5000	0.9356	0.7666	0.0237	0.5022	0.9356
14+16	28	2	0.9026	0.5000	0.9356	0.7618	0.0238	0.5022	0.9356
7+9	28	2	0.9669	0.5000	0.9356	0.7608	0.0244	0.5022	0.9356
7	28	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
7*+8	28	2	0.9345	0.5000	0.9356	0.7523	0.0256	0.5022	0.9356
20+20	28	2	0.8714	0.5000	0.9356	0.7565	0.0248	0.5022	0.9356
8	28	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
17+18	28	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13+16	28	2	0.9026	0.5000	0.9356	0.7549	0.0250	0.5022	0.9356
13	28	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13+15	28	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
9	28	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****

* Bu istatistik 1000 temsili örnek kullanılarak hesaplanmıştır.

Doğu Anadolu bölgesi *Glu-D1* lokusu homozigotluk bakımından değerlendirildiğinde Dx2+Dy12 ve Dx5+Dy10 alt üniteleri bakımından çeşitte dengelenmiş bir seleksiyon olduğu gözlenmektedir ($F_{göz} << F_{bek}$) (Tablo 3.91). Çeşitteki diğer alt ünitelerde ise yönlü bir seleksiyon söz konusudur ($F_{göz} >> F_{bek}$).

Tablo 3.91 Doğu Anadolu Bölgesi *Glu-D1* lokusu Ewens-Watterson nötralite testi (Manly [332]'ye göre)

Alt üniteler	Örnek sayısı	k	Gözl. F	Min. F	Mak. F	Ort*	SE*	L95*	U95*
2+12	28	**2**	**0.6750**	**0.5000**	**0.9356**	**0.7566**	**0.0253**	**0.5022**	**0.9356**
5+10	28	**2**	**0.6508**	**0.5000**	**0.9356**	**0.7534**	**0.0234**	**0.5022**	**0.9356**
3+12	28	2	0.9026	0.5000	0.9356	0.7513	0.0251	0.5022	0.9356
4+12	28	2	0.9669	0.5000	0.9356	0.7563	0.0241	0.5022	0.9356
2+12*	28	2	0.9345	0.5000	0.9356	0.7531	0.0251	0.5022	0.9356
12	28	2	0.9669	0.5000	0.9356	0.7568	0.0244	0.5022	0.9356
5	28	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
D(-)	28	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****

* Bu istatistik 1000 temsili örnek kullanılarak hesaplanmıştır.

Tablo 3.92 Doğu Anadolu Bölgesi *Glu-1* lokusu allellere Ewens-Watterson nötralite testi (Manly [332]'ye göre)

Alleller	Örnek sayısı	k	Gözl. F	Min. F	Mak. F	Ort*	SE*	L95*	U95*
null	28	**2**	**0.6278**	**0.5000**	**0.9356**	**0.7630**	**0.0248**	**0.5022**	**0.9356**
1	28	2	0.9669	0.5000	0.9356	0.7509	0.0248	0.5022	0.9356
2	28	**2**	**0.6278**	**0.5000**	**0.9356**	**0.7558**	**0.0251**	**0.5022**	**0.9356**
2*	28	**2**	**0.7821**	**0.5000**	**0.9356**	**0.7532**	**0.0250**	**0.5022**	**0.9356**
3	28	2	0.9026	0.5000	0.9356	0.7630	0.0243	0.5022	0.9356
4	28	2	0.9669	0.5000	0.9356	0.7629	0.0247	0.5022	0.9356
5	28	**2**	**0.6508**	**0.5000**	**0.9356**	**0.7574**	**0.0244**	**0.5022**	**0.9356**
6	28	2	0.9669	0.5000	0.9356	0.7555	0.0252	0.5022	0.9356
7	28	**2**	**0.5223**	**0.5000**	**0.9356**	**0.7568**	**0.0238**	**0.5022**	**0.9356**
7*	28	2	0.9345	0.5000	0.9356	0.7502	0.0242	0.5022	0.9356
8	28	**2**	**0.5046**	**0.5000**	**0.9356**	**0.7569**	**0.0252**	**0.5022**	**0.9356**
9	28	2	0.9669	0.5000	0.9356	0.7585	0.0247	0.5022	0.9356
10	28	**2**	**0.6508**	**0.5000**	**0.9356**	**0.7666**	**0.0237**	**0.5022**	**0.9356**
12	28	**2**	**0.5671**	**0.5000**	**0.9356**	**0.7618**	**0.0238**	**0.5022**	**0.9356**
12*	28	2	0.9345	0.5000	0.9356	0.7608	0.0244	0.5022	0.9356
13	28	2	0.9345	0.5000	0.9356	0.7523	0.0256	0.5022	0.9356
14	28	2	0.8714	0.5000	0.9356	0.7565	0.0248	0.5022	0.9356
15	28	2	0.9669	0.5000	0.9356	0.7549	0.0250	0.5022	0.9356
16	28	2	0.8409	0.5000	0.9356	0.7543	0.0251	0.5022	0.9356
17	28	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
18	28	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
20	28	2	0.8714	0.5000	0.9356	0.7659	0.0245	0.5022	0.9356

* Bu istatistik 1000 temsili örnek kullanılarak hesaplanmıştır.

Doğu Anadolu bölgesi *Glu-1* lokusu bireysel alleller bakımından bütün olarak değerlendirildiğinde Axnull, Ax2*, Dx2, Dx5, Bx7, By8, Dx10 ve Dy12 allelleri bakımından çeşitte dengelenmiş bir seleksiyon olduğu gözlenmektedir ($F_{göz} << F_{bek}$) (Tablo 3.92). Çeşitte *Glu-1* lokusundaki diğer allellerde yönlü bir seleksiyon söz konusudur ($F_{göz} >> F_{bek}$).

Doğu Anadolu bölgesi *Glu-1* lokusu bireysel alt üniteler bakımından bütün olarak değerlendirildiğinde Axnull, Ax2*, Bx7+By8, Bx20+By20, Dx2+Dy12 ve Dx5+Dy10 alt üniteleri bakımından çeşitte dengelenmiş bir seleksiyon olduğu gözlenmektedir ($F_{göz} << F_{bek}$) (Tablo 3.93). Çeşitte *Glu-1* lokusundaki diğer alt ünitelerde ise yönlü bir seleksiyon söz konusudur ($F_{göz} >> F_{bek}$).

Tablo 3.93 Doğu Anadolu Bölgesi *Glu-1* lokusu alt ünitelere göre Ewens-Watterson nötralite testi (Manly [332]'ye göre)

Alt Ünite	**n**	**k**	**Göz. F**	**Min. F**	**Mak. F**	**Ort.***	**Std. Hata***	**L95***	**U95***
Null	28	**2**	**0.5089**	**0.5000**	**0.9356**	**0.7584**	**0.0238**	**0.5022**	**0.9356**
1	28	2	0.9356	0.5000	0.9356	0.7599	0.0238	0.5022	0.9356
2*	28	**2**	**0.6422**	**0.5000**	**0.9356**	**0.7494**	**0.0235**	**0.5022**	**0.9356**
7+8	28	**2**	**0.5200**	**0.5000**	**0.9356**	**0.7609**	**0.0230**	**0.5022**	**0.9356**
14+15	28	2	0.9356	0.5000	0.9356	0.7556	0.0239	0.5022	0.9356
6+8	28	2	0.9356	0.5000	0.9356	0.7570	0.0240	0.5022	0.9356
14+16	28	2	0.8200	0.5000	0.9356	0.7500	0.0255	0.5022	0.9356
7+9	28	2	0.9356	0.5000	0.9356	0.7463	0.0253	0.5022	0.9356
7	28	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
7*+8	28	2	0.8756	0.5000	0.9356	0.7535	0.0252	0.5022	0.9356
20+20	28	**2**	**0.7689**	**0.5000**	**0.9356**	**0.7515**	**0.0243**	**0.5022**	**0.9356**
8	28	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
17+18	28	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13+16	28	2	0.8756	0.5000	0.9356	0.7488	0.0243	0.5022	0.9356
13	28	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13+15	28	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
9	28	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
2+12	28	**2**	**0.5356**	**0.5000**	**0.9356**	**0.7585**	**0.0246**	**0.5022**	**0.9356**
5+10	28	**2**	**0.5200**	**0.5000**	**0.9356**	**0.7583**	**0.0246**	**0.5022**	**0.9356**
3+12	28	2	0.8200	0.5000	0.9356	0.7638	0.0246	0.5022	0.9356
4+12	28	2	0.9356	0.5000	0.9356	0.7568	0.0250	0.5022	0.9356
2+12*	28	2	0.8756	0.5000	0.9356	0.7510	0.0248	0.5022	0.9356
12	28	2	0.9356	0.5000	0.9356	0.7579	0.0242	0.5022	0.9356
5	28	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
D(-)	28	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****

* Bu istatistik 1000 temsili örnek kullanılarak hesaplanmıştır.

3.8.7. Güneydoğu Anadolu Bölgesi çeşitlerinde Ewens-Watterson Nötralite testleri

Güneydoğu Anadolu bölgesi *Glu-A1* lokusu homozigotluk bakımından değerlendirildiğinde Axnull ve Ax2* allelleri bakımından çeşitte dengelenmiş bir seleksiyon olduğu gözlenmektedir ($F_{göz} << F_{bek}$) (Tablo 3.94). Çeşitte *Glu-A1* lokusundaki diğer allellerde yönlü bir seleksiyon söz konusudur ($F_{göz} >> F_{bek}$).

Tablo 3.94 Güneydoğu Anadolu Bölgesi *Glu-A1* lokusu Ewens-Watterson nötralite testi (Manly [332]'ye göre)

Alleller	Örnek sayısı	k	Gözl. F	Min. F	Mak. F	Ort*	SE*	L95*	U95*
Null	10	**2**	**0.5556**	**0.5000**	**0.8472**	**0.7017**	**0.0167**	**0.5000**	**0.8472**
1	10	2	0.8472	0.5000	0.8472	0.6965	0.0180	0.5000	0.8472
2*	10	**2**	**0.7222**	**0.5000**	**0.8472**	**0.6943**	**0.0171**	**0.5000**	**0.8472**

* Bu istatistik 1000 temsili örnek kullanılarak hesaplanmıştır.

Güneydoğu Anadolu bölgesi *Glu-B1* lokusu homozigotluk bakımından değerlendirildiğinde Bx7+By8 ve Bx20+By20 alt üniteleri bakımından çeşitte dengelenmiş bir seleksiyon olduğu gözlenmektedir ($F_{göz} << F_{bek}$) (Tablo 3.95). Çeşitteki diğer alt ünitelerde ise yönlü bir seleksiyon söz konusudur ($F_{göz} >> F_{bek}$).

Tablo 3.95 Güneydoğu Anadolu Bölgesi *Glu-B1* lokusu Ewens-Watterson nötralite testi (Manly [332]'ye göre)

Alt üniteler	Örnek sayısı	k	Gözl. F	Min. F	Mak. F	Ort*	SE*	L95*	U95*
7+8	10	**2**	**0.5858**	**0.5000**	**0.8472**	**0.6947**	**0.0175**	**0.5000**	**0.8472**
14+15	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
6+8	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
14+16	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
7+9	10	2	0.9185	0.5000	0.8472	0.7034	0.0174	0.5000	0.8472
7	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
7*+8	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
20+20	10	**2**	**0.5858**	**0.5000**	**0.8472**	**0.6888**	**0.0170**	**0.5000**	**0.8472**
8	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
17+18	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13+16	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13+15	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
9	10	2	0.8409	0.5000	0.8472	0.7019	0.0170	0.5000	0.8472

* Bu istatistik 1000 temsili örnek kullanılarak hesaplanmıştır.

Güneydoğu Anadolu bölgesi *Glu-D1* lokusu homozigotluk bakımından değerlendirildiğinde sadece Dx2+Dy12 alt ünitesi bakımından çeşitte dengelenmiş bir seleksiyon olduğu gözlenmektedir ($F_{göz} << F_{bek}$) (Tablo 3.96). Çeşitteki diğer alt ünitelerde ise yönlü bir seleksiyon söz konusudur ($F_{göz} >> F_{bek}$).

Tablo 3.96 Güneydoğu Anadolu Bölgesi *Glu-D1* lokusu Ewens-Watterson nötralite testi (Manly [332]'ye göre)

Alt üniteler	Örnek sayısı	k	Gözl. F	Min. F	Mak. F	Ort*	SE*	L95*	U95*
2+12	10	**2**	**0.5423**	**0.5000**	**0.8472**	**0.6900**	**0.0169**	**0.5000**	**0.8472**
5+10	10	2	0.7679	0.5000	0.8472	0.6983	0.0178	0.5000	0.8472
3+12	10	2	0.9185	0.5000	0.8472	0.6980	0.0177	0.5000	0.8472
4+12	10	2	0.9185	0.5000	0.8472	0.6947	0.0173	0.5000	0.8472
2+12*	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
12	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
5	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
D(-)	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****

* Bu istatistik 1000 temsili örnek kullanılarak hesaplanmıştır.

Güneydoğu Anadolu bölgesi *Glu-1* lokusu bireysel alleller bakımından bütün olarak değerlendirildiğinde Axnull, Dx2, Bx7, By8, Bx20 ve Dy12 allelleri bakımından çeşitte dengelenmiş bir seleksiyon olduğu gözlenmektedir ($F_{göz} << F_{bek}$) (Tablo 3.97). Çeşitte *Glu-1* lokusundaki diğer allellerde yönlü bir seleksiyon söz konusudur ($F_{göz} >> F_{bek}$).

Tablo 3.97 Güneydoğu Anadolu Bölgesi *Glu-1* lokusu allellere göre Ewens-Watterson nötralite testi (Manly [332]'ye göre)

Alleller	Örnek sayısı	k	Gözl. F	Min. F	Mak. F	Ort*	SE*	L95*	U95*
null	10	**2**	**0.7003**	**0.5000**	**0.8472**	**0.6888**	**0.0170**	**0.5000**	**0.8472**
1	10	2	0.9185	0.5000	0.8472	0.7019	0.0170	0.5000	0.8472
2	10	**2**	**0.5423**	**0.5000**	**0.8472**	**0.6974**	**0.0169**	**0.5000**	**0.8472**
2*	10	2	0.8409	0.5000	0.8472	0.6970	0.0172	0.5000	0.8472
3	10	2	0.9185	0.5000	0.8472	0.6967	0.0174	0.5000	0.8472
4	10	2	0.9185	0.5000	0.8472	0.6931	0.0178	0.5000	0.8472
5	10	2	0.7679	0.5000	0.8472	0.6964	0.0171	0.5000	0.8472
6	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
7	10	**2**	**0.5423**	**0.5000**	**0.8472**	**0.6982**	**0.0171**	**0.5000**	**0.8472**
7*	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
8	10	**2**	**0.5858**	**0.5000**	**0.8472**	**0.6938**	**0.0173**	**0.5000**	**0.8472**
9	10	2	0.7679	0.5000	0.8472	0.6924	0.0174	0.5000	0.8472
10	10	2	0.7679	0.5000	0.8472	0.7005	0.0173	0.5000	0.8472
12	10	**2**	**0.5000**	**0.5000**	**0.8472**	**0.6926**	**0.0171**	**0.5000**	**0.8472**
12*	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
14	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
15	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
16	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
17	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
18	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
20	10	**2**	**0.5858**	**0.5000**	**0.8472**	**0.6985**	**0.0171**	**0.5000**	**0.8472**

* Bu istatistik 1000 temsili örnek kullanılarak hesaplanmıştır.

Güneydoğu Anadolu bölgesi *Glu-1* lokusu bireysel alt üniteler bakımından bütün olarak değerlendirildiğinde Axnull, Ax2*, Bx7+By8, Bx20+By20, Dx2+Dy12 ve Dx5+Dy10 alt üniteleri bakımından çeşitte dengelenmiş bir seleksiyon olduğu gözlenmektedir

($F_{göz}$<< F_{bek}) (Tablo 3.98). Çeşitte *Glu-1* lokusundaki diğer alt ünitelerde ise yönlü bir seleksiyon söz konusudur ($F_{göz}$>> F_{bek}).

Tablo 3.98 Güneydoğu Anadolu Bölgesi *Glu-1* lokusu alt ünitelere göre Ewens-Watterson nötralite testi (Manly [332]'ye göre)

Alt Ünite	n	k	Göz. F	Min. F	Mak. F	Ort.*	SE*	L95*	U95*
Null	10	**2**	**0.5556**	**0.5000**	**0.8472**	**0.6930**	**0.0173**	**0.5000**	**0.8472**
1	10	2	0.8472	0.5000	0.8472	0.6930	0.0169	0.5000	0.8472
2*	10	**2**	**0.7222**	**0.5000**	**0.8472**	**0.7013**	**0.0176**	**0.5000**	**0.8472**
7+8	10	**2**	**0.5000**	**0.5000**	**0.8472**	**0.6987**	**0.0166**	**0.5000**	**0.8472**
14+15	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
6+8	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
14+16	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
7+9	10	2	0.8472	0.5000	0.8472	0.6915	0.0177	0.5000	0.8472
7	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
7*+8	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
20+20	10	**2**	**0.5000**	**0.5000**	**0.8472**	**0.7008**	**0.0179**	**0.5000**	**0.8472**
8	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
17+18	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13+16	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
13+15	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
9	10	2	0.7222	0.5000	0.8472	0.6913	0.0182	0.5000	0.8472
2+12	10	**2**	**0.5139**	**0.5000**	**0.8472**	**0.6945**	**0.0180**	**0.5000**	**0.8472**
5+10	10	**2**	**0.6250**	**0.5000**	**0.8472**	**0.7006**	**0.0172**	**0.5000**	**0.8472**
3+12	10	2	0.8472	0.5000	0.8472	0.6933	0.0174	0.5000	0.8472
4+12	10	2	0.8472	0.5000	0.8472	0.7013	0.0179	0.5000	0.8472
2+12*	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
12	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
5	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****
D(-)	10	1	1.0000	1.0000	1.0000	****	****	****	****

* Bu istatistik 1000 temsili örnek kullanılarak hesaplanmıştır.

3.8.8. Türkiye geneli tüm çeşitlerde Ewens-Watterson nötralite testleri

Türkiye geneli *Glu-1* lokusu tüm bireysel alt üniteler bakımından bütün olarak değerlendirildiğinde Axnull, Ax2*, Bx7+By8, Bx6+By8, Bx7+By9, Bx20+By20, Dx2+Dy12 ve Dx5+Dy10 alt üniteleri bakımından çeşitte dengelenmiş bir seleksiyon olduğu gözlenmektedir ($F_{göz} << F_{bek}$) (Tablo 3.99). Çeşitte *Glu-1* lokusundaki diğer alt ünitelerde ise yönlü bir seleksiyon söz konusudur ($F_{göz} >> F_{bek}$).

Tablo 3.99 Türkiye geneli tüm çeşitler ve tüm allellere göre *Glu-1* lokusu Ewens-Watterson nötralite testi (Manly [333]'ye göre)

Alt Ünite	n	k	Göz. F	Min. F	Mak. F	Ort.*	SE*	L95*	U95*
Null	116	**2**	**0.5782**	**0.5000**	**0.9846**	**0.8105**	**0.0288**	**0.5015**	**0.9846**
1	116	2	0.8440	0.5000	0.9846	0.8072	0.0288	0.5036	0.9846
2*	116	**2**	**0.6118**	**0.5000**	**0.9846**	**0.8140**	**0.0265**	**0.5036**	**0.9846**
7+8	116	**2**	**0.5036**	**0.5000**	**0.9846**	**0.8123**	**0.0277**	**0.5015**	**0.9846**
14+15	116	2	0.9846	0.5000	0.9846	0.8100	0.0289	0.5015	0.9846
6+8	116	**2**	**0.7827**	**0.5000**	**0.9846**	**0.8210**	**0.0264**	**0.5015**	**0.9846**
14+16	116	2	0.9255	0.5000	0.9846	0.8152	0.0281	0.5024	0.9846
7+9	116	**2**	**0.8065**	**0.5000**	**0.9846**	**0.8183**	**0.0282**	**0.5024**	**0.9846**
7	116	2	0.9695	0.5000	0.9846	0.8133	0.0288	0.5051	0.9846
7*+8	116	2	0.9695	0.5000	0.9846	0.8167	0.0276	0.5024	0.9846
20+20	116	**2**	**0.7380**	**0.5000**	**0.9846**	**0.8195**	**0.0285**	**0.5024**	**0.9846**
8	116	2	0.9399	0.5000	0.9846	0.8270	0.0270	0.5036	0.9846
17+18	116	2	0.9846	0.5000	0.9846	0.8180	0.0285	0.5036	0.9846
13+16	116	2	0.9695	0.5000	0.9846	0.8173	0.0285	0.5036	0.9846
13	116	2	0.9846	0.5000	0.9846	0.8119	0.0293	0.5024	0.9846
13+15	116	2	0.9695	0.5000	0.9846	0.8173	0.0286	0.5036	0.9846
9	116	2	0.9695	0.5000	0.9846	0.8284	0.0265	0.5024	0.9846
2+12	116	**2**	**0.5108**	**0.5000**	**0.9846**	**0.8207**	**0.0284**	**0.5036**	**0.9846**
5+10	116	**2**	**0.5976**	**0.5000**	**0.9846**	**0.8165**	**0.0289**	**0.5015**	**0.9846**
3+12	116	2	0.8570	0.5000	0.9846	0.8155	0.0279	0.5051	0.9846
4+12	116	2	0.9255	0.5000	0.9846	0.8195	0.0272	0.5036	0.9846
2+12*	116	2	0.9695	0.5000	0.9846	0.8178	0.0267	0.5036	0.9846
12	116	2	0.9846	0.5000	0.9846	0.8178	0.0267	0.5036	0.9846
5	116	2	0.9846	0.5000	0.9846	0.8156	0.0281	0.5015	0.9846
D(-)	116	2	0.9846	0.5000	0.9846	0.8098	0.0276	0.5036	0.9846

3.9. Grup Populasyon Tanımlayıcı İstatistikleri

3.9.1. Türkiye geneli *Glu-1* lokusu bireysel allel ve alt ünite frekansları

Türkiye geneli *Glu-1* lokusu alt ünite frekansları Tablo 3.100'de verilmiştir. Türkiye genelinde en yüksek frekansta gözlenen alt ünite %36.02 frekans ile Dx2+Dy12 alt ünitesi olmuştur. Bunu %32.71 frekans ile Bx7+By8 ve %30.23 frekans ile de Axnull alt üniteleri izlemektedir. Bx14+By15, Bx17+By18, Bx13, Dx12 ve Dx5 alt üniteleri ise en düşük frekansta (%0.39) gözlenen alt üniteler olmuştur.

Tablo 3.100 Türkiye geneli *Glu-1* lokusu alt ünite frekansları

Glu-A1		*Glu-B1*		*Glu-D1*	
Null	30.23	7+8	32.71	2+12	36.02
1	8.53	14+15	0.39	5+10	15.45
2*	26.36	6+8	6.68	3+12	3.99
		14+16	2.00	4+12	1.97
		7+9	5.74	2+12*	0.79
		7	0.79	12	0.39
		7*+8	0.79	5	0.39
		20+20	8.38	D(-)	0.40
		8	1.59		
		17+18	0.39		
		13+16	0.79		
		13	0.39		
		13+15	0.79		
		9	0.81		

Türkiye geneli çalışılan çeşitlerde *Glu-1* lokusunda görülen allel polimorfizmi ve bu allellerin görülme sıklıkları Tablo 3.101'de verilmiştir. Elde edilen verilere göre en yüksek sıklıkla gözlenen allel %48.9 frekans ile By8 alleli olmuştur. Bu alleli %46.88 frekans ile Dy12, %42.40 frekans ile Bx7 ve %37.03 frekans ile Dx2 allelleri takip etmiştir. Türkiye genelinde en seyrek görülen alleller ise %0.39 frekans ile Bx17 ve By18 allelleri, %0.79 frekans ile de Bx7* ve Dy12* allelleri olmuştur.

Tablo 3.101 Türkiye geneli *Glu-1* lokusu bireysel allel frekansları

Alleller	Null	1	2	2*	3	4	5	6	7	7*	8
% frekans	16.88	4.42	37.03	14.46	3.99	1.97	16.02	7.09	42.40	0.8	48.9

Alleller	9	10	12	12*	13	14	15	16	17	18	20
% frekans	6.59	15.45	46.88	0.79	1.99	2.41	1.18	3.23	0.39	0.4	8.4

3.9.2. Türkiye geneli *Glu-1* lokusu genetik varyasyon analizleri

Türkiye genelinde çalışılan çeşitlerde *Glu-A1* lokusunda ortalama gen çeşitliliği (h) 0.3220 ± 0.1448 olarak bulunmuştur (Tablo 3.102). Bu oran Axnull alt ünitesinde

0.4218 iken Ax2* alt ünitesinde 0.3882 olarak tespit edilmiştir. Türkiye genelinde Lewontin [331]'e göre Shannon Bilgi indeksi (genetik benzerlik oranı) (I) ortalama 0.4937 ± 0.1761 olarak bulunmuştur. Bu oran Axnull alt ünitesinde 0.6128, Ax2* alt ünitesinde 0.5768 ve Ax1 alt ünitesinde de 0.2915 olarak belirlenmiştir.

Tablo 3.102 Türkiye geneli *Glu-A1* lokusu genetik varyasyon analizi. Nei [329]'ye göre.

Alleller	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
null	116	2.0000	1.7297	0.4218	0.6128
1	116	2.0000	1.1848	0.1560	0.2915
2*	116	2.0000	1.6345	0.3882	0.5768
Ort	116	2.0000	1.5163	0.3220	0.4937
Std. Sapma		0.0000	0.2910	0.1448	0.1761

* Na = Allellerin gözlenme sayısı
* Ne = Allellerin etki sayısı [Kimura and Crow [330]'a göre]
* h = Nei's [350] gen çeşitliliği
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]

Türkiye genelinde çalışılan çeşitlerde *Glu-B1* lokusunda ortalama gen çeşitliliği (h) 0.0714 ± 0.1168 olarak bulunmuştur (Tablo 3.103). Bu oran Bx7+By8 alt ünitesinde 0.4402 iken Bx20+By20 alt ünitesinde 0.1535 olarak tespit edilmiştir. Türkiye genelinde Lewontin [331]'e göre Shannon Bilgi indeksi (genetik benzerlik oranı) (I) ortalama 0.1338 ± 0.1685 olarak bulunmuştur. Bu oran Bx7+By8 alt ünitesinde 0.6321 iken Bx20+By20 alt ünitesinde 0.2879 olarak belirlenmiştir.

Tablo 3.103 Türkiye geneli *Glu-B1* lokusu genetik varyasyon analizi. Nei [329]'ye göre.

Alt üniteler	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
7+8	116	2.0000	1.7864	0.4402	0.6321
14+15	116	2.0000	1.0078	0.0078	0.0256
6+8	116	2.0000	1.1424	0.1246	0.2452
14+16	116	2.0000	1.0408	0.0392	0.0980
7+9	116	2.0000	1.1214	0.1082	0.2198
7	116	2.0000	1.0159	0.0157	0.0461
7*+8	116	2.0000	1.0159	0.0156	0.0460
20+20	116	2.0000	1.1813	0.1535	0.2879
8	116	2.0000	1.0322	0.0312	0.0814
17+18	116	2.0000	1.0079	0.0079	0.0258
13+16	116	2.0000	1.0159	0.0156	0.0460
13	116	2.0000	1.0079	0.0079	0.0258
13+15	116	2.0000	1.0159	0.0157	0.0461
9	116	2.0000	1.0163	0.0161	0.0471
Ort	116	2.0000	1.1006	0.0714	0.1338
Std. Sapma		0.0000	0.2055	0.1168	0.1685

* Na = Allellerin gözlenme sayısı
* Ne = Allellerin etki sayısı [Kimura and Crow [330]'a göre]
* h = Nei's [350] gen çeşitliliği
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]

Türkiye genelinde çalışılan çeşitlerde *Glu-D1* lokusunda ortalama gen çeşitliliği (h) 0.1096 ± 0.1658 olarak bulunmuştur (Tablo 3.104). Bu oran Dx2+Dy12 alt ünitesinde 0.4609 iken Dx5+Dy10 alt ünitesinde 0.2613 olarak tespit edilmiştir. Türkiye genelinde Lewontin [331]'e göre Shannon Bilgi indeksi (genetik benzerlik oranı) (I) ortalama 0.1840 ± 0.2340 olarak bulunmuştur. Bu oran Dx2+Dy12 alt ünitesinde 0.6536 iken Dx5+Dy10 alt ünitesinde 0.4305 olarak belirlenmiştir.

Tablo 3.104. Türkiye geneli *Glu-D1* lokusu genetik varyasyon analizi. Nei [329]'ye göre.

Alleller	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
2+12	116	2.0000	1.8551	0.4609	0.6536
5+10	116	2.0000	1.3538	0.2613	0.4305
3+12	116	2.0000	1.0830	0.0767	0.1677
4+12	116	2.0000	1.0401	0.0386	0.0968
2+12*	116	2.0000	1.0159	0.0156	0.0460
12	116	2.0000	1.0078	0.0078	0.0256
5	116	2.0000	1.0079	0.0079	0.0258
D(-)	116	2.0000	1.0080	0.0079	0.0259
Ort	116	2.0000	1.1715	0.1096	0.1840
Std. Sapma		0.0000	0.3000	0.1658	0.2340

* Na = Allellerin gözlenme sayısı
* Ne = Allellerin etki sayısı [Kimura and Crow [330]'a göre]
* h = Nei's [350] gen çeşitliliği
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]

Türkiye genelinde çalışılan çeşitlerde *Glu-1* lokusunda alleller bazında ortalama gen çeşitliliği (h) 0.1745 ± 0.1752 olarak bulunmuştur (Tablo 3.105). Bu oran By8 ve Dx12 allellerinde 0.4981, Bx7 allelinde 0.4884, Dx2 allelinde 0.4663 ile en yüksek orana sahiptir. Bx17 ve By18 allellerinde ise 0.0079 oranı ile en düşük seviyede gözlenmiştir.

Türkiye genelinde bireysel alleller bazında Lewontin [331]'e göre Shannon Bilgi indeksi (genetik benzerlik oranı) (I) ortalama 0.2844 ± 0.2354 olarak bulunmuştur. Bu oran By8 ve Dx12 allellerinde 0.6929, Bx7 allelinde 0.6815, Dx2 allelinde 0.6591 ile en yüksek değere sahiptir. Bx17 ve By18 allellerinde ise 0.0258 oranı ile en düşük seviyede gözlenmiştir.

Tablo 3.105 Türkiye geneli *Glu-1* lokusu alleller bazında genetik varyasyon analizi. Nei [329]'ye göre.

Alleller	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
null	116	2.0000	1.3900	0.2806	0.4539
1	116	2.0000	1.0923	0.0845	0.1811
2	116	2.0000	1.8738	0.4663	0.6591
2*	116	2.0000	1.3287	0.2474	0.4133
3	116	2.0000	1.0830	0.0767	0.1677
4	116	2.0000	1.0401	0.0386	0.0968
5	116	2.0000	1.3682	0.2691	0.4401
6	116	2.0000	1.1518	0.1318	0.2561
7	116	2.0000	1.9548	0.4884	0.6815
7*	116	2.0000	1.0159	0.0156	0.0460
8	116	2.0000	1.9990	0.4997	0.6929
9	116	2.0000	1.1404	0.1231	0.2430
10	116	2.0000	1.3538	0.2613	0.4305
12	116	2.0000	1.9923	0.4981	0.6912
12*	116	2.0000	1.0159	0.0156	0.0460
13	116	2.0000	1.0405	0.0389	0.0975
14	116	2.0000	1.0494	0.0471	0.1136
15	116	2.0000	1.0239	0.0233	0.0641
16	116	2.0000	1.0666	0.0625	0.1426
17	116	2.0000	1.0079	0.0079	0.0258
18	116	2.0000	1.0079	0.0079	0.0258
20	116	2.0000	1.1813	0.1535	0.2879
Ort	116	2.0000	1.2808	0.1745	0.2844
Std. Sapma	-	0.0000	0.3482	0.1752	0.2354

* Na = Allellerin gözlenme sayısı
* Ne = Allellerin etki sayısı [Kimura and Crow [330]'a göre]
* h = Nei's [350] gen çeşitliliği
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]

Türkiye genelinde çalışılan çeşitler *Glu-1* lokusu bireysel alt üniteler bakımından bütün olarak değerlendirildiğinde ortalama gen çeşitliliği (h) 0.1462 ± 0.1661 olarak bulunmuştur (Tablo 3.106). Bu oran Bx7+By8 alt ünitesi için 0.4964, Ax2* alt

ünitesinde 0.3882, Axnull alt ünitesinde 0.4218 ve Dx5+Dy10 alt ünitesi için de 0.4024 olarak belirlenmiştir. Türkiye genelinde bireysel alt üniteler arasında genetik benzerlik oranı (I) 0.2434 ± 0.2278 olarak bulunmuştur. Bu oran Bx7+By8 alt ünitesi için 0.6895, Ax2* alt ünitesinde 0.5768, Axnull alt ünitesinde 0.6128 ve Dx5+Dy10 alt ünitesi için de 0.5921 olarak belirlenmiştir.

Tablo 3. 106 Türkiye geneli *Glu-1* lokusu alt üniteler bazında genetik varyasyon analizi. Nei [329]'ye göre.

Alt ünite	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
Null	116	2.0000	1.7297	0.4218	0.6128
1	116	2.0000	1.1848	0.1560	0.2915
2*	116	2.0000	1.6345	0.3882	0.5768
7+8	116	2.0000	1.9856	0.4964	0.6895
14+15	116	2.0000	1.0156	0.0154	0.0454
6+8	116	2.0000	1.2776	0.2173	0.3749
14+16	116	2.0000	1.0805	0.0745	0.1640
7+9	116	2.0000	1.2399	0.1935	0.3434
7	116	2.0000	1.0315	0.0305	0.0800
7*+8	116	2.0000	1.0315	0.0305	0.0800
20+20	116	2.0000	1.3550	0.2620	0.4314
8	116	2.0000	1.0639	0.0601	0.1382
17+18	116	2.0000	1.0156	0.0154	0.0454
13+16	116	2.0000	1.0315	0.0305	0.0800
13	116	2.0000	1.0156	0.0154	0.0454
13+15	116	2.0000	1.0315	0.0305	0.0800
9	116	2.0000	1.0315	0.0305	0.0800
2+12	116	2.0000	1.9575	0.4892	0.6823
5+10	116	2.0000	1.6733	0.4024	0.5921
3+12	116	2.0000	1.1669	0.1430	0.2727
4+12	116	2.0000	1.0805	0.0745	0.1640
2+12*	116	2.0000	1.0315	0.0305	0.0800
12	116	2.0000	1.0156	0.0154	0.0454
5	116	2.0000	1.0156	0.0154	0.0454
D(-)	116	2.0000	1.0156	0.0154	0.0454
Ortalama	116	2.0000	1.2285	0.1462	0.2434
Std. Sapma		0.0000	0.3108	0.1661	0.2278

* Na = Allellerin gözlenme sayısı
* Ne = Allellerin etki sayısı [Kimura and Crow [330]'a göre]
* h = Nei's [350] gen çeşitliliği
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]

3.10. Alt çeşitlerde genetik çeşitlilik analizleri

Türkiye geneli çalışılan çeşitlerde *Glu-A1* lokusunda ortalama genetik çeşitlilik (Ht) 0.3287 ± 0.0154 olarak bulunmuştur. *Glu-A1* lokusunda ortalama genetik çeşitlilik en yüksek Axnull alt ünitesinde (0.4187), en düşük ise Ax1 alt ünitesinde (0.1874) gözlenmiştir (Tablo 3.107).

Türkiye geneli çalışılan çeşitlerde *Glu-A1* lokusunda çeşitler içerisinde ortalama genetik çeşitlilik (Hs) 0.3026 ± 0.0117 olarak bulunmuştur. *Glu-A1* lokusunda çeşitler içerisinde en yüksek genetik çeşitlilik Axnull alt ünitesinde (0.3819), en düşük genetik çeşitlilik ise Ax1 alt ünitesinde (0.1795) gözlenmiştir (Tablo 3.107).

Türkiye geneli çalışılan çeşitlerde *Glu-A1* lokusunda çeşitler arasında genetik çeşitlilik (Gst) 0.0793 olarak bulunmuştur. *Glu-A1* lokusunda çeşitler arsında Axnull alt üniteleri genetik çeşitliliği 0.0880, Ax2* alt ünitesi genetik çeşitliliği 0.0881 ve Ax1 alt ünitesi genetik çeşitliliği de 0.0420 olarak hesaplanmıştır (Tablo 3.107).

Glu-A1 lokusunda çeşitler arası gen akışı tahmini (Nm) ortalama 5.8029 olarak hesaplanmıştır. Bu tahmin Ax1 alt ünitesinde 11.3976 ile diğer alt ünitelere oranla oldukça yüksek bulunmuştur (Tablo 3.107).

Glu-A1 lokusunda alt çeşitler arasında polimorfizm oranı %100 olarak bulunmuştur.

Tablo 3.107 Türkiye geneli *Glu-A1* lokusu alt çeşitlerde Nei's gen çeşitlilik analizi (Nei [335]'ye göre)

Alleller	Örnek sayısı	Ht	Hs	Gst	Nm*
null	116	0.4187	0.3819	0.0880	5.1796
1	116	0.1874	0.1795	0.0420	11.3976
2*	116	0.3800	0.3466	0.0881	5.1733
Ort	116	0.3287	0.3026	0.0793	5.8029
Std. Sapma		0.0154	0.0117		

Ht: ortalama genetik çeşitlilik
Hs: populasyon içinde genetik çeşitlilik
Gst: çeşitler arasında genetik çeşitlilik
Nm = çeşitler arası gen akışı
*Nm = 0.5(1 - Gst)/Gst (McDermott ve McDonald [353]'a göre)
Polimorfik bölge sayısı : 3
Polimorfik bölgelerin % : 100.00

Türkiye genelinde *Glu-B1* lokusunda ortalama genetik çeşitlilik (Ht) 0.0726 ± 0.0135 olarak bulunmuştur. *Glu-B1* lokusunda ortalama genetik çeşitlilik en yüksek Bx7+By8 alt ünitesinde (0.4332), en düşük ise Bx14+By15 alt ünitesinde (0.0048) gözlenmiştir (Tablo 3.108).

Glu-B1 lokusunda çeşitler içerisinde ortalama genetik çeşitlilik (Hs) 0.0692 ± 0.0127 olarak bulunmuştur. *Glu-B1* lokusunda çeşitler içerisinde en yüksek genetik çeşitlilik Bx7+By8 alt ünitesinde (0.4223), en düşük genetik çeşitlilik ise Bx14+By15 alt ünitesinde (0.0047) gözlenmiştir (Tablo 3.108).

Glu-B1 lokusunda çeşitler arasında genetik çeşitlilik (Gst) 0.0471 olarak bulunmuştur. *Glu-B1* lokusunda çeşitler arsında Bx6+By8 ve Bx20+By20 alt üniteleri genetik çeşitliliği 0.0800, By9 alt ünitesi genetik çeşitliliği 0.0756 ve Bx7+By9 alt ünitesi genetik çeşitliliği de 0.0623 olarak hesaplanmıştır (Tablo 3.108).

Glu-B1 lokusunda çeşitler arası gen akışı tahmini (Nm) ortalama 10.1253 olarak hesaplanmıştır. Bu tahmin Bx14+By15 alt ünitesinde 34.1225 ile diğer alt ünitelere oranla oldukça yüksek bulunmuştur (Tablo 3.108).

Glu-B1 lokusunda alt çeşitler arasında polimorfizm oranı %100 olarak bulunmuştur.

Tablo 3.108 Türkiye geneli *Glu-B1* lokusu alt çeşitlerde Nei's gen çeşitlilik analizi (Nei [335]'ye göre)

Alt üniteler	Örnek sayısı	Ht	Hs	Gst	Nm*
7+8	116	0.4332	0.4223	0.0250	19.5302
14+15	116	0.0048	0.0047	0.0144	34.1225
6+8	116	0.1103	0.1014	0.0800	5.7539
14+16	116	0.0352	0.0335	0.0478	9.9692
7+9	116	0.1159	0.1087	0.0623	7.5278
7	116	0.0199	0.0194	0.0254	19.1852
7*+8	116	0.0096	0.0094	0.0292	16.6200
20+20	116	0.1789	0.1645	0.0800	5.7512
8	116	0.0349	0.0340	0.0261	18.6535
17+18	116	0.0096	0.0094	0.0292	16.6200
13+16	116	0.0096	0.0094	0.0292	16.6200
13	116	0.0096	0.0094	0.0292	16.6200
13+15	116	0.0199	0.0194	0.0254	19.1852
9	116	0.0246	0.0227	0.0756	6.1117
Ort	116	0.0726	0.0692	0.0471	10.1253
Std. Sapma		0.0135	0.0127		

Ht: ortalama genetik çeşitlilik
Hs: populasyon içinde genetik çeşitlilik
Gst: çeşitler arasında genetik çeşitlilik
Nm = çeşitler arası gen akışı
*Nm = 0.5(1 - Gst)/Gst (McDermott ve McDonald [353]'a göre)
Polimorfik bölge sayısı : 14
Polimorfik bölgelerin yüzdesi : 100.00 %

Türkiye genelinde *Glu-D1* lokusunda ortalama genetik çeşitlilik (Ht) 0.1095 ± 0.0276 olarak bulunmuştur. *Glu-D1* lokusunda ortalama genetik çeşitlilik en yüksek Dx2+Dy12 alt ünitesinde (0.4650), en düşük ise Dy12 alt ünitesinde (0.0048) gözlenmiştir (Tablo 3.109).

Glu-D1 lokusunda çeşitler içerisinde ortalama genetik çeşitlilik (Hs) 0.1031 ± 0.0238 olarak bulunmuştur. *Glu-D1* lokusunda çeşitler içerisinde en yüksek genetik çeşitlilik

Dx2+Dy12 alt ünitesinde (0.4307), en düşük genetik çeşitlilik ise Dy12 alt ünitesinde (0.0047) gözlenmiştir (Tablo 3.109).

Glu-D1 lokusunda çeşitler arasında genetik çeşitlilik (Gst) 0.0586 olarak bulunmuştur. *Glu-D1* lokusunda çeşitler arasında Dx2+Dy12 alt ünitesi genetik çeşitliliği 0.0738, Dx5+Dy10 alt ünitesi genetik çeşitliliği 0.0522 ve Dx5 alt ünitesi genetik çeşitliliği de 0.0313 olarak hesaplanmıştır (Tablo 3.109).

Glu-D1 lokusunda çeşitler arası gen akışı tahmini (Nm) ortalama 8.0394 olarak hesaplanmıştır. Bu tahmin Dx4+Dy12 alt ünitesinde 35.3333 ile diğer alt ünitelere oranla oldukça yüksek bulunmuştur (Tablo 3.109). *Glu-D1* lokusunda alt çeşitler arasında polimorfizm oranı %100 olarak bulunmuştur.

Tablo 3.109 Türkiye geneli *Glu-D1* lokusu alt çeşitlerde Nei's gen çeşitlilik analizi (Nei [335]'ye göre)

Alt üniteler	Örnek sayısı	Ht	Hs	Gst	Nm*
2+12	116	0.4650	0.4307	0.0738	6.2766
5+10	116	0.2546	0.2413	0.0522	9.0817
3+12	116	0.0764	0.0745	0.0250	19.5196
4+12	116	0.0421	0.0415	0.0140	35.3333
2+12*	116	0.0096	0.0094	0.0292	16.6200
12	116	0.0048	0.0047	0.0144	34.1225
5	116	0.0103	0.0100	0.0313	15.4529
D(-)	116	0.0132	0.0127	0.0402	11.9514
Ort	116	0.1095	0.1031	0.0586	8.0394
Std. Sapma		0.0276	0.0238		

Ht: ortalama genetik çeşitlilik
Hs: populasyon içinde genetik çeşitlilik
Gst: çeşitler arasında genetik çeşitlilik
Nm = çeşitler arası gen akışı
*Nm = 0.5(1 - Gst)/Gst (McDermott ve McDonald [353]'a göre)
Polimorfik bölge sayısı : 8
Polimorfik bölgelerin % : 100.00

Türkiye geneli çalışılan çeşitlerde *Glu-1* lokusunda bireysel allellere göre ortalama genetik çeşitlilik (Ht) 0.1751 ± 0.0305 olarak bulunmuştur. *Glu-1* lokusunda ortalama genetik çeşitlilik Dy12 allelinde 0.4990, By8 allelinde 0.4974, Bx7 allelinde 0.4878,

Dx2 allelinde ise 0.4682 olarak bulunmuş, en düşük ise Bx7*, Dy12*, Bx17 ve By18 allellerinde (0.0094) tespit edilmiştir (Tablo 3.110).

Tablo 3.110 Türkiye geneli *Glu-1* lokusu alt çeşitlerde allellere göre Nei's gen çeşitlilik analizi (Nei [335]'ye göre)

Alleller	Örnek sayısı	Ht	Hs	Gst	Nm*
null	116	0.2772	0.2644	0.0462	10.3297
1	116	0.1028	0.1006	0.0211	23.2135
2	116	0.4682	0.4374	0.0657	7.1151
2*	116	0.2414	0.2294	0.0498	9.5475
3	116	0.0764	0.0745	0.0250	19.5196
4	116	0.0421	0.0415	0.0140	35.3333
5	116	0.2650	0.2468	0.0689	6.7599
6	116	0.1225	0.1134	0.0740	6.2566
7	116	0.4878	0.4844	0.0071	69.5962
7*	116	0.0096	0.0094	0.0292	16.6200
8	116	0.4974	0.4366	0.1222	3.5930
9	116	0.1385	0.1302	0.0597	7.8788
10	116	0.2546	0.2413	0.0522	9.0817
12	116	0.4990	0.4585	0.0812	5.6593
12*	116	0.0096	0.0094	0.0292	16.6200
13	116	0.0390	0.0377	0.0327	14.7838
14	116	0.0401	0.0380	0.0523	9.0573
15	116	0.0246	0.0241	0.0194	25.2217
16	116	0.0576	0.0550	0.0451	10.5952
17	116	0.0096	0.0094	0.0292	16.6200
18	116	0.0096	0.0094	0.0292	16.6200
20	116	0.1789	0.1645	0.0800	5.7512
Ort	116	0.1751	0.1644	0.0612	7.6702
Std. Sapma	-	0.0305	0.0264		

Ht: ortalama genetik çeşitlilik
Hs: populasyon içinde genetik çeşitlilik
Gst: çeşitler arasında genetik çeşitlilik
Nm = çeşitler arası gen akışı
*Nm = 0.5(1 - Gst)/Gst (McDermott ve McDonald [353]'a göre)
Polimorfik bölge sayısı : 22
Polimorfik bölgelerin % : 100.00

Glu-1 lokusunda bireysel allellere göre çeşitler içerisinde ortalama genetik çeşitlilik (Hs) 0.1644 ± 0.0264 olarak bulunmuştur. *Glu-1* lokusunda çeşitler içerisinde en yüksek genetik çeşitlilik Bx7 allelinde (0.4844), en düşük genetik çeşitlilik ise Bx7*, Dy12*, Bx17 ve By18 allellerinde (0.0094) gözlenmiştir (Tablo 3.110).

Glu-1 lokusunda bireysel allellere göre çeşitler arasında genetik çeşitlilik (Gst) 0.0612 olarak bulunmuştur. *Glu-1* lokusunda çeşitler arasında By8 allelinde genetik çeşitlilik 0.1222, Dy12 alleli genetik çeşitliliği 0.0812, Bx20 be By20 allellerinde 0.0800 ve Bx7 alleli genetik çeşitliliği de 0.0071 olarak hesaplanmıştır (Tablo 3.110).

Glu-1 lokusunda bireysel allellere göre çeşitler arası gen akışı tahmini (Nm) ortalama 7.6702 olarak hesaplanmıştır. Bu tahmin Bx7 allelinde 69.5962 ile diğer allellere oranla oldukça yüksek bulunmuştur (Tablo 3.110). *Glu-1* lokusunda bireysel allellere göre alt çeşitler arasında polimorfizm oranı %100 olarak bulunmuştur.

Türkiye genelinde *Glu-1* lokusunda bireysel alt ünitelere göre ortalama genetik çeşitlilik (Ht) 0.1481 ± 0.0275 olarak bulunmuştur. *Glu-1* lokusunda ortalama genetik çeşitlilik Bx7+By8 alt ünitesinde 0.4984, Dx2+Dy12 alt ünitesinde 0.4862, Bx14+By15 ve Dy12 alt ünitelerinde ise 0.0095 olarak bulunmuştur (Tablo 3.111).

Glu-1 lokusunda bireysel alt ünitelere göre çeşitler içerisinde ortalama genetik çeşitlilik (Hs) 0.1354 ± 0.0230 olarak bulunmuştur. *Glu-1* lokusunda çeşitler içerisinde en yüksek genetik çeşitlilik Bx7+By8 (0.4753) ve Dx2+Dy12 (0.4399) alt ünitelerinde, en düşük genetik çeşitlilik ise Bx14+By15 ve Dy12 alt ünitelerinde (0.0092) gözlenmiştir (Tablo 3.111).

Glu-1 lokusunda bireysel alt ünitelere göre çeşitler arasında genetik çeşitlilik (Gst) 0.0855 olarak bulunmuştur. *Glu-1* lokusunda çeşitler arasında Bx6+By8 alt ünitesinde genetik çeşitlilik 0.1511, By9 alt ünitesi genetik çeşitliliği 0.1463, Bx20+By20 alt ünitelerinde 0.1351 ve Dx4+Dy12 alt ünitesi genetik çeşitliliği de 0.0277 olarak hesaplanmıştır (Tablo 3.111). *Glu-1* lokusunda bireysel alt ünitelere göre çeşitler arası gen akışı tahmini (Nm) ortalama 5.3509 olarak hesaplanmıştır. Bu tahmin Dx4+Dy12 alt ünitesinde 17.5387, Bx14+By15 ve Dy12 alt ünitelerinde de 16.9167 ile diğer allellere oranla daha yüksek bulunmuştur (Tablo 3.111). *Glu-1* lokusunda bireysel alt ünitelere göre alt çeşitler arasında polimorfizm oranı %100 olarak bulunmuştur.

Tablo 3.111 Türkiye geneli *Glu-1* lokusu alt çeşitlerde alt ünitelere göre Nei's gen çeşitlilik analizi (Nei [335]'ye göre)

Alt ünite	Örnek sayısı	Ht	Hs	Gst	Nm*
Null	116	0.4187	0.3819	0.0880	5.1796
1	116	0.1874	0.1795	0.0420	11.3976
2*	116	0.3800	0.3466	0.0881	5.1733
7+8	116	0.4984	0.4753	0.0464	10.2749
14+15	116	0.0095	0.0092	0.0287	16.9167
6+8	116	0.1947	0.1653	0.1511	2.8084
14+16	116	0.0670	0.0607	0.0938	4.8322
7+9	116	0.2053	0.1821	0.1127	3.9364
7	116	0.0387	0.0367	0.0504	9.4214
7*+8	116	0.0189	0.0178	0.0577	8.1667
20+20	116	0.2972	0.2570	0.1351	3.2007
8	116	0.0671	0.0636	0.0518	9.1536
17+18	116	0.0189	0.0178	0.0577	8.1667
13+16	116	0.0189	0.0178	0.0577	8.1667
13	116	0.0189	0.0178	0.0577	8.1667
13+15	116	0.0387	0.0367	0.0504	9.4214
9	116	0.0465	0.0397	0.1463	2.9167
2+12	116	0.4862	0.4399	0.0953	4.7473
5+10	116	0.3946	0.3575	0.0940	4.8208
3+12	116	0.1421	0.1352	0.0491	9.6817
4+12	116	0.0810	0.0787	0.0277	17.5387
2+12*	116	0.0189	0.0178	0.0577	8.1667
12	116	0.0095	0.0092	0.0287	16.9167
5	116	0.0202	0.0190	0.0619	7.5833
D(-)	116	0.0256	0.0236	0.0789	5.8333
Ortalama	116	0.1481	0.1354	0.0855	5.3509
Std. Sapma		0.0275	0.0230		

Ht: ortalama genetik çeşitlilik, Hs: populasyon içinde genetik çeşitlilik,
Gst: çeşitler arasında genetik çeşitlilik, Nm = çeşitler arası gen akışı
*Nm = 0.5(1 - Gst)/Gst (McDermott ve McDonald [353]'a göre)
Polimorfik bölge sayısı : 25; Polimorfik bölgelerin % : 100.00

3.11. Çeşitler arası genetik benzerlik ve genetik mesafe analizleri

Bir kromozom üzerinde bulunan genler birbirine ne kadar yakın ise aralarında krosing-over olma olasılığı o kadar azalmaktadır. İki gen arasındaki mesafe arttıkça iki gen arasında krosing-over olma olasılığı da artmaktadır [354]. İki gen arasındaki krosing-over oranı kullanılarak bu iki genin arasındaki mesafe tahmin edilebilmektedir. Krosing-over sonucu iki gen arasında bulunan mesafe harita birimi olarak ifade edilir ve bir harita birimi %1 θ'ya eşittir.

Harita birimi olarak Thomas Hunt Morgan'a ithafen Morgan (M) kullanılmaktadır ve %1 (0.01) θ, 1 centimorgan (1 cM) olarak ifade edilmektedir. Fiziksel olarak 1 cM yaklaşık 1 milyon baz çiftini ifade etmektedir ve her 100 mayoz bölünmede 1 rekombinasyon olayının olduğunu göstermektedir [355, 356].

3.11.1. Nei'nin orjinal ölçümüne göre genetik benzerlik ve genetik mesafe analizleri

Glu-A1 lokusu genetik benzerlik verileri incelendiği zaman en yüksek benzerlik Akdeniz bölgesi ile Güneydoğu Anadolu bölgesi arasında (0.9938), en düşük benzerlik ise Marmara bölgesi ile Ege bölgesi arasında (0.8388) gözlenmiştir (Tablo 3.112).

Bölgesel çeşitler *Glu-A1* lokusuna göre genetik mesafe açısından incelendiği zaman Marmara bölgesi ile Ege bölgesi arasında 0.1758 ile en yüksek genetik mesafe tespit edilmiştir. Akdeniz bölgesi ile Güneydoğu Anadolu bölgesi arasındaki genetik mesafe ise en düşük seviyede (0.0062) bulunmuştur.

Tablo 3.112 Türkiye Geneli *Glu-A1* Lokusu Genetik Benzerlik (üst diagonal) ve Genetik Mesafeleri (alt diagonal) (Nei'nin orjinal ölçümüne göre) [336]

Populasyon İsmi	Marmara Böl.	Ege Böl.	Akdeniz Böl.	İç Anadolu Böl.	Karadeniz Böl.	Doğu Anad. Böl.	Güneydoğu Anad. Böl.
Marmara Böl.	****	**0.8388**	0.9310	0.9751	0.9406	0.8983	0.9137
Ege Böl.	**0.1758**	****	0.9749	0.9167	0.9666	0.9817	0.9858
Akdeniz Böl.	0.0715	0.0254	****	0.9704	0.9866	0.9755	**0.9938**
İç Anadolu Böl.	0.0252	0.0870	0.0300	****	0.9701	0.9590	0.9707
Karadeniz Böl.	0.0612	0.0339	0.0135	0.0304	****	0.9885	0.9880
Doğu Anad. Böl.	0.1072	0.0184	0.0248	0.0419	0.0116	****	0.9920
Güneydoğu Anad. Böl.	0.0902	0.0143	**0.0062**	0.0297	0.0121	0.0080	****

Glu-B1 lokusu genetik benzerlik verileri incelendiği zaman en yüksek benzerlik Akdeniz bölgesi ile Doğu Anadolu bölgesi arasında (0.9993), en düşük benzerlik ise Marmara bölgesi ile Ege bölgesi arasında (0.9911) ve İç Anadolu bölgesi ile Güneydoğu Anadolu bölgesi arasında (0.9911) gözlenmiştir (Tablo 3.113).

Tablo 3.113 Türkiye Geneli *Glu-B1* Lokusu Genetik Benzerlik (üst diagonal) ve Genetik Mesafeleri (alt diagonal) (Nei'nin orjinal ölçümüne göre) [336]

Populasyon İsmi	Marmara Böl.	Ege Böl.	Akdeniz Böl.	İç Anadolu Böl.	Karadeniz Böl.	Doğu Anad. Böl.	Güneydoğu Anad. Böl.
Marmara Böl.	****	**0.9911**	0.9951	0.9934	0.9932	0.9934	0.9916
Ege Böl.	**0.0089**	****	0.9983	0.9989	0.9978	0.9978	0.9916
Akdeniz Böl.	0.0049	0.0017	****	0.9982	0.9994	**0.9993**	0.9962
İç Anadolu Böl.	0.0066	0.0011	0.0018	****	0.9969	0.9970	**0.9911**
Karadeniz Böl.	0.0068	0.0022	**0.0006**	0.0031	****	0.9991	0.9958
Doğu Anadolu Böl.	0.0066	0.0022	0.0007	0.0030	0.0009	****	0.9947
Güneydoğu Anad. Böl.	0.0084	0.0084	0.0038	**0.0089**	0.0042	0.0053	****

Glu-D1 lokusu genetik benzerlik verileri incelendiği zaman en yüksek benzerlik Karadeniz bölgesi ile Güneydoğu Anadolu bölgesi arasında (0.9993), en düşük

benzerlik ise Doğu Anadolu bölgesi ile Ege bölgesi arasında (0.9693) gözlenmiştir (Tablo 3.114).

Tablo 3.114 Türkiye Geneli *Glu-D1* Lokusu Genetik Benzerlik (üst diagonal) ve Genetik Mesafeleri (alt diagonal) (Nei'nin orjinal ölçümüne göre) [336]

Populasyon İsmi	Marmara Böl.	Ege Böl.	Akdeniz Böl.	İç Anadolu Böl.	Karadeniz Böl.	Doğu Anad. Böl.	Güneydoğu Anad. Böl.
Marmara Böl.	****	0.9745	0.9923	0.9911	0.9963	0.9975	0.9952
Ege Böl.	0.0258	****	0.9794	0.9939	0.9892	**0.9693**	0.9877
Akdeniz Böl.	0.0077	0.0209	****	0.9953	0.9951	0.9963	0.9979
İç Anadolu Böl.	0.0090	0.0061	0.0047	****	0.9985	0.9901	0.9988
Karadeniz Böl.	0.0037	0.0109	0.0049	0.0015	****	0.9941	**0.9993**
Doğu Anad. Böl.	0.0026	**0.0312**	0.0038	0.0100	0.0060	****	0.9954
Güneydoğu Anad. Böl.	0.0048	0.0124	0.0021	0.0012	**0.0007**	0.0047	****

Glu-1 lokusu alleller bazında genetik benzerlik verileri incelendiği zaman en yüksek benzerlik Akdeniz bölgesi ile Karadeniz bölgesi arasında (0.9953), en düşük benzerlik ise Marmara bölgesi ile Ege bölgesi arasında (0.9472) gözlenmiştir (Tablo 3.115).

Tablo 3.115 Türkiye Geneli *Glu-1* Lokusu alleller bazında Genetik Benzerlik (üst diagonal) ve Genetik Mesafeleri (alt diagonal) (Nei'nin orjinal ölçümüne göre) [336]

Populasyon İsmi	Marmara Böl.	Ege Böl.	Akdeniz Böl.	İç Anadolu Böl.	Karadeniz Böl.	D. Anad. Böl.	Güneydoğu Anad. Böl.
Marmara Böl.	****	**0.9472**	0.9844	0.9745	0.9850	0.9886	0.9851
Ege Böl.	**0.0543**	****	0.9797	0.9910	0.9845	0.9711	0.9738
Akdeniz Böl.	0.0157	0.0205	****	0.9930	**0.9953**	0.9945	0.9951
İç Anadolu Böl.	0.0259	0.0090	0.0070	****	0.9946	0.9867	0.9859
Karadeniz Böl.	0.0152	0.0156	**0.0047**	0.0055	****	0.9952	0.9924
Doğu Anad. Böl.	0.0115	0.0293	0.0055	0.0134	0.0049	****	0.9904
G.D. Anad. Böl.	0.0150	0.0266	0.0049	0.0142	0.0076	0.0097	****

Glu-1 lokusu alt üniteler bazında genetik benzerlik verileri incelendiği zaman en yüksek benzerlik Akdeniz bölgesi ile Karadeniz bölgesi arasında (0.9935), en düşük benzerlik ise Marmara bölgesi ile Ege bölgesi arasında (0.9536) gözlenmiştir (Tablo 3.116).

Tablo 3.116 Türkiye Geneli *Glu-1* Lokusu alt üniteler bazında Genetik Benzerlik (üst diagonal) ve Genetik Mesafeleri (alt diagonal) (Nei'nin orjinal ölçümüne göre) [336]

Populasyon İsmi	Marmara Böl.	Ege Böl.	Akdeniz Böl.	İç Anadolu Böl.	Karadeniz Böl.	D. Anad. Böl.	Güneydoğu Anad. Böl.
Marmara Böl.	****	**0.9536**	0.9773	0.9785	0.9812	0.9767	0.9727
Ege Böl.	**0.0475**	****	0.9843	0.9869	0.9865	0.9766	0.9782
Akdeniz Böl.	0.0230	0.0158	****	0.9903	**0.9935**	0.9925	0.9911
İç Anadolu Böl.	0.0217	0.0132	0.0098	****	0.9894	0.9829	0.9801
Karadeniz Böl.	0.0190	0.0135	**0.0066**	0.0107	****	0.9924	0.9913
Doğu Anad. Böl.	0.0235	0.0236	0.0076	0.0172	0.0076	****	0.9865
G.D. Anad. Böl.	0.0277	0.0221	0.0090	0.0201	0.0087	0.0136	****

3.11.2. Nei'nin yansız ölçümüne göre genetik benzerlik ve genetik mesafe analizleri

Glu-A1 lokusu, Nei'nin yansız ölçümüne göre genetik benzerlik verileri incelendiği zaman en yüksek benzerlik Nei'nin orijinal ölçümünde olduğu gibi Akdeniz bölgesi ile Güneydoğu Anadolu bölgesi arasında (1.0148), en düşük benzerlik ise Marmara bölgesi ile Ege bölgesi arasında (0.8512) gözlenmiştir (Tablo 3.117).

Tablo 3.117 Türkiye Geneli *Glu-A1* Lokusu Genetik Benzerlik (üst diagonal) ve Genetik Mesafeleri (alt diagonal) (Nei'nin yansız ölçümüne göre) [337]

Populasyon İsmi	Marmara Böl.	Ege Böl.	Akdeniz Böl.	İç Anadolu Böl.	Karadeniz Böl.	Doğu Anad. Böl.	Güneydoğu Anad. Böl.
Marmara Böl.	****	**0.8512**	0.9494	0.9853	0.9561	0.9086	0.9291
Ege Böl.	**0.1611**	****	0.9934	0.9255	0.9818	0.9922	1.0017
Akdeniz Böl.	0.0519	0.0066	****	0.9847	1.0071	0.9909	**1.0148**
İç Anadolu Böl.	0.0148	0.0774	0.0155	****	0.9811	0.9652	0.9821
Karadeniz Böl.	0.0448	0.0184	-0.0070	0.0191	****	1.0008	1.0056
Doğu Anadolu Böl.	0.0958	0.0078	0.0092	0.0355	-0.0008	****	1.0047
Güneydoğu Anad. Böl.	0.0735	-0.0017	**-0.0147**	0.0180	-0.0056	-0.0047	****

Glu-B1 lokusu, Nei'nin yansız ölçümüne göre genetik benzerlik verileri incelendiği zaman en yüksek benzerlik Akdeniz bölgesi ile Karadeniz bölgesi arasında (1.0018), en düşük benzerlik ise İç Anadolu bölgesi ile Güneydoğu Anadolu bölgesi arasında (0.9935) gözlenmiştir (Tablo 3.118).

Tablo 3.118 Türkiye Geneli *Glu-B1* Lokusu Genetik Benzerlik (üst diagonal) ve Genetik Mesafeleri (alt diagonal) (Nei'nin yansız ölçümüne göre) [337]

Populasyon İsmi	Marmara Böl.	Ege Böl.	Akdeniz Böl.	İç Anadolu Böl.	Karadeniz Böl.	Doğu Anad. Böl.	Güneydoğu Anad. Böl.
Marmara Böl.	****	0.9941	0.9981	0.9956	0.9957	0.9956	0.9949
Ege Böl.	0.0059	****	1.0012	1.0010	1.0003	0.9999	0.9949
Akdeniz Böl.	0.0019	-0.0012	****	1.0003	**1.0018**	1.0013	0.9995
İç Anadolu Böl.	0.0044	-0.0010	-0.0003	****	0.9985	0.9982	**0.9935**
Karadeniz Böl.	0.0043	-0.0003	**-0.0018**	0.0015	****	1.0006	0.9986
Doğu Anadolu Böl.	0.0045	0.0001	-0.0013	0.0018	-0.0006	****	0.9971
Güneydoğu Anad. Böl.	0.0051	0.0052	0.0005	**0.0065**	0.0014	0.0029	****

Glu-D1 lokusu, Nei'nin yansız ölçümüne göre genetik benzerlik verileri incelendiği zaman en yüksek benzerlik Akdeniz bölgesi ile Güneydoğu Anadolu bölgesi arasında (1.0036), en düşük benzerlik ise Doğu Anadolu bölgesi ile Ege bölgesi arasında (0.9717) gözlenmiştir (Tablo 3.119).

Tablo 3.119 Türkiye Geneli *Glu-D1* Lokusu Genetik Benzerlik (üst diagonal) ve Genetik Mesafeleri (alt diagonal) (Nei'nin yansız ölçümüne göre) [337]

Populasyon İsmi	Marmara Böl.	Ege Böl.	Akdeniz Böl.	İç Anadolu Böl.	Karadeniz Böl.	Doğu Anad. Böl.	Güneydoğu Anad. Böl.
Marmara Böl.	****	0.9782	0.9977	0.9944	1.0002	1.0009	1.0002
Ege Böl.	0.0221	****	0.9837	0.9963	0.9921	**0.9717**	0.9917
Akdeniz Böl.	0.0023	0.0164	****	0.9993	0.9997	1.0004	**1.0036**
İç Anadolu Böl.	0.0056	0.0037	0.0007	****	1.0010	0.9921	1.0024
Karadeniz Böl.	-0.0002	0.0079	0.0003	-0.0010	****	0.9967	1.0034
Doğu Anadolu Böl.	-0.0009	**0.0287**	-0.0004	0.0079	0.0033	****	0.9990
Güneydoğu Anad. Böl.	-0.0002	0.0084	**-0.0035**	-0.0024	-0.0034	0.0010	****

Glu-1 lokusu, Nei'nin yansız ölçümüne göre alleller bazında genetik benzerlik verileri incelendiği zaman en yüksek benzerlik Akdeniz bölgesi ile Güneydoğu Anadolu bölgesi arasında (1.0041), en düşük benzerlik ise Marmara bölgesi ile Ege bölgesi arasında (0.9538) gözlenmiştir (Tablo 3.120).

Tablo 3.120 Türkiye Geneli *Glu-1* Lokusu allellere göre Genetik Benzerlik (üst diagonal) ve Genetik Mesafeleri (alt diagonal) (Nei'nin yansız ölçümüne göre) [337]

Populasyon İsmi	Marmara Böl.	Ege Böl.	Akdeniz Böl.	İç Anadolu Böl.	Karadeniz Böl.	Doğu Anad. Böl.	Güneydoğu Anad. Böl.
Marmara Böl.	****	**0.9538**	0.9931	0.9801	0.9918	0.9945	0.9935
Ege Böl.	**0.0473**	****	0.9870	0.9955	0.9901	0.9758	0.9808
Akdeniz Böl.	0.0069	0.0130	****	0.9992	1.0027	1.0010	**1.0041**
İç Anadolu Böl.	0.0201	0.0045	0.0008	****	0.9989	0.9901	0.9917
Karadeniz Böl.	0.0083	0.0100	-0.0027	0.0011	****	0.9997	0.9995
Doğu Anadolu Böl.	0.0055	0.0245	-0.0010	0.0100	0.0003	****	0.9965
Güneydoğu Anad. Böl.	0.0066	0.0194	**-0.0041**	0.0083	0.0005	0.0035	****

Glu-1 lokusu, Nei'nin yansız ölçümüne göre alt üniteler bazında genetik benzerlik verileri incelendiği zaman en yüksek benzerlik Akdeniz bölgesi ile Karadeniz bölgesi arasında (0.9995), en düşük benzerlik ise Marmara bölgesi ile Ege bölgesi arasında (0.9589) gözlenmiştir (Tablo 3.121).

Tablo 3.121 Türkiye Geneli *Glu-1* Lokusu alt ünitelere göre Genetik Benzerlik (üst diagonal) ve Genetik Mesafeleri (alt diagonal) (Nei'nin yansız ölçümüne göre) [337]

Populasyon İsmi	Marmara Böl.	Ege Böl.	Akdeniz Böl.	İç Anadolu Böl.	Karadeniz Böl.	Doğu Anad. Böl.	Güneydoğu Anad. Böl.
Marmara Böl.	****	**0.9589**	0.9844	0.9829	0.9865	0.9814	0.9794
Ege Böl.	**0.0419**	****	0.9905	0.9904	0.9910	0.9803	0.9839
Akdeniz Böl.	0.0157	0.0096	****	0.9954	**0.9995**	0.9978	0.9985
İç Anadolu Böl.	0.0172	0.0097	0.0046	****	0.9927	0.9855	0.9847
Karadeniz Böl.	0.0136	0.0091	**0.0005**	0.0073	****	0.9960	0.9970
Doğu Anadolu Böl.	0.0188	0.0199	0.0022	0.0146	0.0040	****	0.9914
Güneydoğu Anad. Böl.	0.0208	0.0162	0.0015	0.0154	0.0030	0.0087	****

3.12. Genetik mesafe temelli dendogramlar

Tüm dendogramlar Nei [336]'ye göre çizilmiştir. Metot olarak UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmatic Mean) kullanılmıştır. Bu metot PHYLIP (Phylogeny Inference Package) 3.5'in prosedürüne göre NEIGHBOR'dan modifiye edilmiştir. Allel frekanslarına göre bireysel çeşitler için çizilen dendogram Ek 2'de verilmiştir.

3.12.1. *Glu-A1* lokusu için dendogram

Nei'nin orijinal ölçümüne göre [336] *Glu-A1* lokusu için dendogram incelendiğinde Marmara bölgesi ile İç Anadolu bölgesinin aynı yerde kümelendiği ve aralarındaki

mesafenin 1.26041 olduğu belirlenmiştir (Şekil 3.43). Aynı dendogramda Akdeniz bölgesi ile Güneydoğu Anadolu bölgesi (genetik mesafe 0.31022) ve Karadeniz bölgesi ile de Doğu Anadolu bölgesi (genetik mesafe 0.57899) aynı noktada kümelenme göstermiştir. Ege bölgesi ise tüm bu bölgelerden ayrı bir noktada kümelenme göstermiş ve genetik mesafesi 1.15066 olarak hesaplanmıştır (Şekil 3.43) (Tablo 3.122).



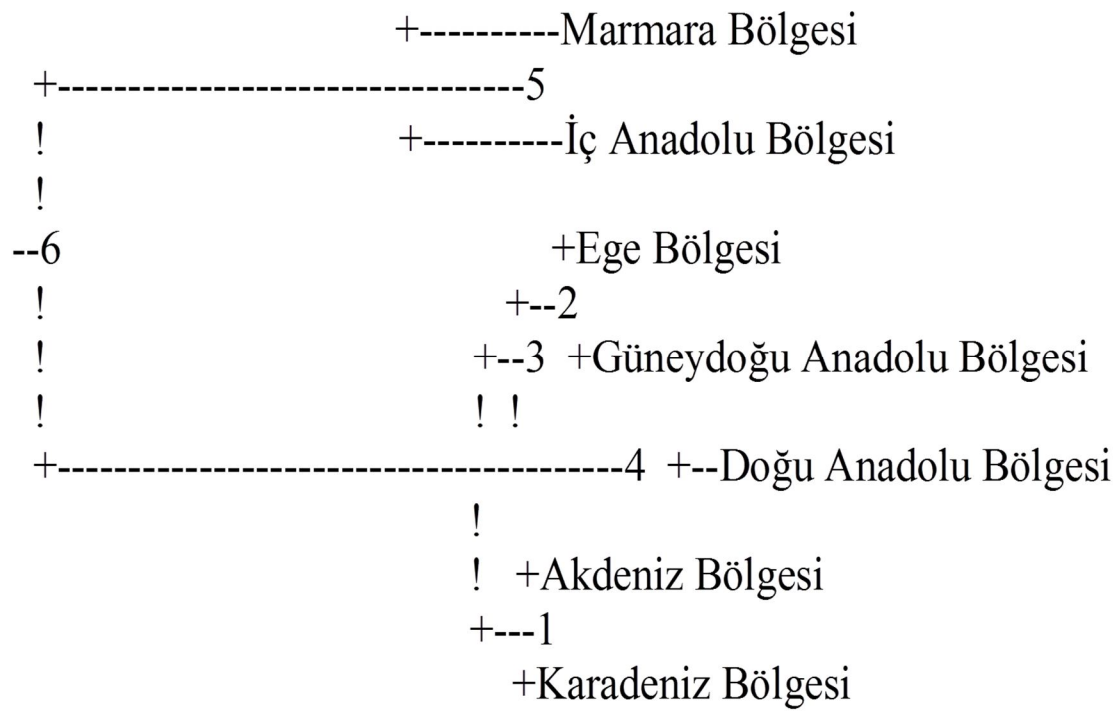
Şekil 3.43 Nei'nin orijinal ölçümüne göre *Glu-A1* lokusu için dendogram [336]

Tablo 3.122 Nei'nin orijinal ölçümüne göre [336] *Glu-A1* lokusu dendogramı için çeşitler arası mesafeler

Çeşitler		**Mesafe**
6	5	2.36447
5	Marmara Bölgesi	1.26041
5	İç Anadolu Bölgesi	1.26041
6	4	2.47421
4	Ege Bölgesi	1.15066
4	3	0.42021
3	1	0.42023
1	Akdeniz Bölgesi	0.31022
1	Güneydoğu Anadolu Bölgesi	0.31022
3	2	0.15146
2	Karadeniz Bölgesi	0.57899
2	Doğu Anadolu Bölgesi	0.57899

Nei'nin yansız ölçümüne göre [337] *Glu-A1* lokusu için dendogram incelendiğinde Nei'nin orijinal ölçümünde olduğu gibi Marmara bölgesi ile İç Anadolu bölgesinin aynı yerde kümelendiği ve aralarındaki mesafenin 1.74074 olduğu belirlenmiştir (Şekil 3.44) (Tablo 3.123). Nei'nin orijinal ölçümünün aksine yansız ölçümüne göre dendogramda

Ege bölgesi ile Güneydoğu Anadolu bölgesi aynı noktada kümelenme göstermiştir (genetik mesafe 0.0000). Aynı dendogramda Akdeniz bölgesi ile Karadeniz bölgesi (genetik mesafe 0.000) aynı noktada kümelenme göstermiştir. Doğu Anadolu bölgesi ise tüm bu bölgelerden ayrı bir noktada kümelenme göstermiş ve genetik mesafesi 1.19547 olarak hesaplanmıştır (Şekil 3.44) (Tablo 3.123).



Şekil 3.44 Nei'nin yansız ölçümüne göre *Glu-A1* lokusu için dendogram

Tablo 3.123 Nei'nin yansız ölçümüne göre [337] *Glu-A1* lokusu dendogramı için çeşitler arası mesafeler

Çeşitler		**Mesafe**
6	5	2.22240
5	Marmara Bölgesi	0.74074
5	İç Anadolu Bölgesi	0.74074
6	4	2.67833
4	3	0.08934
3	2	0.19547
2	Ege Bölgesi	0.00000
2	Güneydoğu Anadolu Bölgesi	0.00000
3	Doğu Anadolu Bölgesi	0.19547
4	1	0.28481
1	Akdeniz Bölgesi	0.00000
1	Karadeniz Bölgesi	0.00000

3.12.2. *Glu-B1* lokusu için dendogram

Nei'nin orijinal ölçümüne göre [336] *Glu-B1* lokusu için dendogram incelendiğinde Ege bölgesi ile İç Anadolu bölgesinin aynı yerde kümelendiği ve aralarındaki mesafenin 0.05937 olduğu belirlenmiştir (Şekil 3.45). Aynı dendogramda Akdeniz bölgesi ile Karadeniz bölgesi (genetik mesafe 0.03030) aynı noktada kümelenme göstermiştir. Marmara bölgesi (genetik mesafe 0.35128), Doğu Anadolu bölgesi (genetik mesafe 0.04072) ve Güneydoğu Anadolu bölgesi (genetik mesafe 0.30623) tüm bu bölgelerden ayrı olarak kümelenme göstermiştir (Şekil 3.45) (Tablo 3.124).

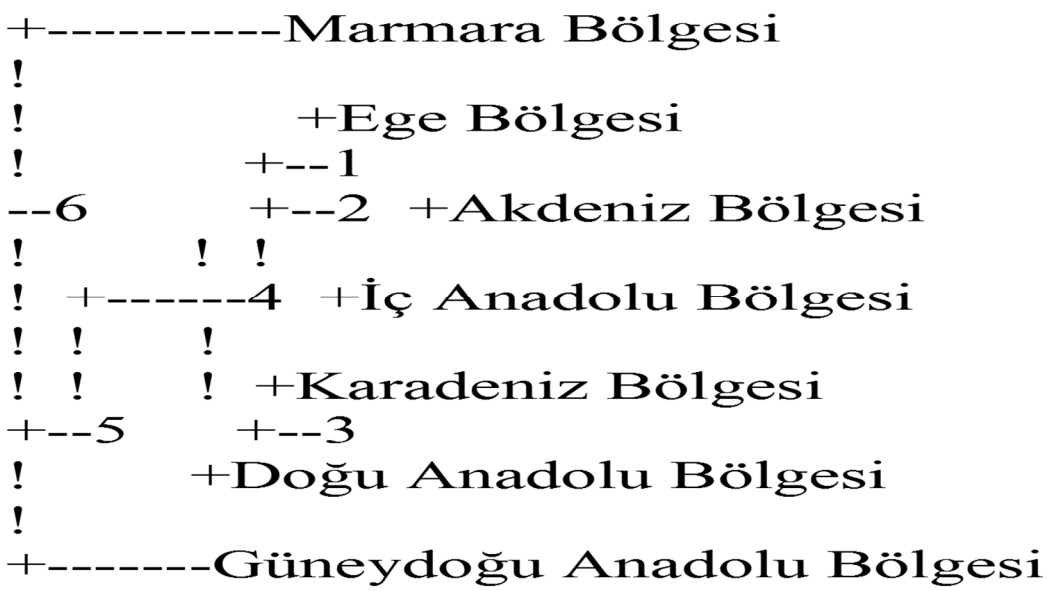


Şekil 3.45 Nei'nin orijinal ölçümüne göre *Glu-B1* lokusu için dendogram [336]

Tablo 3.124 Nei'nin orjinal ölçümüne göre [336] *Glu-B1* lokusu dendogramı için çeşitler arası mesafeler

Çeşitler		**Mesafe**
6	Marmara Bölgesi	0.35128
6	5	0.04505
5	4	0.19086
4	3	0.05937
3	Ege Bölgesi	0.05600
3	İç Anadolu Bölgesi	0.05600
4	2	0.07465
2	1	0.01042
1	Akdeniz Bölgesi	0.03030
1	Karadeniz Bölgesi	0.03030
2	Doğu Anadolu Bölgesi	0.04072
5	Güneydoğu Anad. Bölgesi	0.30623

Nei'nin yansız ölçümüne göre [337] *Glu-B1* lokusu için dendogram incelendiğinde Ege bölgesi, Akdeniz bölgesi ve İç Anadolu bölgesinin aynı yerde kümelendiği ve aralarındaki mesafenin 0.0000 olduğu belirlenmiştir (Şekil 3.46). Aynı dendogramda Karadeniz bölgesi ile Doğu Anadolu bölgesi (genetik mesafe 0.0000) aynı noktada kümelenme göstermiştir. Marmara bölgesi (genetik mesafe 0.21755) ve Güneydoğu Anadolu bölgesi (genetik mesafe 0.16533) tüm bu bölgelerden ayrı olarak kümelenme göstermiştir (Şekil 3.46) (Tablo 3.125).



Şekil 3.46 Nei'nin yansız ölçümüne göre [337] *Glu-B1* lokusu için dendogram

Tablo 3.125 Nei'nin yansız ölçümüne göre [337] *Glu-B1* lokusu dendogramı için çeşitler arası mesafeler

Çeşitler		**Mesafe**
6	Marmara Bölgesi	0.21755
6	5	0.05223
5	4	0.13757
4	2	0.02776
2	1	0.00000
1	Ege Bölgesi	0.00000
1	Akdeniz Bölgesi	0.00000
2	İç Anadolu Bölgesi	0.00000
4	3	0.02776
3	Karadeniz Bölgesi	0.00000
3	Doğu Anadolu Bölgesi	0.00000
5	Güneydoğu Anadolu Bölgesi	0.16533

3.12.3. *Glu-D1* lokusu için dendogram

Nei'nin orijinal ölçümüne göre [336] *Glu-D1* lokusu için dendogram incelendiğinde Marmara bölgesi ile Doğu Anadolu bölgesinin aynı yerde kümelendiği ve aralarındaki mesafenin 0.12762 olduğu belirlenmiştir (Şekil 3.47). Aynı dendogramda Karadeniz bölgesi ile Güneydoğu Anadolu bölgesi de aynı noktada kümelenme göstermiştir (genetik mesafe 0.03514). Akdeniz bölgesi (genetik mesafe 0.19595), İç Anadolu bölgesi (genetik mesafe 0.06784) ve Ege bölgesi (genetik mesafe 0.89317) ise bu bölgelerden farklı noktalarda kümelenme göstermiştir (Şekil 3.47) (Tablo 3.126).



Şekil 3.47 Nei'nin orijinal ölçümüne göre [336] *Glu-D1* lokusu için dendogram

Tablo 3.126 Nei'nin orjinal ölçümüne göre [336] *Glu-D1* lokusu dendogramı için çeşitler arası mesafeler

Çeşitler		**Mesafe**
6	5	0.58352
5	3	0.18204
3	Marmara Bölgesi	0.12762
3	Doğu Anadolu Bölgesi	0.12762
5	4	0.11370
4	Akdeniz Bölgesi	0.19595
4	2	0.12812
2	İç Anadolu Bölgesi	0.06784
2	1	0.03270
1	Karadeniz Bölgesi	0.03514
1	Güneydoğu Anadolu Bölgesi	0.03514
6	Ege Bölgesi	0.89317

Nei'nin yansız ölçümüne göre [337] *Glu-D1* lokusu için dendogram incelendiğinde Marmara bölgesi, Karadeniz bölgesi ve Güneydoğu Anadolu bölgesinin aynı yerde kümelendiği ve aralarındaki mesafenin 0.000 olduğu belirlenmiştir (Şekil 3.48). Aynı dendogramda Akdeniz bölgesi ile Doğu Anadolu bölgesi de aynı noktada kümelenme göstermiştir (genetik mesafe 0.0000). İç Anadolu bölgesi (genetik mesafe 0.14176) ve Ege bölgesi (genetik mesafe 0.72688) ise bu bölgelerden farklı noktalarda kümelenme göstermiştir (Şekil 3.48) (Tablo 3.127).



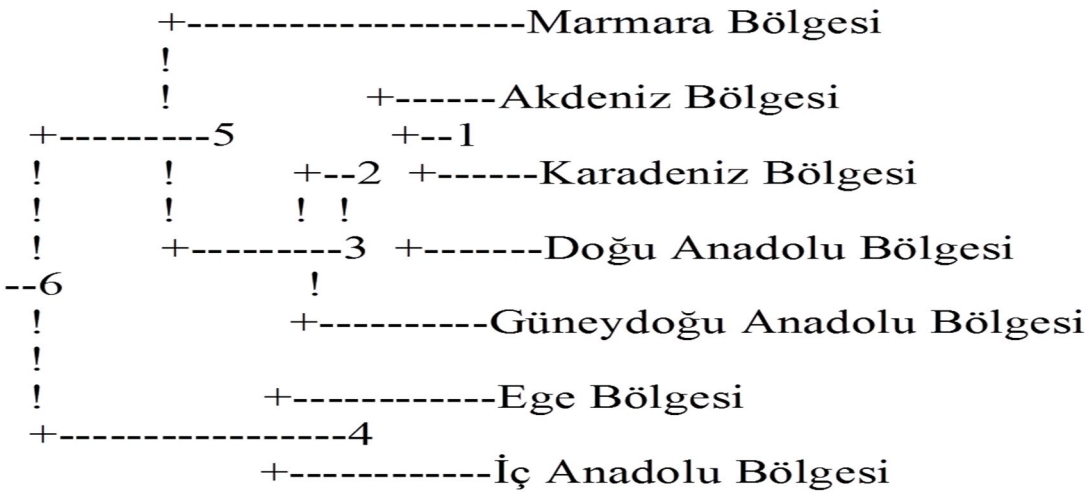
Şekil 3.48 Nei'nin yansız ölçümüne göre [337] *Glu-D1* lokusu için dendogram

Tablo 3.127 Nei'nin yansız ölçümüne göre [337] *Glu-D1* lokusu dendogramı için çeşitler arası mesafeler

Çeşitler		**Mesafe**
6	5	0.58511
5	4	0.08385
4	3	0.05791
3	1	0.00000
1	Marmara Bölgesi	0.00000
1	Karadeniz Bölgesi	0.00000
3	Güneydoğu Anadolu Bölgesi	0.00000
4	2	0.05791
2	Akdeniz Bölgesi	0.00000
2	Doğu Anadolu Bölgesi	0.00000
5	İç Anadolu Bölgesi	0.14176
6	Ege Bölgesi	0.72688

3.12.4. Türkiye geneli *Glu-1* lokusu bireysel allellere göre dendogramlar

Nei'nin orijinal ölçümüne göre [336] *Glu-1* lokusu bireysel alleller için dendogram incelendiğinde Akdeniz bölgesi ile Karadeniz bölgesinin (genetik mesafe 0.23439) ve Ege bölgesi ile de İç Anadolu bölgesinin (genetik mesafe 0.44997) aynı noktada kümelendiği gözlenmiştir (Şekil 3.49) (Tablo 3.128). Marmara bölgesi (genetik mesafe 0.71773), Doğu Anadolu bölgesi (genetik mesafe 0.25847) ve Güneydoğu Anadolu bölgesi (genetik mesafe 0.36945) ise bu bölgelerden farklı noktalarda kümelenme göstermiştir (Şekil 3.49) (Tablo 3.128).

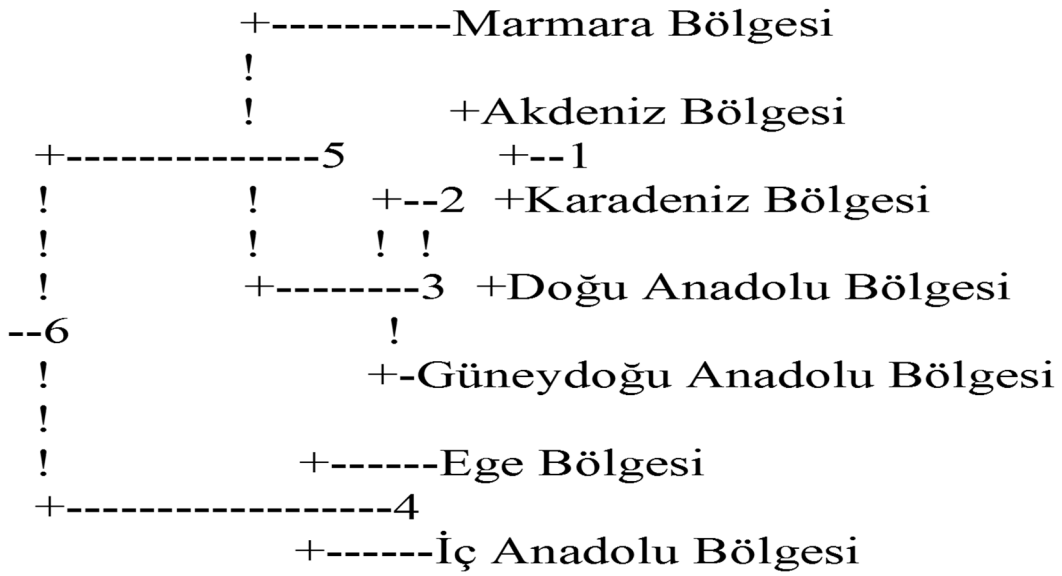


Şekil 3.49 Nei'nin orijinal ölçümüne göre [336] *Glu-1* lokusu bireysel allellere göre dendogram

Tablo 3.128 Nei'nin orjinal ölçümüne göre [336] *Glu-1* lokusu bireysel allellere göre dendogramı için çeşitler arası mesafeler

Çeşitler		**Mesafe**
6	5	0.34381
5	Marmara Bölgesi	0.71773
5	3	0.34828
3	2	0.11098
2	1	0.02408
1	Akdeniz Bölgesi	0.23439
1	Karadeniz Bölgesi	0.23439
2	Doğu Anadolu Bölgesi	0.25847
3	Güneydoğu Anadolu Bölgesi	0.36945
6	4	0.61157
4	Ege Bölgesi	0.44997
4	İç Anadolu Bölgesi	0.44997

Nei'nin yansız ölçümüne göre [337] *Glu-1* lokusu bireysel alleller için dendogram incelendiğinde Nei'nin orijinal ölçümü ile uyumlu bir dendogram gözlenmiştir. Akdeniz bölgesi ile Karadeniz bölgesinin (genetik mesafe 0.0000) ve Ege bölgesi ile de İç Anadolu bölgesinin (genetik mesafe 0.22545) aynı noktada kümelendiği gözlenmiştir (Şekil 3.50) (Tablo 3.129). Marmara bölgesi (genetik mesafe 0.34145), Doğu Anadolu bölgesi (genetik mesafe 0.00647) ve Güneydoğu Anadolu bölgesi (genetik mesafe 0.06698) ise bu bölgelerden farklı noktalarda kümelenme göstermiştir (Şekil 3.50) (Tablo 3.129).



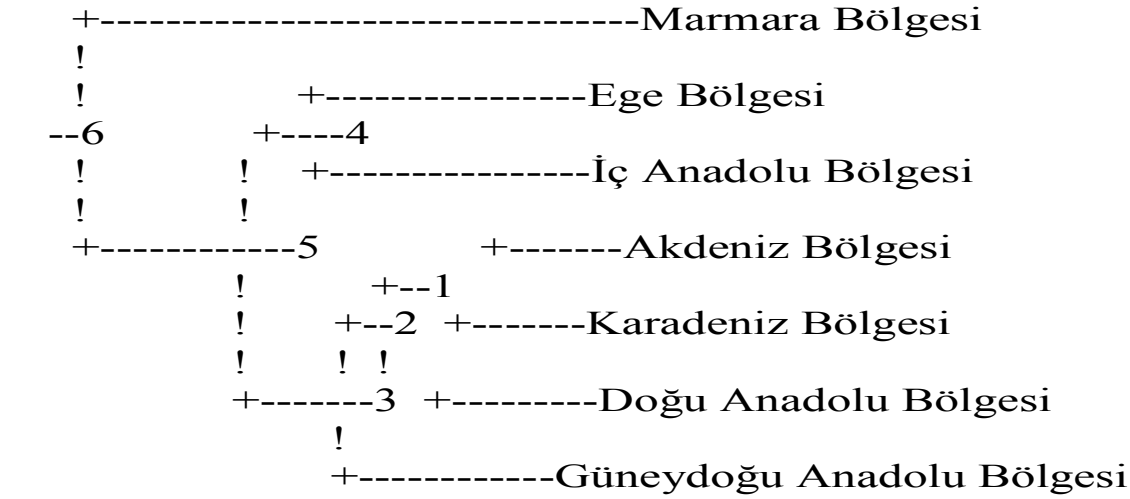
Şekil 3.50 Nei'nin yansız ölçümüne göre [337] *Glu-1* lokusu bireysel allellere göre dendogram

Tablo 3.129 Nei'nin yansız ölçümüne göre [337] *Glu-1* lokusu bireysel allellere göre dendogramı için çeşitler arası mesafeler

Çeşitler		**Mesafe**
6	5	0.43085
5	Marmara Bölgesi	0.34145
5	3	0.27447
3	2	0.06052
2	1	0.00646
1	Akdeniz Bölgesi	0.00000
1	Karadeniz Bölgesi	0.00000
2	Doğu Anadolu Bölgesi	0.00647
3	Güneydoğu Anadolu Bölgesi	0.06698
6	4	0.54685
4	Ege Bölgesi	0.22545
4	İç Anadolu Bölgesi	0.22545

3.12.5. Türkiye geneli *Glu-1* lokusu bireysel alt ünitelere göre dendogram

Nei'nin orijinal ölçümüne göre [336] *Glu-1* lokusu bireysel alt üniteler için dendogram bireysel alllere göre elde edilen dendogram ile uyum göstermektedir. Akdeniz bölgesi ile Karadeniz bölgesinin (genetik mesafe 0.32804) ve Ege bölgesi ile de İç Anadolu bölgesinin (genetik mesafe 0.65935) aynı noktada kümelendiği gözlenmiştir (Şekil 3.51) (Tablo 3.130). Marmara bölgesi (genetik mesafe 1.35357), Doğu Anadolu bölgesi (genetik mesafe 0.37993) ve Güneydoğu Anadolu bölgesi (genetik mesafe 0.52202) ise bu bölgelerden farklı noktalarda kümelenme göstermiştir (Şekil 3.51) (Tablo 3.130).



Şekil 3.51 Nei'nin orijinal ölçümüne göre [336] *Glu-1* lokusu bireysel alt ünitelere göre dendogram

Tablo 3.130 Nei'nin orjinal ölçümüne göre [336] *Glu-1* lokusu bireysel alt ünitelere göre dendogramı için çeşitler arası mesafeler

Çeşitler		**Mesafe**
6	Marmara Bölgesi	1.35357
6	5	0.52317
5	4	0.17105
4	Ege Bölgesi	0.65935
4	İç Anadolu Bölgesi	0.65935
5	3	0.30839
3	2	0.14209
2	1	0.05189
1	Akdeniz Bölgesi	0.32804
1	Karadeniz Bölgesi	0.32804
2	Doğu Anadolu Bölgesi	0.37993
3	Güneydoğu Anadolu Bölgesi	0.52202



Şekil 3.52 Nei'nin yansız ölçümüne göre [337] *Glu-1* lokusu bireysel alt ünitelere göre dendogram

Tablo 3.131 Nei'nin yansız ölçümüne göre [337] *Glu-1* lokusu bireysel alt ünitelere göre dendogramı için çeşitler arası mesafeler

Çeşitler		**Mesafe**
6	Marmara Bölgesi	1.06743
6	5	0.46310
5	4	0.12077
4	Ege Bölgesi	0.48355
4	İç Anadolu Bölgesi	0.48355
5	3	0.35606
3	2	0.13436
2	1	0.09069
1	Akdeniz Bölgesi	0.02322
1	Karadeniz Bölgesi	0.02322
2	Güneydoğu Anadolu Bölgesi	0.11391
3	Doğu Anadolu Bölgesi	0.24826

3.13. Tekil çeşitlerde bağlantı eşitsizliği analizleri

Bağlantı eşitsizliği (LD); yakın bağlı gen lokuslarındaki allellerin, her biri için Hardy-Weinberg eşitliği ile hesaplanan frekanslarından hesaplanan sapmaya neden olan, gelişigüzel olmayan birlikteliğidir (bu lokuslar aynı kromozomda bulunmayabilir) [338]. Başka bir ifade ile iki farklı genin allelleri arasındaki birleşmenin bir ölçüsüdür.

Bağlantı eşitsizliğinde bazı allel veya genetik belirteçlerin kombinasyonları, bu allellerin topluluktaki sıklıklarına bağlı olarak belli haplotipleri rastgele oluşturmasından beklenen kombinasyonlardan daha sık veya daha seyrek olarak bulunurlar. Belli lokuslardaki polimorfizmlerin rastgele olmayan şekilde birliktelikleri onların bağlantı eşitsizliği ile ölçülür [338, 339].

Bir organizmada a ve b gibi iki lokus varsa ve bu lokuslarda bulunan alleller a1, b1, a2 ve b2 ise bağlantı eşitsizliği, f(x), x'in populasyon içerisinde görülme sıklığı olmak üzere; "f(a1b1)*f(a2b2) - f(a1b2)*f(a2b1)" şeklinde hesaplanır. Bağlantı eşitsizliği değeri -0.25 ve +0.25 arasında değişir. Sıfırdan sapma arttıkça bağlantı eşitsizliği artar. Pozitiflik veya negatiflik allellerin nasıl numaralandırıldığının bir sonucudur [338, 339].

Türkiye'ye ait çalışılan tüm çeşitlerde, bireysel alt üniteler arasında önemli derecede ($p<<0.05$) bağlantı eşitsizliği tespit edilmiştir. Bireysel bölge çeşitlerı arasında elde edilen bağlantı dengesizlikleri Tablo 3.132-138'de verilmiştir.

Tablo 3.132 Marmara Bölgesi tekil çeşitlerinde bağlantı eşitsizliği (Weir [338]'e göre)

Alleller		Alleller		LD	Korelasyon	Lewontin*	Ki-Kare**	Olasılık
a1	b1	a2	b2					
1	1	5	1	0.0612	0.6794	0.9231	6.46	0.0110
1	1	5	2	-0.0612	-0.6794	-0.0051	6.46	0.0110
1	2	5	1	-0.0612	-0.6794	-0.3980	6.46	0.0110
1	2	5	2	0.0612	0.6794	0.9231	6.46	0.0110
2*	1	7+8	1	-0.1429	-0.6325	-0.2041	5.60	0.0180
2*	1	7+8	2	0.1429	0.6325	0.7000	5.60	0.0180
2*	2	7+8	1	0.1429	0.6325	0.7000	5.60	0.0180
2*	2	7+8	2	-0.1429	-0.6325	-0.0816	5.60	0.0180
2*	1	7+9	1	0.1786	0.7454	0.7778	7.78	0.0053
2*	1	7+9	2	-0.1786	-0.7454	-0.1276	7.78	0.0053
2*	2	7+9	1	-0.1786	-0.7454	-0.2296	7.78	0.0053
2*	2	7+9	2	0.1786	0.7454	0.7778	7.78	0.0053
2*	**1**	**2+12**	**1**	**-0.2500**	**-1.0000**	**-0.2500**	**14.00**	**0.0002**
2*	**1**	**2+12**	**2**	**0.2500**	**1.0000**	**1.0000**	**14.00**	**0.0002**
2*	**2**	**2+12**	**1**	**0.2500**	**1.0000**	**1.0000**	**14.00**	**0.0002**
2*	**2**	**2+12**	**2**	**-0.2500**	**-1.0000**	**-0.2500**	**14.00**	**0.0002**
2*	**1**	**5+10**	**1**	**0.2500**	**1.0000**	**1.0000**	**14.00**	**0.0002**
2*	**1**	**5+10**	**2**	**-0.2500**	**-1.0000**	**-0.2500**	**14.00**	**0.0002**
2*	**2**	**5+10**	**1**	**-0.2500**	**-1.0000**	**-0.2500**	**14.00**	**0.0002**
2*	**2**	**5+10**	**2**	**0.2500**	**1.0000**	**1.0000**	**14.00**	**0.0002**
7+8	1	2+12	1	0.1429	0.6325	0.7000	5.60	0.0180
7+8	1	2+12	2	-0.1429	-0.6325	-0.1000	5.60	0.0180
7+8	2	2+12	1	-0.1429	-0.6325	-0.2500	5.60	0.0180
7+8	2	2+12	2	0.1429	0.6325	0.7000	5.60	0.0180
7+8	1	5+10	1	-0.1429	-0.6325	-0.1000	5.60	0.0180
7+8	1	5+10	2	0.1429	0.6325	0.7000	5.60	0.0180
7+8	2	5+10	1	0.1429	0.6325	0.7000	5.60	0.0180
7+8	2	5+10	2	-0.1429	-0.6325	-0.2500	5.60	0.0180
14+16	1	5	1	0.0612	0.6794	0.9231	6.46	0.0110
14+16	1	5	2	-0.0612	-0.6794	-0.0051	6.46	0.0110
14+16	2	5	1	-0.0612	-0.6794	-0.3980	6.46	0.0110
14+16	2	5	2	0.0612	0.6794	0.9231	6.46	0.0110
7+9	1	2+12	1	-0.1786	-0.7454	-0.1389	7.78	0.0053
7+9	1	2+12	2	0.1786	0.7454	0.7778	7.78	0.0053
7+9	2	2+12	1	0.1786	0.7454	0.7778	7.78	0.0053
7+9	2	2+12	2	-0.1786	-0.7454	-0.2500	7.78	0.0053
7+9	1	5+10	1	0.1786	0.7454	0.7778	7.78	0.0053
7+9	1	5+10	2	-0.1786	-0.7454	-0.1389	7.78	0.0053
7+9	2	5+10	1	-0.1786	-0.7454	-0.2500	7.78	0.0053
7+9	2	5+10	2	0.1786	0.7454	0.7778	7.78	0.0053
8	1	13+15	1	0.0663	1.0000	1.0000	14.00	0.0002
8	1	13+15	2	-0.0663	-1.0000	-0.0051	14.00	0.0002
8	2	13+15	1	-0.0663	-1.0000	-0.8622	14.00	0.0002
8	2	13+15	2	0.0663	1.0000	1.0000	14.00	0.0002
2+12	**1**	**5+10**	**1**	**-0.2500**	**-1.0000**	**-0.2500**	**14.00**	**0.0002**
2+12	**1**	**5+10**	**2**	**0.2500**	**1.0000**	**1.0000**	**14.00**	**0.0002**
2+12	**2**	**5+10**	**1**	**0.2500**	**1.0000**	**1.0000**	**14.00**	**0.0002**
2+12	**2**	**5+10**	**2**	**-0.2500**	**-1.0000**	**-0.2500**	**14.00**	**0.0002**

Önem derecesi $p<0.05$ olan bağlantı eşitsizliği (LD) sayısı= 48

*Lewontin tarafından normalize edilmiş bağlantı eşitsizliği [331]

**Tüm Ki-Kare testleri bağımsız serbestlik derecelerine sahiptir.

Tablo 3.133 Ege bölgesi tekil çeşitlerinde bağlantı eşitsizliği (Weir [338]'e göre)

Alleller		Alleller		LD	Korelasyon	Lewontin*	Ki-Kare**	Olasılık
a1	b1	a2	b2					
1	1	8	1	0.0578	0.6814	0.9286	6.96	0.0083
1	1	8	2	-0.0578	-0.6814	-0.0044	6.96	0.0083
1	2	8	1	-0.0578	-0.6814	-0.4044	6.96	0.0083
1	2	8	2	0.0578	0.6814	0.9286	6.96	0.0083
1	1	13+15	1	0.0578	0.6814	0.9286	6.96	0.0083
1	1	13+15	2	-0.0578	-0.6814	-0.0044	6.96	0.0083
1	2	13+15	1	-0.0578	-0.6814	-0.4044	6.96	0.0083
1	2	13+15	2	0.0578	0.6814	0.9286	6.96	0.0083
2*	1	7	1	0.0622	1.0000	1.0000	15.00	0.0001
2*	1	7	2	-0.0622	-1.0000	-0.0044	15.00	0.0001
2*	2	7	1	-0.0622	-1.0000	-0.8711	15.00	0.0001
2*	2	7	2	0.0622	1.0000	1.0000	15.00	0.0001
2*	1	17+18	1	0.0622	1.0000	1.0000	15.00	0.0001
2*	1	17+18	2	-0.0622	-1.0000	-0.0044	15.00	0.0001
2*	2	17+18	1	-0.0622	-1.0000	-0.8711	15.00	0.0001
2*	2	17+18	2	0.0622	1.0000	1.0000	15.00	0.0001
2*	1	2+12	1	-0.0578	-0.6814	-0.0083	6.96	0.0083
2*	1	2+12	2	0.0578	0.6814	0.9286	6.96	0.0083
2*	2	2+12	1	0.0578	0.6814	0.9286	6.96	0.0083
2*	2	2+12	2	-0.0578	-0.6814	-0.7511	6.96	0.0083
2*	1	5+10	1	0.0622	1.0000	1.0000	15.00	0.0001
2*	1	5+10	2	-0.0622	-1.0000	-0.0044	15.00	0.0001
2*	2	5+10	1	-0.0622	-1.0000	-0.8711	15.00	0.0001
2*	2	5+10	2	0.0622	1.0000	1.0000	15.00	0.0001
7+8	1	6+8	1	-0.1600	-0.7385	-0.2933	8.18	0.0042
7+8	1	6+8	2	0.1600	0.7385	0.8182	8.18	0.0042
7+8	2	6+8	1	0.1600	0.7385	0.8182	8.18	0.0042
7+8	2	6+8	2	-0.1600	-0.7385	-0.0711	8.18	0.0042
7	1	17+18	1	0.0622	1.0000	1.0000	15.00	0.0001
7	1	17+18	2	-0.0622	-1.0000	-0.0044	15.00	0.0001
7	2	17+18	1	-0.0622	-1.0000	-0.8711	15.00	0.0001
7	2	17+18	2	0.0622	1.0000	1.0000	15.00	0.0001
7	1	2+12	1	-0.0578	-0.6814	-0.0083	6.96	0.0083
7	1	2+12	2	0.0578	0.6814	0.9286	6.96	0.0083
7	2	2+12	1	0.0578	0.6814	0.9286	6.96	0.0083
7	2	2+12	2	-0.0578	-0.6814	-0.7511	6.96	0.0083
7	1	5+10	1	0.0622	1.0000	1.0000	15.00	0.0001
7	1	5+10	2	-0.0622	-1.0000	-0.0044	15.00	0.0001
7	2	5+10	1	-0.0622	-1.0000	-0.8711	15.00	0.0001
7	2	5+10	2	0.0622	1.0000	1.0000	15.00	0.0001
17+18	1	2+12	1	-0.0578	-0.6814	-0.0083	6.96	0.0083
17+18	1	2+12	2	0.0578	0.6814	0.9286	6.96	0.0083
17+18	2	2+12	1	0.0578	0.6814	0.9286	6.96	0.0083
17+18	2	2+12	2	-0.0578	-0.6814	-0.7511	6.96	0.0083
17+18	1	5+10	1	0.0622	1.0000	1.0000	15.00	0.0001
17+18	1	5+10	2	-0.0622	-1.0000	-0.0044	15.00	0.0001
17+18	2	5+10	1	-0.0622	-1.0000	-0.8711	15.00	0.0001
17+18	2	5+10	2	0.0622	1.0000	1.0000	15.00	0.0001
2+12	1	5+10	1	-0.0578	-0.6814	-0.4044	6.96	0.0083
2+12	1	5+10	2	0.0578	0.6814	0.9286	6.96	0.0083
2+12	2	5+10	1	0.0578	0.6814	0.9286	6.96	0.0083
2+12	2	5+10	2	-0.0578	-0.6814	-0.0044	6.96	0.0083
2+12	1	3+12	1	-0.0578	-0.6814	-0.4044	6.96	0.0083
2+12	1	3+12	2	0.0578	0.6814	0.9286	6.96	0.0083
2+12	2	3+12	1	0.0578	0.6814	0.9286	6.96	0.0083
2+12	2	3+12	2	-0.0578	-0.6814	-0.0044	6.96	0.0083

Önem derecesi $p<0.05$ olan bağlantı eşitsizliği (LD) sayısı= 56; *Lewontin tarafından normalize edilmiş bağlantı eşitsizliği [331]. **Tüm Ki-Kare testleri bağımsız serbestlik derecelerine sahiptir.

Tablo 3.134 Akdeniz bölgesi tekil çeşitlerinde bağlantı eşitsizliği (Weir [338]'e göre)

Alleller		Alleller		LD	Korelasyon	Lewontin*	Ki-Kare**	Olasılık
a1	b1	a2	b2					
Null	1	1	1	0.1322	0.7698	0.8889	6.52	0.0107
Null	1	1	2	-0.1322	-0.7698	-0.0331	6.52	0.0107
Null	2	1	1	-0.1322	-0.7698	-0.3967	6.52	0.0107
Null	2	1	2	0.1322	0.7698	0.8889	6.52	0.0107
1	1	D(-)	1	0.0744	0.6708	0.9000	4.95	0.0261
1	1	D(-)	2	-0.0744	-0.6708	-0.0083	4.95	0.0261
1	2	D(-)	1	-0.0744	-0.6708	-0.3719	4.95	0.0261
1	2	D(-)	2	0.0744	0.6708	0.9000	4.95	0.0261
2*	1	6+8	1	0.0744	0.6708	0.9000	4.95	0.0261
2*	1	6+8	2	-0.0744	-0.6708	-0.0083	4.95	0.0261
2*	2	6+8	1	-0.0744	-0.6708	-0.3719	4.95	0.0261
2*	2	6+8	2	0.0744	0.6708	0.9000	4.95	0.0261
2*	1	7+9	1	0.0744	0.6708	0.9000	4.95	0.0261
2*	1	7+9	2	-0.0744	-0.6708	-0.0083	4.95	0.0261
2*	2	7+9	1	-0.0744	-0.6708	-0.3719	4.95	0.0261
2*	2	7+9	2	0.0744	0.6708	0.9000	4.95	0.0261
2*	1	5+10	1	0.1488	1.0000	1.0000	11.00	0.0009
2*	1	5+10	2	-0.1488	-1.0000	-0.0331	11.00	0.0009
2*	2	5+10	1	-0.1488	-1.0000	-0.6694	11.00	0.0009
2*	2	5+10	2	0.1488	1.0000	1.0000	11.00	0.0009
6+8	1	5+10	1	0.0744	0.6708	0.9000	4.95	0.0261
6+8	1	5+10	2	-0.0744	-0.6708	-0.0149	4.95	0.0261
6+8	2	5+10	1	-0.0744	-0.6708	-0.6694	4.95	0.0261
6+8	2	5+10	2	0.0744	0.6708	0.9000	4.95	0.0261
7+9	1	5+10	1	0.0744	0.6708	0.9000	4.95	0.0261
7+9	1	5+10	2	-0.0744	-0.6708	-0.0149	4.95	0.0261
7+9	2	5+10	1	-0.0744	-0.6708	-0.6694	4.95	0.0261
7+9	2	5+10	2	0.0744	0.6708	0.9000	4.95	0.0261

Önem derecesi $p<0.05$ olan bağlantı eşitsizliği (LD) sayısı= 28

*Lewontin tarafından normalize edilmiş bağlantı eşitsizliği [331]

**Tüm Ki-Kare testleri bağımsız serbestlik derecelerine sahiptir.

Tablo 3.135 İç Anadolu Bölgesi tekil çeşitlerinde bağlantı eşitsizliği (Weir [338]'e göre)

Alleller		Alleller		LD	Korelasyon	Lewontin*	Ki-Kare**	Olasılık
a1	b1	a2	b2					
Null	1	20+20	1	0.0306	0.4714	0.8889	6.22	0.0126
Null	1	20+20	2	-0.0306	-0.4714	-0.0013	6.22	0.0126
Null	2	20+20	1	-0.0306	-0.4714	-0.2066	6.22	0.0126
Null	2	20+20	2	0.0306	0.4714	0.8889	6.22	0.0126
2*	1	7+8	1	-0.1008	-0.4326	-0.0689	5.24	0.0221
2*	1	7+8	2	0.1008	0.4326	0.4620	5.24	0.0221
2*	2	7+8	1	0.1008	0.4326	0.4620	5.24	0.0221
2*	2	7+8	2	-0.1008	-0.4326	-0.1679	5.24	0.0221
2*	1	7+9	1	0.0969	0.5932	0.7917	9.85	0.0017
2*	1	7+9	2	-0.0969	-0.5932	-0.0204	9.85	0.0017
2*	2	7+9	1	-0.0969	-0.5932	-0.2585	9.85	0.0017
2*	2	7+9	2	0.0969	0.5932	0.7917	9.85	0.0017
2*	1	2+12	1	-0.2181	-1.0000	-0.1033	28.00	0.0000
2*	1	2+12	2	0.2181	1.0000	1.0000	28.00	0.0000
2*	2	2+12	1	0.2181	1.0000	1.0000	28.00	0.0000
2*	2	2+12	2	-0.2181	-1.0000	-0.4605	28.00	0.0000
2*	1	5+10	1	0.1212	0.6774	0.8261	12.85	0.0003
2*	1	5+10	2	-0.1212	-0.6774	-0.0319	12.85	0.0003
2*	2	5+10	1	-0.1212	-0.6774	-0.3097	12.85	0.0003
2*	2	5+10	2	0.1212	0.6774	0.8261	12.85	0.0003
2*	1	3+12	1	0.0727	0.5033	0.7600	7.09	0.0077
2*	1	3+12	2	-0.0727	-0.5033	-0.0115	7.09	0.0077
2*	2	3+12	1	-0.0727	-0.5033	-0.2020	7.09	0.0077
2*	2	3+12	2	0.0727	0.5033	0.7600	7.09	0.0077
7+8	1	6+8	1	-0.1722	-0.7393	-0.2517	15.30	0.0001
7+8	1	6+8	2	0.1722	0.7393	0.1722	15.30	0.0001
7+8	2	6+8	1	0.1722	0.7393	0.7895	15.30	0.0001
7+8	2	6+8	2	-0.1722	-0.7393	-0.1033	15.30	0.0001
7+8	1	7+9	1	-0.0765	-0.4385	-0.1413	5.38	0.0203
7+8	1	7+9	2	0.0765	0.4385	0.6250	5.38	0.0203
7+8	2	7+9	1	0.0765	0.4385	0.6250	5.38	0.0203
7+8	2	7+9	2	-0.0765	-0.4385	-0.0204	5.38	0.0203
7+8	1	2+12	1	0.1008	0.4326	0.4620	5.24	0.0221
7+8	1	2+12	2	-0.1008	-0.4326	-0.1473	5.24	0.0221
7+8	2	2+12	1	-0.1008	-0.4326	-0.0605	5.24	0.0221
7+8	2	2+12	2	0.1008	0.4326	0.4620	5.24	0.0221
7+8	1	3+12	1	-0.0574	-0.3721	-0.1104	3.88	0.0490
7+8	1	3+12	2	0.0574	0.3721	0.6000	3.88	0.0490
7+8	2	3+12	1	0.0574	0.3721	0.6000	3.88	0.0490
7+8	2	3+12	2	-0.0574	-0.3721	-0.0115	3.88	0.0490
6+8	1	3+12	1	0.0727	0.5033	0.7600	7.09	0.0077
6+8	1	3+12	2	-0.0727	-0.5033	-0.0115	7.09	0.0077
6+8	2	3+12	1	-0.0727	-0.5033	-0.2020	7.09	0.0077
6+8	2	3+12	2	0.0727	0.5033	0.7600	7.09	0.0077
7+9	1	2+12	1	-0.0969	-0.5932	-0.0364	9.85	0.0017
7+9	1	2+12	2	0.0969	0.5932	0.7917	9.85	0.0017
7+9	2	2+12	1	0.0969	0.5932	0.7917	9.85	0.0017
7+9	2	2+12	2	-0.0969	-0.5932	-0.4605	9.85	0.0017
7+9	1	5+10	1	0.1173	0.8756	0.9583	21.47	0.0000
7+9	1	5+10	2	-0.1173	-0.8756	-0.0244	21.47	0.0000
7+9	2	5+10	1	-0.1173	-0.8756	-0.6747	21.47	0.0000
7+9	2	5+10	2	0.1173	0.8756	0.9583	21.47	0.0000

2+12	1	5+10	1	-0.1212	-0.6774	-0.3097	12.85	0.0003
2+12	1	5+10	2	0.1212	0.6774	0.8261	12.85	0.0003
2+12	2	5+10	1	0.1212	0.6774	0.8261	12.85	0.0003
2+12	2	5+10	2	-0.1212	-0.6774	-0.0319	12.85	0.0003
2+12	1	3+12	1	-0.0727	-0.5033	-0.2020	7.09	0.0077
2+12	1	3+12	2	0.0727	0.5033	0.7600	7.09	0.0077
2+12	2	3+12	1	0.0727	0.5033	0.7600	7.09	0.0077
2+12	2	3+12	2	-0.0727	-0.5033	-0.0115	7.09	0.0077

Önem derecesi p<0.05 olan bağlantı eşitsizliği (LD) sayısı= 60
*Lewontin tarafından normalize edilmiş bağlantı eşitsizliği [331]
**Tüm Ki-Kare testleri bağımsız serbestlik derecelerine sahiptir.

Tablo 3.136 Karadeniz Bölgesi tekil çeşitlerinde bağlantı eşitsizliği (Weir [338]'e göre)

Alleller		Alleller		LD	Korelasyon	Lewontin*	Ki-Kare**	Olasılık
a1	b1	a2	b2					
1	1	7+8	1	-0.0997	-0.5669	-0.0436	6.11	0.0135
1	1	7+8	2	0.0997	0.5669	0.7500	6.11	0.0135
1	2	7+8	1	0.0997	0.5669	0.7500	6.11	0.0135
1	2	7+8	2	-0.0997	-0.5669	-0.3989	6.11	0.0135
1	1	20+20	1	0.0720	0.4845	0.5417	4.46	0.0347
1	1	20+20	2	-0.0720	-0.4845	-0.0180	4.46	0.0347
1	2	20+20	1	-0.0720	-0.4845	-0.3601	4.46	0.0347
1	2	20+20	2	0.0720	0.4845	0.5417	4.46	0.0347
2*	1	2+12	1	-0.1994	-0.8895	-0.1074	15.03	0.0001
2*	1	2+12	2	0.1994	0.8895	0.9231	15.03	0.0001
2*	2	2+12	1	0.1994	0.8895	0.9231	15.03	0.0001
2*	2	2+12	2	-0.1994	-0.8895	-0.3989	15.03	0.0001
2*	1	5+10	1	0.1634	0.7564	0.7564	10.87	0.0010
2*	1	5+10	2	-0.1634	-0.7564	-0.0754	10.87	0.0010
2*	2	5+10	1	-0.1634	-0.7564	-0.3541	10.87	0.0010
2*	2	5+10	2	0.1634	0.7564	0.7564	10.87	0.0010
7+8	1	20+20	1	-0.1330	-0.6761	-0.2849	8.69	0.0032
7+8	1	20+20	2	0.1330	0.6761	0.8000	8.69	0.0032
7+8	2	20+20	1	0.1330	0.6761	0.8000	8.69	0.0032
7+8	2	20+20	2	-0.1330	-0.6761	-0.0443	8.69	0.0032
6+8	1	4+12	1	0.0499	1.0000	1.0000	19.00	0.0000
6+8	1	4+12	2	-0.0499	-1.0000	-0.0028	19.00	0.0000
6+8	2	4+12	1	-0.0499	-1.0000	-0.8975	19.00	0.0000
6+8	2	4+12	2	0.0499	1.0000	1.0000	19.00	0.0000
20+20	1	8	1	0.0831	0.6642	0.8824	8.38	0.0038
20+20	1	8	2	-0.0831	-0.6642	-0.0111	8.38	0.0038
20+20	2	8	1	-0.0831	-0.6642	-0.3532	8.38	0.0038
20+20	2	8	2	0.0831	0.6642	0.8824	8.38	0.0038
2+12	1	5+10	1	-0.1994	-0.8895	-0.3704	15.03	0.0001
2+12	1	5+10	2	0.1994	0.8895	0.9231	15.03	0.0001
2+12	2	5+10	1	0.1994	0.8895	0.9231	15.03	0.0001
2+12	2	5+10	2	-0.1994	-0.8895	-0.0997	15.03	0.0001

Önem derecesi p<0.05 olan bağlantı eşitsizliği (LD) sayısı= 32
*Lewontin tarafından normalize edilmiş bağlantı eşitsizliği [331]
**Tüm Ki-Kare testleri bağımsız serbestlik derecelerine sahiptir.

Tablo 3.137 Doğu Anadolu Bölgesi tekil çeşitlerinde bağlantı eşitsizliği (Weir [338]'e göre)

Alleller		Alleller		LD	Korelasyon	Lewontin*	Ki-Kare**	Olasılık
a1	b1	a2	b2					
Null	1	20+20	1	0.0756	0.4485	0.6538	6.04	0.0140
Null	1	20+20	2	-0.0756	-0.4485	-0.0178	6.04	0.0140
Null	2	20+20	1	-0.0756	-0.4485	-0.1511	6.04	0.0140
Null	2	20+20	2	0.0756	0.4485	0.6538	6.04	0.0140
1	1	13+16	1	0.0311	0.6948	0.9655	14.48	0.0001
1	1	13+16	2	-0.0311	-0.6948	-0.0021	14.48	0.0001
1	2	13+16	1	-0.0311	-0.6948	-0.8711	14.48	0.0001
1	2	13+16	2	0.0311	0.6948	0.9655	14.48	0.0001
1	1	12	1	0.0322	1.0000	1.0000	30.00	0.0000
1	1	12	2	-0.0322	-1.0000	-0.0011	30.00	0.0000
1	2	12	1	-0.0322	-1.0000	-0.9344	30.00	0.0000
1	2	12	2	0.0322	1.0000	1.0000	30.00	0.0000
2*	1	2+12	1	-0.0856	-0.4198	-0.0707	5.29	0.0215
2*	1	2+12	2	0.0856	0.4198	0.4783	5.29	0.0215
2*	2	2+12	1	0.0856	0.4198	0.4783	5.29	0.0215
2*	2	2+12	2	-0.0856	-0.4198	-0.1344	5.29	0.0215
7+8	1	14+16	1	-0.0600	-0.4082	-0.1350	5.00	0.0253
7+8	1	14+16	2	0.0600	0.4082	0.6667	5.00	0.0253
7+8	2	14+16	1	0.0600	0.4082	0.6667	5.00	0.0253
7+8	2	14+16	2	-0.0600	-0.4082	-0.0100	5.00	0.0253
7+8	1	2+12	1	-0.0867	-0.3671	-0.1372	4.04	0.0444
7+8	1	2+12	2	0.0867	0.3671	0.3732	4.04	0.0444
7+8	2	2+12	1	0.0867	0.3671	0.3732	4.04	0.0444
7+8	2	2+12	2	-0.0867	-0.3671	-0.0530	4.04	0.0444
13+16	1	12	1	0.0311	0.6948	0.9655	14.48	0.0001
13+16	1	12	2	-0.0311	-0.6948	-0.0011	14.48	0.0001
13+16	2	12	1	-0.0311	-0.6948	-0.4511	14.48	0.0001
13+16	2	12	2	0.0311	0.6948	0.9655	14.48	0.0001
2+12	1	5+10	1	-0.1467	-0.6213	-0.1389	11.58	0.0007
2+12	1	5+10	2	0.1467	0.6213	0.6316	11.58	0.0007
2+12	2	5+10	1	0.1467	0.6213	0.6316	11.58	0.0007
2+12	2	5+10	2	-0.1467	-0.6213	-0.1600	11.58	0.0007

Önem derecesi $p<0.05$ olan bağlantı eşitsizliği (LD) sayısı= 32

*Lewontin tarafından normalize edilmiş bağlantı eşitsizliği [331]

**Tüm Ki-Kare testleri bağımsız serbestlik derecelerine sahiptir.

Tablo 3.138 Güneydoğu Anadolu Bölgesi tekil çeşitlerinde bağlantı eşitsizliği (Weir [338]'e göre)

Alleller		Alleller		LD	Korelasyon	Lewontin*	Ki-Kare**	Olasılık
a1	b1	a2	b2					
1	1	9	1	0.0694	0.6742	0.9091	5.45	0.0195
1	1	9	2	-0.0694	-0.6742	-0.0126	5.45	0.0195
1	2	9	1	-0.0694	-0.6742	-0.6944	5.45	0.0195
1	2	9	2	0.0694	0.6742	0.9091	5.45	0.0195
2*	1	7+9	1	0.0694	0.6742	0.9091	5.45	0.0195
2*	1	7+9	2	-0.0694	-0.6742	-0.0069	5.45	0.0195
2*	2	7+9	1	-0.0694	-0.6742	-0.3819	5.45	0.0195
2*	2	7+9	2	0.0694	0.6742	0.9091	5.45	0.0195
2*	1	3+12	1	0.0694	0.6742	0.9091	5.45	0.0195
2*	1	3+12	2	-0.0694	-0.6742	-0.0069	5.45	0.0195
2*	2	3+12	1	-0.0694	-0.6742	-0.3819	5.45	0.0195
2*	2	3+12	2	0.0694	0.6742	0.9091	5.45	0.0195
7+8	1	20+20	1	-0.1667	-0.6667	-0.1667	5.33	0.0209
7+8	1	20+20	2	0.1667	0.6667	0.6667	5.33	0.0209
7+8	2	20+20	1	0.1667	0.6667	0.6667	5.33	0.0209
7+8	2	20+20	2	-0.1667	-0.6667	-0.1667	5.33	0.0209
7+9	1	3+12	1	0.0764	1.0000	1.0000	12.00	0.0005
7+9	1	3+12	2	-0.0764	-1.0000	-0.0069	12.00	0.0005
7+9	2	3+12	1	-0.0764	-1.0000	-0.8403	12.00	0.0005
7+9	2	3+12	2	0.0764	1.0000	1.0000	12.00	0.0005
2+12	1	5+10	1	-0.1458	-0.6831	-0.2625	5.60	0.0180
2+12	1	5+10	2	0.1458	0.6831	0.7778	5.60	0.0180
2+12	2	5+10	1	0.1458	0.6831	0.7778	5.60	0.0180
2+12	2	5+10	2	-0.1458	-0.6831	-0.0625	5.60	0.0180

Önem derecesi $p<0.05$ olan bağlantı eşitsizliği (LD) sayısı= 24
*Lewontin tarafından normalize edilmiş bağlantı eşitsizliği [331]
**Tüm Ki-Kare testleri bağımsız serbestlik derecelerine sahiptir.

3.14. Alt çeşitlerde iki lokus analizleri

Bir koloninin A1 ve B1'lerinin korelasyonu tüm populasyonun göreli $(DST)^2$ ve $(D'IS)^2$'leri olarak ele alınırsa, göç sınırlandığında varyans büyük oranda artmaktadır. Aynı zamanda, kolonilerin yok olma-yer değiştirme oranları yüksek olduğu zaman, tüm populasyonun dengesizlik katsayısı $(D'ST)^2$ oldukça büyük olacaktır. İki allel arasında (birinci lokusta A1 ve A2, ikinci lokusta B1 ve B2) simetrik mutasyon oranı beklenmektedir [340, 341]..

Allellerin rastgele olmayan dağılımından sorumlu iki faktör bulunmaktadır:

1. Epistatik doğal seleksiyon
2. Rastgele genetik göç

Lokal kolonilerde heterozigosite oranının düşük olmasından dolayı lokuslar arasında rekombinasyon oranı düşük olmakta ve bağlantı eşitsizliği lokal koloniler arasında

gerçekleşmektedir. Denge durumunda bağlantı eşitsizliği katsayısının beklenen değeri sıfır olmaktadır.

$(D'IS)^2$= E[(xiyi-XY)^2]=0 ve

$(D'ST)^2$ = $(DIT)^2$ = $(DIS)^2$ olduğu durumlarda koloniler arasında çok az fark var demektir. Bu gibi durumlarda, bu bağlantı eşitsizliği ölçümünün kolonide (çoklu gen ailesi durumunda bir kromozom içinde) veya koloniler arasında (çoklu gen modelinde kromozomlar arasında) benzer olması beklenir.

$(DIS)^2$, $(DIT)^2$ ve $(D'ST)^2$ göç oranının fonksiyonunu veren üç parametredir (Ohta, 1982). Eğer bir koloni içerisindeki eşitsizlik toplam populasyona göre ölçülürse populasyon yapısındaki eşitsizlik varyansı yüksek olacaktır [$(DST)^2$ ve $(D'IS)^2$]. Bu, tesadüfi genetik göç tarafından farklı kolonilerde yayılan kromozomların farklı tiplerinden dolayıdır ve göç, karışık kromozom çeşitleri arasında yetersizdir.

Koloniler arasında yok olma- ortaya çıkma oranı hızlı ve koloni sayısı küçük olduğunda total populasyon eşitsizlik varyansı $(D'ST)^2$ çok büyük olmamaktadır.

$(D'IS)^2$ > $(D'ST)^2$ ve $(DST)^2$ > $(DIS)^2$ genellikle göç sınırlı olduğu zaman elde edilmektedir [339].

$(D'IS)^2$ < $(D'ST)^2$ ve $(DST)^2$ < $(DIS)^2$ bağlantı eşitsizliği epistatik doğal seleksiyon dolayıdır [340, 341].

$(D'IS)^2$ / $(D'ST)^2$ veya $(DST)^2$ / $(DIS)^2$ epistatik veya populasyon alt bölümlerinin faktörlerinin testi için bir ölçü olabilmektedir. Bunlar, gözlenen bağlantı eşitsizliğinin temel nedenleridir.

Bağlantı eşitsizliğinde sınırlı göç mü epistasi mi daha etkilidir? Bu soruya Ohta [339], sıkı bağlantı ve sınırlı göçün bağlantı eşitsizliğinde doğal seleksiyondan daha önemli olduğunu belirtmiştir. Epistatik seleksiyon etkisi rekombinasyon oranından daha büyük olduğunda sıkı ilişkili markırlarla bile bu durumu göstermenin oldukça zor olduğunu bildirmiştir.

$(DIS)^2$: Koloni içindeki eşitsizliğin varyansı

$(DST)^2$: Total populasyon ile ilişkili bir koloninin A1 ve B1 gibi farklı gametlerinin korelasyon varyansı

$(DIT)^2$: Eşitsizliğin toplam varyansı

$(D'IS)^2$: Populasyonun ortalama gametleri ile ilişkili bir koloninin bir gametinin A1 ve B1'lerinin korelasyonlarının varyansı

$(D'ST)^2$: Tüm populasyonun sıradan eşitsizliğinin varyansı

$(DIT)^2 = (D'IS)^2 + (D'ST)^2$; $(DIT)^2 \neq (DIS)^2 + (DST)^2$

Türkiye geneli çalışılan çeşitlerde gözlenen alt ünitelerin karşılıklı analizleri incelendiği zaman çeşitlerın genelinde sınırlı bir göçten bahsetmek mümkündür. Çeşitlerdeki bağlantı dengesizlikleri büyük orada sınırlı göçten kaynaklanmaktadır [$(D'IS)^2 > (D'ST)^2$ ve $(DST)^2 > (DIS)^2$]. Ancak Ax2* alt ünitesi ile Dx2+Dy12 ve Dx5+Dy10 alt üniteleri arasındaki ve Dx2+Dy12 ile Dx5+Dy10 alt üniteleri arasındaki bağlantı dengesizliklerinin epistatik doğal seleksiyondan kaynaklandığı söylenebilir [$(D'IS)^2 < (D'ST)^2$ ve $(DST)^2 < (DIS)^2$].

Tablo 3.139 Ohta [339]'nın alt çeşitlerde iki lokus analizi

Allel A	**Allel B**	**$(DIT)^2$**	**$(DIS)^2$**	**$(D'IS)^2$**	**$(DST)^2$**	**$(D'ST)^2$**
Null	1	0.04792	0.01264	0.04734	0.03616	0.00057
	2*	0.04418	0.00440	0.03993	0.03846	0.00425
	7+8	0.06134	0.01820	0.05550	0.03607	0.00584
	14+15	0.03601	0.00020	0.03585	0.03724	0.00016
	6+8	0.05463	0.00305	0.05434	0.04861	0.00029
	14+16	0.03453	0.00012	0.03446	0.03440	0.00007
	7+9	0.03664	0.00163	0.03362	0.03553	0.00302
	7	0.03751	0.00057	0.03738	0.03456	0.00013
	7*+8	0.04057	0.00048	0.04052	0.03789	0.00005
	20+20	0.06861	0.00988	0.06764	0.05472	0.00097
	8	0.03819	0.00068	0.03815	0.03590	0.00004
	17+18	0.04118	0.00055	0.04115	0.03768	0.00002
	13+16	0.03581	0.00082	0.03538	0.03789	0.00043
	13	0.04118	0.00055	0.04115	0.03768	0.00002
	13+15	0.03148	0.00074	0.03136	0.03456	0.00012
	9	0.04045	0.00044	0.04026	0.04128	0.00019
	2+12	0.05030	0.00579	0.04717	0.04388	0.00314
	5+10	0.05188	0.00801	0.05016	0.04300	0.00172
	3+12	0.03727	0.00301	0.03723	0.03849	0.00003
	4+12	0.04058	0.00114	0.04002	0.03753	0.00056
	2+12*	0.04057	0.00048	0.04052	0.03789	0.00005
	12	0.03601	0.00020	0.03585	0.03724	0.00016
	5	0.03351	0.00001	0.03348	0.03400	0.00003
	D(-)	0.03999	0.00250	0.03955	0.03782	0.00044
Toplam ortalama		0.02519	0.00276	0.02327	0.02210	0.00192

Tablo 3.139 Ohta [339]'nın alt çeşitlerde iki lokus analizi - Devamı

Allel A	Allel B	$(DIT)^2$	$(DIS)^2$	$(D'IS)^2$	$(DST)^2$	$(D'ST)^2$
	2*	0.04085	0.00373	0.03874	0.03084	0.00211
	7+8	0.04222	0.01303	0.04102	0.02245	0.00120
	14+15	0.00817	0.00000	0.00747	0.00818	0.00070
	6+8	0.03326	0.00092	0.03200	0.02904	0.00126
	14+16	0.01060	0.00149	0.01020	0.01280	0.00039
	7+9	0.03450	0.00241	0.03314	0.02627	0.00136
	7	0.01223	0.00010	0.01115	0.01114	0.00108
	7*+8	0.00827	0.00000	0.00761	0.00827	0.00067
	20+20	0.03716	0.00741	0.03530	0.04416	0.00186
	8	0.01163	0.00271	0.01121	0.01324	0.00042
	17+18	0.01039	0.00005	0.00951	0.00989	0.00088
1	13+16	0.00887	0.00055	0.00842	0.00827	0.00045
	13	0.01039	0.00005	0.00951	0.00989	0.00088
	13+15	0.01089	0.00197	0.01045	0.01114	0.00045
	9	0.01176	0.00276	0.01128	0.01393	0.00049
	2+12	0.04563	0.00393	0.04413	0.04244	0.00150
	5+10	0.04547	0.00394	0.04315	0.03480	0.00232
	3+12	0.01507	0.00070	0.01366	0.01143	0.00140
	4+12	0.01193	0.00022	0.01067	0.01008	0.00126
	2+12*	0.00827	0.00000	0.00761	0.00827	0.00067
	12	0.00928	0.00059	0.00883	0.00818	0.00045
	5	0.00873	0.00214	0.00835	0.01017	0.00039
	D(-)	0.00830	0.00316	0.00790	0.01143	0.00040
Toplam ortalama		0.02519	0.00276	0.02327	0.02210	0.00192

Tablo 3.139 Ohta [339]'nın alt çeşitlerde iki lokus analizi -Devamı

Allel A	Allel B	$(DIT)^2$	$(DIS)^2$	$(D'IS)^2$	$(DST)^2$	$(D'ST)^2$
	7+8	0.06006	0.02947	0.03980	0.02963	0.02026
	14+15	0.03369	0.00003	0.03356	0.03373	0.00013
	6+8	0.04994	0.00413	0.04878	0.04338	0.00116
	14+16	0.04930	0.00323	0.04915	0.03711	0.00015
	7+9	0.06084	0.03010	0.03483	0.04546	0.02601
	7	0.03539	0.00294	0.03403	0.03191	0.00135
	7*+8	0.03431	0.00014	0.03417	0.03419	0.00015
	20+20	0.07278	0.00901	0.06715	0.05248	0.00563
	8	0.02866	0.00096	0.02801	0.03347	0.00065
	17+18	0.03872	0.00221	0.03817	0.03143	0.00054
	13+16	0.03440	0.00018	0.03404	0.03419	0.00036
2*	13	0.03108	0.00001	0.03099	0.03143	0.00008
	13+15	0.02761	0.00074	0.02725	0.03191	0.00036
	9	0.03729	0.00176	0.03690	0.03574	0.00039
	2+12	**0.15759**	**0.10102**	**0.06542**	**0.05407**	**0.09217**
	5+10	**0.12678**	**0.07613**	**0.05266**	**0.05000**	**0.07412**
	3+12	0.03981	0.00749	0.03801	0.03186	0.00180
	4+12	0.03253	0.00172	0.03208	0.03306	0.00046
	2+12*	0.03431	0.00014	0.03417	0.03419	0.00015
	12	0.03369	0.00003	0.03356	0.03373	0.00013
	5	0.03982	0.00073	0.03974	0.03434	0.00008
	D(-)	0.03371	0.00016	0.03361	0.03382	0.00010
Toplam ortalama		0.02519	0.00276	0.02327	0.02210	0.00192

Tablo 3.139 Ohta [339]'nın alt çeşitlerde iki lokus analizi -Devamı

Allel A	Allel B	$(DIT)^2$	$(DIS)^2$	$(D'IS)^2$	$(DST)^2$	$(D'ST)^2$
7+8	14+15	0.02437	0.00023	0.02408	0.02356	0.00029
	6+8	0.07293	0.03384	0.06136	0.03718	0.01157
	14+16	0.02977	0.00259	0.02954	0.02242	0.00023
	7+9	0.03796	0.01445	0.02536	0.02670	0.01260
	7	0.02176	0.00115	0.02149	0.02219	0.00027
	7*+8	0.02583	0.00091	0.02558	0.02388	0.00025
	20+20	0.07226	0.03486	0.05260	0.03849	0.01966
	8	0.02687	0.00368	0.02612	0.02231	0.00075
	17+18	0.02580	0.00091	0.02558	0.02387	0.00022
	13+16	0.02408	0.00003	0.02367	0.02388	0.00041
	13	0.02580	0.00091	0.02558	0.02387	0.00022
	13+15	0.01952	0.00064	0.01915	0.02219	0.00037
	9	0.03291	0.00397	0.03128	0.02697	0.00163
	2+12	0.07292	0.03433	0.05837	0.03597	0.01455
	5+10	0.05488	0.02263	0.03908	0.03128	0.01580
	3+12	0.03190	0.00810	0.03078	0.02636	0.00112
	4+12	0.02725	0.00286	0.02682	0.02414	0.00042
	2+12*	0.02408	0.00003	0.02367	0.02388	0.00041
	12	0.02327	0.00010	0.02272	0.02356	0.00055
	5	0.03011	0.00149	0.02933	0.02204	0.00078
	D(-)	0.02583	0.00141	0.02560	0.02456	0.00023
Toplam ortalama		0.02519	0.00276	0.02327	0.02210	0.00192

Tablo 3.139 Ohta [339]'nın alt çeşitlerde iki lokus analizi -Devamı

Allel A	Allel B	$(DIT)^2$	$(DIS)^2$	$(D'IS)^2$	$(DST)^2$	$(D'ST)^2$
14+15	6+8	0.02945	0.00000	0.02897	0.02949	0.00048
	14+16	0.00724	0.00001	0.00717	0.00708	0.00007
	7+9	0.02272	0.00000	0.02262	0.02276	0.00011
	7	0.00206	0.00000	0.00203	0.00206	0.00003
	7*+8	0.00203	0.00000	0.00190	0.00193	0.00012
	20+20	0.04135	0.00001	0.03997	0.04135	0.00138
	8	0.00344	0.00000	0.00342	0.00344	0.00002
	17+18	0.00128	0.00000	0.00127	0.00128	0.00001
	13+16	0.00203	0.00000	0.00190	0.00193	0.00012
	13	0.00128	0.00000	0.00127	0.00128	0.00001
	13+15	0.00206	0.00000	0.00203	0.00206	0.00003
	9	0.00696	0.00000	0.00685	0.00696	0.00011
	2+12	0.04879	0.00025	0.04866	0.04616	0.00013
	5+10	0.03872	0.00010	0.03858	0.03767	0.00014
	3+12	0.00749	0.00001	0.00747	0.00740	0.00001
	4+12	0.00245	0.00000	0.00243	0.00244	0.00002
	2+12*	0.00203	0.00000	0.00190	0.00193	0.00012
	12	0.00087	0.00000	0.00082	0.00084	0.00005
	5	0.00144	0.00000	0.00142	0.00144	0.00002
	D(-)	0.00221	0.00000	0.00217	0.00221	0.00004
Toplam ortalama		0.02519	0.00276	0.02327	0.02210	0.00192

Tablo 3.139 Ohta [339]'nın alt çeşitlerde iki lokus analizi -Devamı

Allel A	Allel B	$(DIT)^2$	$(DIS)^2$	$(D'IS)^2$	$(DST)^2$	$(D'ST)^2$
6+8	14+16	0.02939	0.00001	0.02907	0.02943	0.00032
	7+9	0.04522	0.00126	0.04456	0.04005	0.00067
	7	0.03242	0.00018	0.03214	0.03059	0.00028
	7*+8	0.02960	0.00000	0.02906	0.02965	0.00054
	20+20	0.04986	0.00168	0.04797	0.04938	0.00189
	8	0.03220	0.00020	0.03196	0.03048	0.00024
	17+18	0.03385	0.00018	0.03351	0.03196	0.00034
	13+16	0.02960	0.00000	0.02906	0.02965	0.00054
	13	0.02864	0.00137	0.02751	0.03196	0.00113
	13+15	0.03242	0.00018	0.03214	0.03059	0.00028
	9	0.03131	0.00000	0.03102	0.03131	0.00029
	2+12	0.04848	0.00259	0.04808	0.04705	0.00041
	5+10	0.05245	0.00548	0.05176	0.04108	0.00069
	3+12	0.03188	0.00336	0.03096	0.03428	0.00093
	4+12	0.03243	0.00154	0.03193	0.02819	0.00051
	2+12*	0.02960	0.00000	0.02906	0.02965	0.00054
	12	0.02945	0.00000	0.02897	0.02949	0.00048
	5	0.02877	0.00000	0.02844	0.02877	0.00033
	D(-)	0.03127	0.00004	0.03097	0.03106	0.00030
Toplam ortalama		0.02519	0.00276	0.02327	0.02210	0.00192

Tablo 3.139 Ohta [339]'nın alt çeşitlerde iki lokus analizi -Devamı

Allel A	Allel B	$(DIT)^2$	$(DIS)^2$	$(D'IS)^2$	$(DST)^2$	$(D'ST)^2$
14+16	7+9	0.03710	0.00149	0.03689	0.02808	0.00022
	7	0.00981	0.00006	0.00978	0.00893	0.00004
	7*+8	0.00874	0.00003	0.00861	0.00834	0.00013
	20+20	0.04539	0.00034	0.04348	0.04412	0.00191
	8	0.01030	0.00006	0.01026	0.00950	0.00004
	17+18	0.00673	0.00000	0.00671	0.00673	0.00002
	13+16	0.00874	0.00003	0.00861	0.00834	0.00013
	13	0.00673	0.00000	0.00671	0.00673	0.00002
	13+15	0.00981	0.00006	0.00978	0.00893	0.00004
	9	0.01155	0.00000	0.01143	0.01155	0.00012
	2+12	0.05373	0.00292	0.05363	0.04837	0.00011
	5+10	0.05336	0.00294	0.05327	0.04163	0.00009
	3+12	0.01079	0.00006	0.01078	0.01034	0.00002
	4+12	0.00658	0.00001	0.00654	0.00647	0.00003
	2+12*	0.00721	0.00041	0.00682	0.00834	0.00039
	12	0.00724	0.00001	0.00717	0.00708	0.00007
	5	0.00580	0.00214	0.00532	0.00884	0.00048
	D(-)	0.00745	0.00000	0.00740	0.00745	0.00005
Toplam ortalama		0.02519	0.00276	0.02327	0.02210	0.00192

Tablo 3.139 Ohta [339]'nın alt çeşitlerde iki lokus analizi -Devamı

Allel A	Allel B	$(DIT)^2$	$(DIS)^2$	$(D'IS)^2$	$(DST)^2$	$(D'ST)^2$
7+9	7	0.02810	0.00037	0.02779	0.02398	0.00031
	7*+8	0.02276	0.00000	0.02265	0.02279	0.00012
	20+20	0.06674	0.00294	0.06139	0.05221	0.00535
	8	0.02939	0.00044	0.02899	0.02503	0.00040
	17+18	0.02219	0.00000	0.02201	0.02219	0.00018
	13+16	0.02276	0.00000	0.02265	0.02279	0.00012
	13	0.02219	0.00000	0.02201	0.02219	0.00018
	13+15	0.02810	0.00037	0.02779	0.02398	0.00031
	9	0.02887	0.00011	0.02838	0.02796	0.00050
	2+12	0.07732	0.02611	0.06118	0.05604	0.01614
	5+10	0.06510	0.02994	0.04704	0.04694	0.01806
	3+12	0.02898	0.00363	0.02893	0.02361	0.00006
	4+12	0.02372	0.00010	0.02327	0.02337	0.00045
	2+12*	0.02276	0.00000	0.02265	0.02279	0.00012
	12	0.02272	0.00000	0.02262	0.02276	0.00011
	5	0.02950	0.00037	0.02930	0.02530	0.00020
	D(-)	0.02480	0.00004	0.02450	0.02452	0.00030
Toplam ortalama		0.02519	0.00276	0.02327	0.02210	0.00192

Tablo 3.139 Ohta [339]'nın alt çeşitlerde iki lokus analizi -Devamı

Allel A	Allel B	$(DIT)^2$	$(DIS)^2$	$(D'IS)^2$	$(DST)^2$	$(D'ST)^2$
7	7*+8	0.00272	0.00000	0.00266	0.00272	0.00006
	20+20	0.04111	0.00007	0.03912	0.04098	0.00199
	8	0.00689	0.00003	0.00678	0.00641	0.00011
	17+18	0.00233	0.00221	0.00214	0.00372	0.00019
	13+16	0.00272	0.00000	0.00266	0.00272	0.00006
	13	0.00399	0.00001	0.00393	0.00372	0.00006
	13+15	0.00596	0.00003	0.00585	0.00540	0.00012
	9	0.00807	0.00000	0.00781	0.00807	0.00026
	2+12	0.05308	0.00264	0.05199	0.04376	0.00109
	5+10	0.03956	0.00294	0.03822	0.03524	0.00133
	3+12	0.00722	0.00001	0.00716	0.00712	0.00006
	4+12	0.00264	0.00000	0.00253	0.00264	0.00011
	2+12*	0.00272	0.00000	0.00266	0.00272	0.00006
	12	0.00206	0.00000	0.00203	0.00206	0.00003
	5	0.00433	0.00001	0.00425	0.00399	0.00007
	D(-)	0.00360	0.00000	0.00346	0.00360	0.00014
Toplam ortalama		0.02519	0.00276	0.02327	0.02210	0.00192

Tablo 3.139 Ohta [339]'nın alt çeşitlerde iki lokus analizi -Devamı

Allel A	Allel B	$(DIT)^2$	$(DIS)^2$	$(D'IS)^2$	$(DST)^2$	$(D'ST)^2$
7*+8	20+20	0.04171	0.00005	0.04032	0.04158	0.00138
	8	0.00395	0.00000	0.00390	0.00395	0.00005
	17+18	0.00205	0.00000	0.00200	0.00205	0.00005
	13+16	0.00347	0.00001	0.00327	0.00322	0.00020
	13	0.00205	0.00000	0.00200	0.00205	0.00005
	13+15	0.00272	0.00000	0.00266	0.00272	0.00006
	9	0.00755	0.00000	0.00744	0.00755	0.00011
	2+12	0.05167	0.00102	0.05154	0.04614	0.00013
	5+10	0.04078	0.00041	0.04064	0.03843	0.00015
	3+12	0.00856	0.00003	0.00851	0.00829	0.00005
	4+12	0.00321	0.00000	0.00316	0.00316	0.00005
	2+12*	0.00347	0.00001	0.00327	0.00322	0.00020
	12	0.00203	0.00000	0.00190	0.00193	0.00012
	5	0.00220	0.00000	0.00214	0.00220	0.00005
	D(-)	0.00293	0.00000	0.00287	0.00293	0.00006
Toplam ortalama		0.02519	0.00276	0.02327	0.02210	0.00192

Tablo 3.139 Ohta [339]'nın alt çeşitlerde iki lokus analizi - Devamı

Allel A	Allel B	$(DIT)^2$	$(DIS)^2$	$(D'IS)^2$	$(DST)^2$	$(D'ST)^2$
20+20	8	0.04178	0.00402	0.04097	0.04231	0.00081
	17+18	0.04070	0.00001	0.03905	0.04078	0.00165
	13+16	0.04171	0.00005	0.04032	0.04158	0.00138
	13	0.04070	0.00001	0.03905	0.04078	0.00165
	13+15	0.04111	0.00007	0.03912	0.04098	0.00199
	9	0.04458	0.00000	0.04356	0.04458	0.00102
	2+12	0.08059	0.01158	0.07833	0.06100	0.00226
	5+10	0.06383	0.00565	0.06276	0.05774	0.00107
	3+12	0.04990	0.00174	0.04670	0.03993	0.00321
	4+12	0.03581	0.00123	0.03476	0.04137	0.00105
	2+12*	0.04171	0.00005	0.04032	0.04158	0.00138
	12	0.04135	0.00001	0.03997	0.04135	0.00138
	5	0.04231	0.00006	0.04061	0.04205	0.00169
	D(-)	0.04408	0.00016	0.04218	0.04318	0.00190
Toplam ortalama		0.02519	0.00276	0.02327	0.02210	0.00192

Tablo 3.139 Ohta [339]'nın alt çeşitlerde iki lokus analizi -Devamı

Allel A	Allel B	$(DIT)^2$	$(DIS)^2$	$(D'IS)^2$	$(DST)^2$	$(D'ST)^2$
8	17+18	0.00523	0.00001	0.00517	0.00500	0.00005
	13+16	0.00395	0.00000	0.00390	0.00395	0.00005
	13	0.00523	0.00001	0.00517	0.00500	0.00005
	13+15	0.00584	0.00253	0.00567	0.00641	0.00016
	9	0.00888	0.00000	0.00862	0.00888	0.00025
	2+12	0.04265	0.00088	0.04233	0.04416	0.00032
	5+10	0.03223	0.00096	0.03161	0.03662	0.00062
	3+12	0.00645	0.00001	0.00637	0.00639	0.00008
	4+12	0.00448	0.00002	0.00436	0.00422	0.00012
	2+12*	0.00395	0.00000	0.00390	0.00395	0.00005
	12	0.00344	0.00000	0.00342	0.00344	0.00002
	5	0.00554	0.00001	0.00547	0.00525	0.00006
	D(-)	0.00473	0.00000	0.00460	0.00473	0.00013
17+18	13+16	0.00205	0.00000	0.00200	0.00205	0.00005
	13	0.00329	0.00001	0.00327	0.00300	0.00002
	13+15	0.00399	0.00001	0.00393	0.00372	0.00006
	9	0.00762	0.00000	0.00744	0.00762	0.00018
	2+12	0.05331	0.00191	0.05282	0.04331	0.00049
	5+10	0.04259	0.00221	0.04205	0.03476	0.00055
	3+12	0.00788	0.00001	0.00787	0.00777	0.00001
	4+12	0.00258	0.00000	0.00253	0.00258	0.00005
	2+12*	0.00205	0.00000	0.00200	0.00205	0.00005
	12	0.00128	0.00000	0.00127	0.00128	0.00001
	5	0.00217	0.00000	0.00214	0.00217	0.00003
	D(-)	0.00295	0.00000	0.00287	0.00295	0.00008
Toplam ortalama		0.02519	0.00276	0.02327	0.02210	0.00192

Tablo 3.139 Ohta [339]'nın alt çeşitlerde iki lokus analizi -Devamı

Allel A	Allel B	$(DIT)^2$	$(DIS)^2$	$(D'IS)^2$	$(DST)^2$	$(D'ST)^2$
13+16	13	0.00205	0.00000	0.00200	0.00205	0.00005
	13+15	0.00272	0.00000	0.00266	0.00272	0.00006
	9	0.00755	0.00000	0.00744	0.00755	0.00011
	2+12	0.04387	0.00034	0.04330	0.04614	0.00057
	5+10	0.03797	0.00003	0.03762	0.03843	0.00035
	3+12	0.00856	0.00003	0.00851	0.00829	0.00005
	4+12	0.00321	0.00000	0.00316	0.00316	0.00005
	2+12*	0.00347	0.00001	0.00327	0.00322	0.00020
	12	0.00119	0.00055	0.00082	0.00193	0.00038
	5	0.00220	0.00000	0.00214	0.00220	0.00005
	D(-)	0.00293	0.00000	0.00287	0.00293	0.00006
13	13+15	0.00399	0.00001	0.00393	0.00372	0.00006
	9	0.00762	0.00000	0.00744	0.00762	0.00018
	2+12	0.04211	0.00005	0.04201	0.04331	0.00009
	5+10	0.03437	0.00001	0.03429	0.03476	0.00008
	3+12	0.00788	0.00001	0.00787	0.00777	0.00001
	4+12	0.00258	0.00000	0.00253	0.00258	0.00005
	2+12*	0.00205	0.00000	0.00200	0.00205	0.00005
	12	0.00128	0.00000	0.00127	0.00128	0.00001
	5	0.00217	0.00000	0.00214	0.00217	0.00003
	D(-)	0.00295	0.00000	0.00287	0.00295	0.00008
Toplam ortalama		0.02519	0.00276	0.02327	0.02210	0.00192

Tablo 3.139 Ohta [339]'nın alt çeşitlerde iki lokus analizi -Devamı

Allel A	Allel B	$(DIT)^2$	$(DIS)^2$	$(D'IS)^2$	$(DST)^2$	$(D'ST)^2$
13+15	9	0.00807	0.00000	0.00781	0.00807	0.00026
	2+12	0.04183	0.00077	0.04157	0.04376	0.00026
	5+10	0.03121	0.00074	0.03085	0.03524	0.00036
	3+12	0.00722	0.00001	0.00716	0.00712	0.00006
	4+12	0.00264	0.00000	0.00253	0.00264	0.00011
	2+12*	0.00272	0.00000	0.00266	0.00272	0.00006
	12	0.00206	0.00000	0.00203	0.00206	0.00003
	5	0.00433	0.00001	0.00425	0.00399	0.00007
	D(-)	0.00360	0.00000	0.00346	0.00360	0.00014
9	2+12	0.05002	0.00011	0.04973	0.05004	0.00029
	5+10	0.04086	0.00099	0.04048	0.04100	0.00038
	3+12	0.01426	0.00011	0.01408	0.01310	0.00017
	4+12	0.01125	0.00011	0.01100	0.00980	0.00025
	2+12*	0.00755	0.00000	0.00744	0.00755	0.00011
	12	0.00696	0.00000	0.00685	0.00696	0.00011
	5	0.00776	0.00000	0.00757	0.00776	0.00020
	D(-)	0.00849	0.00000	0.00821	0.00849	0.00029
2+12	**5+10**	**0.15796**	**0.09709**	**0.05481**	**0.05570**	**0.10315**
	3+12	0.05844	0.01095	0.04878	0.04345	0.00966
	4+12	0.04828	0.00338	0.04489	0.04638	0.00339
	2+12*	0.04387	0.00034	0.04330	0.04614	0.00057
	12	0.04487	0.00009	0.04454	0.04616	0.00033
	5	0.04937	0.00073	0.04927	0.04716	0.00009
	D(-)	0.04568	0.00098	0.04501	0.04730	0.00067
Toplam ortalama		0.02519	0.00276	0.02327	0.02210	0.00192

Tablo 3.139 Ohta [339]'nın alt çeşitlerde iki lokus analizi -Devamı

Allel A	Allel B	$(DIT)^2$	$(DIS)^2$	$(D'IS)^2$	$(DST)^2$	$(D'ST)^2$
5+10	3+12	0.03722	0.00201	0.03598	0.03453	0.00124
	4+12	0.03787	0.00069	0.03752	0.03691	0.00036
	2+12*	0.04078	0.00041	0.04064	0.03843	0.00015
	12	0.03872	0.00010	0.03858	0.03767	0.00014
	5	0.04310	0.00073	0.04301	0.03793	0.00008
	D(-)	0.03690	0.00016	0.03680	0.03715	0.00010
3+12	4+12	0.01156	0.00020	0.01147	0.00989	0.00009
	2+12*	0.00856	0.00003	0.00851	0.00829	0.00005
	12	0.00749	0.00001	0.00747	0.00740	0.00001
	5	0.00667	0.00000	0.00666	0.00667	0.00002
	D(-)	0.01179	0.00016	0.01173	0.01016	0.00006
4+12	2+12*	0.00321	0.00000	0.00316	0.00316	0.00005
	12	0.00245	0.00000	0.00243	0.00244	0.00002
	5	0.00269	0.00000	0.00263	0.00269	0.00006
	D(-)	0.00566	0.00004	0.00553	0.00506	0.00013
2+12*	12	0.00203	0.00000	0.00190	0.00193	0.00012
	5	0.00220	0.00000	0.00214	0.00220	0.00005
	D(-)	0.00293	0.00000	0.00287	0.00293	0.00006
Toplam ortalama		0.02519	0.00276	0.02327	0.02210	0.00192

3.15. Brown'un çoklu lokus analizleri

Eğer populasyon alt yapılanması önlenir ve önceki alt çeşitler rastgele eşleşmeye devam ederse, ortalama homozigotluk azalır ve heterozigotluk da aynı derecede artar. Alt çeşitlerın birleşmesi sonucu ortalama homozigotluğun azalması fenomeni "Wahlund etkisi" olarak bilinmektedir. Alt çeşitlerın birleşmesi bu gruplarda sık görülen homozigot resesif allelin yol açtığı genetik hastalığı taşıyan bireylerin ortaya çıkma şansını azaltır. Çünkü homozigotluk azalır [342, 357]. Eğer alt çeşitler yeterince birbirinden ayrılmışsa heterozigotların azaldığı görülür. Bunun en basit niteliksel anlayışı, farklı alleller için sabit çeşitler düşüncesinden kaynaklanır. Heterozigotluğun beklentisi pek çok allelin olmasından kaynaklanacaktır ancak her biri onun kendi alt çeşitlerinde birleşmesinden (tüm bireyler homozigot) dolayı heterozigotluğun asla görülmemesi beklenir. Bütün alt çeşitler aynı gen frekansına sahip olduğu zaman var olan alt çeşitler arasında değişiklik ve Wahlund etkisi olmadığı görülür. Lokuslar bağımsız ise çoklu lokus analizinde K (bir çeşitte iki rastgele seçilmiş allellerin arasında heterozigot bölge sayısının gözlenen ve beklenen değerleri)'nin varyansı artacaktır. Gözlenen değer %95 üst sınır aralığından yüksek ise null hipotezi reddedilir. Bu durumda, örnek dağılımının normal olup olmadığı açık değildir [342, 357].

İzole çeşitler birbirleri ile kontak yaptığı ve ürediği zaman heterozigotların geçici olarak arttığı gözlenir. Bu duruma izolasyonun kırılması denir.

M1-M4 ilk dört gözlenen değer,
EM1-EM4 bu dört değerin sırasıyla beklenen değerleri,
X2-X4 heterozigotluk oranı (Xi=Mi/EMi-1).
K'nın gözlenen değerleri için hipotez testleri;
SEM2-SEM4, M2-M4'ün standart hatası
L2-L4, M2-M4'ün %95 alt sınır güven aralığı
U2-U4, M2-M4'ün %95 üst sınır güven aralığını ifade etmektedir [342, 357].

Çeşitler üzerinde yapılan çoklu lokus analizleri incelendiğinde Akdeniz ve Doğu Anadolu Bölgeleri dışında diğer bölgelerde gözlenen değerler %95 üst sınır güven aralığından (U2-U4) daha yüksek bulunmuştur (Tablo 3.140 ve 3.141). Bu nedenle bu çeşitlerde örneklerin normal dağılım göstermediği varsayılmaktadır. Akdeniz ve Doğu Anadolu bölgesinde ise örneklerin normal dağılım göstermektedir. Bölgeler arasında

ortalama en yüksek heterozigotluk 2.8214 değeri ile Ege Bölgesi'nde gözlenmiştir. Ortalama en düşük heterozigotluk ise -0.8204 ile Doğu Anadolu ve -0.8195 değeri ile de Akdeniz Bölgesi'nde gözlenmiştir.

Tablo 3.140 Tekil Çeşitlerde Brown'un Çoklu Lokus Analizi [342]

Populasyon	Gözlenen Değer		Beklenen Değer		Heterozigotluk	
Marmara Bölgesi	M1	3.7653	EM1	3.7653		
	M2	**6.0368**	EM2	2.3700	X2	1.5472
	M3	-1.9714	EM3	0.7703	X3	-3.5591
	M4	**73.9981**	EM4	16.3621	X4	3.5225
Ege Bölgesi	M1	2.9511	EM1	2.9511		
	M2	**4.5887**	EM2	2.0738	X2	1.2128
	M3	4.8909	EM3	0.9906	X3	3.9371
	M4	**55.5084**	EM4	12.8661	X4	3.3143
Akdeniz Bölgesi	M1	3.5372	EM1	3.5372		
	M2	4.0172	EM2	2.3362	X2	0.7196
	M3	-2.7199	EM3	0.8462	X3	-4.2143
	M4	32.2685	EM4	15.8485	X4	1.0361
İç Anadolu Bölgesi	M1	2.9184	EM1	2.9184		
	M2	**4.1668**	EM2	1.8479	X2	1.2549
	M3	-0.7596	EM3	0.5759	X3	-2.3191
	M4	**30.9118**	EM4	9.7676	X4	2.1647
Karadeniz Bölgesi	M1	3.4349	EM1	3.4349		
	M2	**4.9438**	EM2	2.1396	X2	1.3106
	M3	-0.3137	EM3	0.6184	X3	-1.5072
	M4	**49.1626**	EM4	13.1356	X4	2.7427
Doğu Anadolu Bölgesi	M1	3.6244	EM1	3.6244		
	M2	2.8390	EM2	2.3892	X2	0.1883
	M3	-1.7907	EM3	0.9526	X3	-2.8798
	M4	20.8009	EM4	16.9075	X4	0.2303
Güneydoğu Anadolu Bölgesi	M1	3.4722	EM1	3.4722		
	M2	**4.1659**	EM2	2.1501	X2	0.9376
	M3	-1.3681	EM3	0.6308	X3	-3.1687
	M4	**38.3495**	EM4	13.3137	X4	1.8805

Tablo 3.141 Tekil Çeşitlerde Brown'un Çoklu Lokus Analizi- K'nın gözlenen değerleri için hipotez testleri [342]

Populasyon İsmi	L2	U2	SEM2	L3	U3	SEM3	L4	U4	SEM4
Marmara Bölgesi	0.6528	4.0871	0.8761	-3.7731	5.3137	2.3181	-11.277	44.0014	14.1017
Ege Bölgesi	0.5926	3.5549	0.7557	-2.9721	4.9534	2.0218	-10.520	36.2522	11.9317
Akdeniz Bölgesi	0.4312	4.2411	0.9719	-4.1710	5.8634	2.5598	-14.388	46.0846	15.4266
İç Anadolu Bölgesi	0.9143	2.7815	0.4763	-1.5668	2.7185	1.0932	-1.5737	21.1089	5.7864
Karadeniz Bölgesi	0.8242	3.4550	0.6711	-2.6073	3.8441	1.6458	-5.2186	31.4899	9.3644
Doğu Anadolu Bölgesi	1.1916	3.5867	0.6110	-2.3595	4.2647	1.6899	-3.7878	37.6027	10.5588
Güneydoğu Anadolu Bölgesi	0.4821	3.8181	0.8510	-3.4906	4.7522	2.1028	-10.269	36.8963	12.0319

Populasyon alt bölümlerinin Brown'ın çoklu lokus analizi [357]

Tek lokus etkisi:

Ortalama gen çeşitliliği (MH): 2.169413

Çeşitliliğin varyansı (VH): 0.177999

Wahlund's etkisi (WH) : 0.110900

İki-Lokus etkisi:

Ortalama dengesizlik (MD): 1.103016

Wahlund's etkisi (WC): -0.015326

MD ve WC arasındaki interaksiyon (AI): 0.110017

Eşitsizliğin varyansı (VD): 0.768031

İnteraksiyonun ko-varyansı (CI): 0.061132

Toplam varyans (MH+VH+WH+MD+WC+AI): 3.656019

Ortalama varyans (MH+MD+AI+VD+CI): 4.211608

3.16. Alt ünitelerin çeşitlerde karşılaştırmalı analizleri

Allel ve alt ünitelerin çeşitler içerisinde ve çeşitler arasında karşılaştırmalı verileri Tablo 3.142'de verilmiştir. Elde edilen verilere göre Axnull, Bx6+By8, Bx7+By9, Bx20+By20, By9 ve Dx2+Dy12 alt ünitelerinin çeşitlerdeki dağılımında önemli derecede ($p<0.05$) farklılıklar gözlenmiştir. Diğer alt ünitelerin çeşitlerde beklenen ve gözlenen değerleri bakımından önemli bir fark gözlenememiştir ($p>0.05$).

Tablo 3.142 *Glu-1* Lokusu alt ünitelerinin Çeşitlerdeki Karşılaştırması

Populasyon	**İstatistikler**	**null**	**1**	**2***	**7+8**	**14+15**
Marmara Bölgesi	Gözlenen (O)	1	2	7	4	0
	Beklenen (E)	4.2326	1.1938	3.6899	7.5969	0.1085
	$(O-E)^2/E$	2.4688	0.5444	2.9693	1.7030	0.1085
	O*ln(O/E)	-1.4428	1.0320	4.4821	-2.5658	0.0000
Ege Bölgesi	Gözlenen (O)	7	2	1	9	0
	Beklenen (E)	4.5349	1.2791	3.9535	8.1395	0.1163
	$(O-E)^2/E$	1.3400	0.4063	2.2064	0.0910	0.1163
	O*ln(O/E)	3.0388	0.8940	-1.3746	0.9044	0.0000
Akdeniz Bölgesi	Gözlenen (O)	3	2	2	6	0
	Beklenen (E)	3.3256	0.9380	2.8992	5.9690	0.0853
	$(O-E)^2/E$	0.0319	1.2024	0.2789	0.0002	0.0853
	O*ln(O/E)	-0.3091	1.5143	-0.7426	0.0311	0.0000
İç Anadolu Bölgesi	Gözlenen (O)	4	0	9	15	0
	Beklenen (E)	8.4651	2.3876	7.3798	15.1938	0.2171
	$(O-E)^2/E$	2.3552	2.3876	0.3557	0.0025	0.2171
	O*ln(O/E)	-2.9986	0.0000	1.7862	-0.1926	0.0000
Karadeniz Bölgesi	Gözlenen (O)	7	3	6	12	0
	Beklenen (E)	5.7442	1.6202	5.0078	10.3101	0.1473
	$(O-E)^2/E$	0.2746	1.1752	0.1966	0.2770	0.1473
	O*ln(O/E)	1.3841	1.8483	1.0846	1.8214	0.0000
Doğu Anadolu Bölgesi	Gözlenen (O)	13	1	7	18	1
	Beklenen (E)	9.0698	2.5581	7.9070	16.2791	0.2326
	$(O-E)^2/E$	1.7031	0.9490	0.1040	0.1819	2.5326
	O*ln(O/E)	4.6800	-0.9393	-0.8528	1.8088	1.4586
Güneydoğu Anadolu Bölgesi	Gözlenen (O)	4	1	2	6	0
	Beklenen (E)	3.6279	1.0233	3.1628	6.5116	0.0930
	$(O-E)^2/E$	0.0382	0.0005	0.4275	0.0402	0.0930
	O*ln(O/E)	0.3906	-0.0230	-0.9166	-0.4910	0.0000
Ki-Kare		11.77018	7.286959	8.878583	5.019498	3.325781
Srb. Der		6	6	6	6	6
Olasılık		**0.067297**	**0.295123**	**0.180522**	**0.541315**	**0.766986**
G-Kare		12.97953	9.274860	9.341939	5.095071	2.943168
Srb. Der.		6	6	6	6	6
Olasılık		0.043362	0.158700	0.155241	0.531679	0.815945

Tablo 3.142 *Glu-1* Lokusu Allel ve alt ünitelerinin Çeşitlerdeki Karşılaştırması- Devamı

Populasyon	**İstatistikler**	**6+8**	**14+16**	**7+9**	**7**	**7*+8**
Marmara Bölgesi	Gözlenen (O)	0	2	5	1	0
	Beklenen (E)	1.7364	0.5426	1.5194	0.2171	0.2171
	$(O-E)^2/E$	1.7364	3.9141	7.9735	2.8242	0.2171
	O*ln(O/E)	0.0000	2.6089	5.9557	1.5276	0.0000
Ege Bölgesi	Gözlenen (O)	4	0	0	1	0
	Beklenen (E)	1.8605	0.5814	1.6279	0.2326	0.2326
	$(O-E)^2/E$	2.4605	0.5814	1.6279	2.5326	0.2326
	O*ln(O/E)	3.0619	0.0000	0.0000	1.4586	0.0000
Akdeniz Bölgesi	Gözlenen (O)	1	0	1	0	0
	Beklenen (E)	1.3643	0.4264	1.1938	0.1705	0.1705
	$(O-E)^2/E$	0.0973	0.4264	0.0315	0.1705	0.1705
	O*ln(O/E)	-0.3107	0.0000	-0.1771	0.0000	0.0000
İç Anadolu Bölgesi	Gözlenen (O)	9	0	4	0	0
	Beklenen (E)	3.4729	1.0853	3.0388	0.4341	0.4341
	$(O-E)^2/E$	8.7965	1.0853	0.3041	0.4341	0.4341
	O*ln(O/E)	8.5702	0.0000	1.0994	0.0000	0.0000
Karadeniz Bölgesi	Gözlenen (O)	1	0	2	0	0
	Beklenen (E)	2.3566	0.7364	2.0620	0.2946	0.2946
	$(O-E)^2/E$	0.7809	0.7364	0.0019	0.2946	0.2946
	O*ln(O/E)	-0.8572	0.0000	-0.0611	0.0000	0.0000
Doğu Anadolu Bölgesi	Gözlenen (O)	1	3	1	0	2
	Beklenen (E)	3.7209	1.1628	3.2558	0.4651	0.4651
	$(O-E)^2/E$	1.9897	2.9028	1.5630	0.4651	5.0651
	O*ln(O/E)	-1.3140	2.8434	-1.1804	0.0000	2.9172
Güneydoğu Anadolu Bölgesi	Gözlenen (O)	0	0	1	0	0
	Beklenen (E)	1.4884	0.4651	1.3023	0.1860	0.1860
	$(O-E)^2/E$	1.4884	0.4651	0.0702	0.1860	0.1860
	O*ln(O/E)	0.0000	0.0000	-0.2642	0.0000	0.0000
Ki-Kare		19.806303	10.519147	12.980653	7.015917	6.703937
Srb. Der		6	6	6	6	6
Olasılık		**0.002998**	**0.104424**	**0.043344**	**0.319378**	**0.349097**
G-Kare		20.850953	11.319158	12.246327	6.082669	5.939690
Srb. Der.		6	6	6	6	6
Olasılık		0.001951	0.078999	0.056694	0.413994	0.429980

Tablo 3.142 *Glu-1* Lokusu Allel ve alt ünitelerinin Çeşitlerdeki Karşılaştırması- Devamı

Populasyon	**İstatistikler**	**20+20**	**8**	**17+18**	**13+16**	**13**
Marmara Bölgesi	Gözlenen (O)	2	1	0	0	0
	Beklenen (E)	2.1705	0.4341	0.1085	0.2171	0.1085
	$(O-E)^2/E$	0.0134	0.7377	0.1085	0.2171	0.1085
	O*ln(O/E)	-0.1637	0.8345	0.0000	0.0000	0.0000
Ege Bölgesi	Gözlenen (O)	1	1	1	0	1
	Beklenen (E)	2.3256	0.4651	0.1163	0.2326	0.1163
	$(O-E)^2/E$	0.7556	0.6151	6.7163	0.2326	6.7163
	O*ln(O/E)	-0.8440	0.7655	2.1518	0.0000	2.1518
Akdeniz Bölgesi	Gözlenen (O)	2	0	0	0	0
	Beklenen (E)	1.7054	0.3411	0.0853	0.1705	0.0853
	$(O-E)^2/E$	0.0509	0.3411	0.0853	0.1705	0.0853
	O*ln(O/E)	0.3187	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
İç Anadolu Bölgesi	Gözlenen (O)	1	0	0	0	0
	Beklenen (E)	4.3411	0.8682	0.2171	0.4341	0.2171
	$(O-E)^2/E$	2.5714	0.8682	0.2171	0.4341	0.2171
	O*ln(O/E)	-1.4681	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Karadeniz Bölgesi	Gözlenen (O)	4	2	0	0	0
	Beklenen (E)	2.9457	0.5891	0.1473	0.2946	0.1473
	$(O-E)^2/E$	0.3773	3.3786	0.1473	0.2946	0.1473
	O*ln(O/E)	1.2237	2.4445	0.0000	0.0000	0.0000
Doğu Anadolu Bölgesi	Gözlenen (O)	4	0	0	2	0
	Beklenen (E)	4.6512	0.9302	0.2326	0.4651	0.2326
	$(O-E)^2/E$	0.0912	0.9302	0.2326	5.0651	0.2326
	O*ln(O/E)	-0.6033	0.0000	0.0000	2.9172	0.0000
Güneydoğu Anadolu Bölgesi	Gözlenen (O)	6	0	0	0	0
	Beklenen (E)	1.8605	0.3721	0.0930	0.1860	0.0930
	$(O-E)^2/E$	9.2105	0.3721	0.0930	0.1860	0.0930
	O*ln(O/E)	7.0256	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Ki-Kare		15.468458	7.474823	7.659375	6.703937	7.659375
Srb. Der		6	6	6	6	6
Olasılık		**0.016910**	**0.279156**	**0.264135**	**0.349097**	**0.264135**
G-Kare		13.645166	8.323150	4.363952	5.939690	4.363952
Srb. Der.		6	6	6	6	6
Olasılık		0.033861	0.215371	0.627551	0.429980	0.627551

Tablo 3.142 *Glu-1* Lokusu Allel ve alt ünitelerinin Çeşitlerdeki Karşılaştırması- Devamı

Populasyon	**İstatistikler**	**13+15**	**9**	**2+12**	**5+10**	**3+12**
Marmara Bölgesi	Gözlenen (O)	1	0	7	7	0
	Beklenen (E)	0.2171	0.2171	8.0310	3.9070	1.0853
	$(O-E)^2/E$	2.8242	0.2171	0.1324	2.4486	1.0853
	O*ln(O/E)	1.5276	0.0000	-0.9618	4.0820	0.0000
Ege Bölgesi	Gözlenen (O)	1	0	13	1	1
	Beklenen (E)	0.2326	0.2326	8.6047	4.1860	1.1628
	$(O-E)^2/E$	2.5326	0.2326	2.2452	2.4249	0.0228
	O*ln(O/E)	1.4586	0.0000	5.3644	-1.4318	-0.1508
Akdeniz Bölgesi	Gözlenen (O)	0	0	5	2	2
	Beklenen (E)	0.1705	0.1705	6.3101	3.0698	0.8527
	$(O-E)^2/E$	0.1705	0.1705	0.2720	0.3728	1.5436
	O*ln(O/E)	0.0000	0.0000	-1.1636	-0.8569	1.7050
İç Anadolu Bölgesi	Gözlenen (O)	0	0	19	5	3
	Beklenen (E)	0.4341	0.4341	16.0620	7.8140	2.1705
	$(O-E)^2/E$	0.4341	0.4341	0.5374	1.0134	0.3170
	O*ln(O/E)	0.0000	0.0000	3.1917	-2.2324	0.9709
Karadeniz Bölgesi	Gözlenen (O)	0	0	12	6	0
	Beklenen (E)	0.2946	0.2946	10.8992	5.3023	1.4729
	$(O-E)^2/E$	0.2946	0.2946	0.1112	0.0918	1.4729
	O*ln(O/E)	0.0000	0.0000	1.1546	0.7417	0.0000
Doğu Anadolu Bölgesi	Gözlenen (O)	0	0	11	12	3
	Beklenen (E)	0.4651	0.4651	17.2093	8.3721	2.3256
	$(O-E)^2/E$	0.4651	0.4651	2.2404	1.5721	0.1956
	O*ln(O/E)	0.0000	0.0000	-4.9231	4.3200	0.7639
Güneydoğu Anadolu Bölgesi	Gözlenen (O)	0	2	7	3	1
	Beklenen (E)	0.1860	0.1860	6.8837	3.3488	0.9302
	$(O-E)^2/E$	0.1860	17.6860	0.0020	0.0363	0.0052
	O*ln(O/E)	0.0000	4.7498	0.1173	-0.3300	0.0723
Ki-Kare		7.015917	19.807087	12.994915	11.041241	5.032450
Srb. Der		6	6	6	6	6
Olasılık		**0.319378**	**0.002997**	**0.043117**	**0.087110**	**0.539658**
G-Kare		6.082669	9.822023	13.773745	11.715677	7.112512
Srb. Der.		6	6	6	6	6
Olasılık		0.413994	0.132350	0.032268	0.068621	0.310567

Tablo 3.142 *Glu-1* Lokusu Allel ve alt ünitelerinin Çeşitlerdeki Karşılaştırması- Devamı

Populasyon	**İstatistikler**	**4+12**	**2+12***	**12**	**5**	**D(-)**
Marmara Bölgesi	Gözlenen (O)	0	0	0	1	0
	Beklenen (E)	0.5426	0.2171	0.1085	0.1085	0.1085
	$(O-E)^2/E$	0.5426	0.2171	0.1085	7.3228	0.1085
	O*ln(O/E)	0.0000	0.0000	0.0000	2.2208	0.0000
Ege Bölgesi	Gözlenen (O)	0	0	0	0	0
	Beklenen (E)	0.5814	0.2326	0.1163	0.1163	0.1163
	$(O-E)^2/E$	0.5814	0.2326	0.1163	0.1163	0.1163
	O*ln(O/E)	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Akdeniz Bölgesi	Gözlenen (O)	1	0	0	0	1
	Beklenen (E)	0.4264	0.1705	0.0853	0.0853	0.0853
	$(O-E)^2/E$	0.7718	0.1705	0.0853	0.0853	9.8125
	O*ln(O/E)	0.8525	0.0000	0.0000	0.0000	2.4619
İç Anadolu Bölgesi	Gözlenen (O)	1	0	0	0	0
	Beklenen (E)	1.0853	0.4341	0.2171	0.2171	0.2171
	$(O-E)^2/E$	0.0067	0.4341	0.2171	0.2171	0.2171
	O*ln(O/E)	-0.0818	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Karadeniz Bölgesi	Gözlenen (O)	1	0	0	0	0
	Beklenen (E)	0.7364	0.2946	0.1473	0.1473	0.1473
	$(O-E)^2/E$	0.0943	0.2946	0.1473	0.1473	0.1473
	O*ln(O/E)	0.3059	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Doğu Anadolu Bölgesi	Gözlenen (O)	1	2	1	0	0
	Beklenen (E)	1.1628	0.4651	0.2326	0.2326	0.2326
	$(O-E)^2/E$	0.0228	5.0651	2.5326	0.2326	0.2326
	O*ln(O/E)	-0.1508	2.9172	1.4586	0.0000	0.0000
Güneydoğu Anadolu Bölgesi	Gözlenen (O)	1	0	0	0	0
	Beklenen (E)	0.4651	0.1860	0.0930	0.0930	0.0930
	$(O-E)^2/E$	0.6151	0.1860	0.0930	0.0930	0.0930
	O*ln(O/E)	0.7655	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Ki-Kare		2.741019	6.703937	3.325781	8.278460	10.811080
Srb. Der		6	6	6	6	6
Olasılık		**0.840579**	**0.349097**	**0.766986**	**0.218404**	**0.094394**
G-Kare		3.489091	5.939690	2.943168	4.506931	5.009859
Srb. Der.		6	6	6	6	6
Olasılık		0.745421	0.429980	0.815945	0.608415	0.542549

4. BÖLÜM

TARTIŞMA ve SONUÇ

Türkiye geneli çalışılan 116 çeşitten 109'unun *Glu-1* kalite skoru hesaplanabilmiştir. 7 çeşitte kalite skoru hesaplanamamıştır. Bunların 7 tanesinde barındırdıkları alt ünitelerin bazılarının (Bx14+By15, Bx14+By16, By8 ve Bx6+By16) henüz kalite üzerine etkileri bilinmediği için kalite skorları hesaplanamamıştır. Türkiye geneli çeşitlerde ortalama *Glu-1* kalite skoru 6.07 olarak bulunmuştur.

TR55127-6 Kütahya örneğinde B genomunda sadece By8 alleli gözlenmiştir. Çalışılan örneklerde 34 çeşitte A genomunda herhangi bir allel gözlenememiştir. 24 çeşitde A genomunda sadece Axnull alleli tespit edilmiştir. 4 çeşitte Axnull alleli ile birlikte Ax2* alleli de bulunmaktadır. 4 çeşitte ise Axnull alleli ile birlikte Ax1 alleli de bulunmaktadır. 6 çeşitte yalnızca Ax1 alleli, 27 çeşitte da ise sadece Ax2* alleli bulunmaktadır.

Türkiye yerel ekmeklik buğday çeşitlerinin (116 çeşit) B genomunda Bx7+By8 70 çeşitte, Bx7+By9 14 çeşitte, Bx6+By8 16 çeşitte ve Bx20+By20 de 20 çeşitte gözlenmiştir.

Çalışılan 116 çeşidin D genomunda, 78 tanesinde Dx2+Dy12, 37 tanesinde Dx5+Dy10, 10 tanesinde Dx3+Dy12 5 tanesinde de Dx4+Dy12 alt üniteleri tespit edilmiştir. Çalışılan çeşitlerin A genomunda %30.23 frekans ile Axnull, %26.36 frekans ile Ax2* ve %8.53 frekans ile de Ax1 alt üniteleri gözlenmiştir (Tablo 4.1). B genomunda %54.26 frekans ile Bx7+By8, %15.50 frekans ile Bx20+By20, %12.40 frekans ile Bx6+By8 ve %10.85 frekans ile Bx7+By9 alt üniteleri gözlenmiştir. D genomunda %59.69 frekans ile Dx2+Dy12 ve %27.91 frekans ile de Dx5+Dy10 alt üniteleri gözlenmiştir. Diğer alt ünitelerin gözlenme oranları Tablo 4.1'de verilmiştir.

Tablo 4.1 Bölgeler bazında ve toplamda alt ünite frekansları

Bölgeler / Alt Ünite	Marmara Bölgesi	Ege Bölgesi	Akdeniz Bölgesi	İç Anadolu Bölgesi	Karadeniz Bölgesi	Doğu Anadolu Bölgesi	Güneydoğu Anadolu Bölgesi	Toplam Frekans
Glu-A1								
Null	0.0710	**0.4667**	0.2727	0.1429	0.3684	0.4333	0.3333	0.3023
1	0.1420	0.1333	**0.1818**	0.0000	0.1579	0.0333	0.0833	0.0853
2*	**0.5000**	0.0667	0.1818	0.3214	0.3158	0.2333	0.1667	0.2636
Glu-B1								
7+8	0.2850	0.6000	0.1818	0.5357	**0.6316**	0.6000	0.5000	0.5426
14+15	0.0000	0.000	**0.5455**	0.0000	0.0000	0.0333	0.0000	0.0078
6+8	0.0000	0.2667	0.0909	**0.3214**	0.0526	0.0333	0.0000	0.1240
14+16	**0.1420**	0.000	0.0000	0.0000	0.0000	0.1000	0.0000	0.0388
7+9	**0.3570**	0.000	0.0909	0.1429	0.1053	0.0333	0.0833	0.1085
7	**0.0710**	0.0667	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0155
7*+8	0.0000	0.000	0.0000	0.0000	0.0000	**0.0667**	0.0000	0.0155
20+20	0.1420	0.0667	0.1818	0.0357	0.2105	0.1333	**0.5000**	0.1550
8	0.0710	0.0667	0.0000	0.0000	**0.1053**	0.0000	0.0000	0.0310
17+18	0.0000	**0.0667**	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0078
13+16	0.0000	0.000	0.0000	0.0000	0.0000	**0.0667**	0.0000	0.0155
13	0.0000	**0.0667**	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0078
13+15	**0.0710**	0.0667	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0155
9	0.0000	0.000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	**0.1667**	0.0155
Glu-D1								
2+12	0.5000	**0.8667**	0.4545	0.6786	0.6316	0.3667	0.5833	0.5736
5+10	**0.5000**	0.0667	0.1818	0.1786	0.3158	0.4000	0.2500	0.2791
3+12	0.0000	0.0667	**0.1818**	0.1071	0.0000	0.1000	0.0833	0.0775
4+12	0.0000	0.0000	**0.0909**	0.0357	0.0526	0.0333	0.0833	0.0388
2+12*	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	**0.0667**	0.0000	0.0155
12	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	**0.0333**	0.0000	0.0078
5	**0.0710**	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0078
D(-)	0.0000	0.0000	**0.0909**	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0078
Ort. *Glu-1* skoru	**7.18**	**5.10**	**5.70**	**5.63**	**6.65**	**6.57**	**4.80**	**6.07**

Kalite üzerine bireysel alt ünitelerin katkısı çok farklı olmaktadır. Dx5+Dy10 alt ünitesinin katkısı en yüksek (kalite skoru 4) olurken Axnull, Bx7, Bx20+By20, Bx6+By8 ve Dx4+Dy12 alt ünitelerinin katkısı ise en düşük (kalite skoru 1) olmaktadır [182, 328]. Türkiye çeşitlerinde en yüksek Dx5+Dy10 frekansı Marmara Bölgesinde (%50.00), en düşük ise Ege Bölgesinde (%6.67) tespit edilmiştir. Bu alt ünitenin Türkiye geneli görülme sıklığı %27.91 olarak bulunmuştur (Tablo 4.1).

Türkiye genelinde 129 çeşitte 22 farklı allel tespit edilmiştir. Bu alleller 50 farklı kombinasyonda gözlenmiştir. Bu allellerin 3 tanesi *Glu-A1* lokusunda (Axnull, Ax1 ve Ax2*), 12 tanesi *Glu-B1* lokusunda (Bx6, Bx7, Bx7*, By8, By9, Bx13, Bx14, By15, By16, Bx17, By18, Bx20 ve By20) ve 7 tanesi de *Glu-D1* lokusunda (Dx2, Dx3, Dx4, Dx5, Dy10, Dy12 ve Dy12*) gözlenmiştir.

Gözlenen allelik kombinasyonlar arasında Bx7+By8, Dx2+Dy12 allelik kombinasyonu %22.48 frekans ile (29 çeşit) en yüksek gözlenme oranına sahiptir. Bundan başka Axnull, Bx7+By8, Dx2+Dy12 allelik kombinasyonu %10.08 (13 çeşit) ve Ax2*, Bx7+By9, Dx5+Dy10 allelik kombinasyonu da %8.53 (11 çeşit) frekansta gözlenmiştir. Belirlenen diğer tüm allelik kombinasyonlar %5'ten daha düşük frekansta gözlenmiştir.

Glu-1 kalite skoru 7.18 ile bölgeler arasında en yüksek oranda Marmara Bölgesinde belirlenmiştir (Tablo 4.1). Bunu 6.65 ile Karadeniz Bölgesi, 6.57 ile Doğu Anadolu Bölgesi, 5.70 ile Akdeniz Bölgesi, 5.63 ile İç Anadolu Bölgesi, 5.10 ile Ege Bölgesi ve 4.80 ile de Güneydoğu Anadolu Bölgesi izlemiştir.

Marmara Bölgesinde 15 farklı bireysel allel 9 farklı kombinasyonda düzenlenmiştir. Bu bölgede en sık rastlanan allelik kombinasyon %35.71 frekans ile Ax2*, Bx7+By9, Dx5+Dy10 allelik kombinasyonudur. Bunu %14.29 frekans ile Bx7+By8, Dx2+Dy12 allelik kombinasyonu izlemiştir. Ege Bölgesinde 16 bireysel allel 9 farklı kombinasyonda düzenlenmiştir. Bu bölgede en sık rastlanan allelik kombinasyon %26.67 frekans ile Axnull, Bx7+By8, Dx2+Dy12 allelik kombinasyonu olmuştur. Bunu %20 frekans ile Bx7+By8, Dx2+Dy12 allelik kombinasyonu izlemiştir. Akdeniz Bölgesinde 15 farklı bireysel allel 9 farklı kombinasyonda düzenlenmiştir. Bu bölgede en sık rastlanan allelik kombinasyon %18.18 frekans ile Bx7+By8, Dx3+Dy12 ve Bx7+By8, Dx2+Dy12 allelik kombinasyonları olmuştur. İç Anadolu Bölgesinde 13 farklı bireysel allel 9 farklı allelik kombinasyonda gözlenmiştir. Bu bölgede en sık rastlanan allelik kombinasyon %39.29 frekans ile Bx7+By8, Dx2+Dy12 allelik kombinasyonu olmuştur. Karadeniz Bölgesinde 13 farklı bireysel allel 12 farklı allelik kombinasyonda düzenlenmiştir. Bu bölgede en gözlenen allelik kombinasyon %26.32 frekans ile Bx7+By8, Dx2+Dy12 allelik kombinasyonu olmuştur. En fazla allel çeşitliliği ve allelik kombinasyon Doğu Anadolu Bölgesi'nde gözlenmiştir. Bu bölgede 20 farklı bireysel allel 22 farklı allelik kombinasyonda düzenlenmiştir. Bx7+By8, Dx5+Dy10 allelik kombinasyonu %16.67 frekans ile bu bölgede en fazla görülen allelik kombinasyon olmuştur. Güneydoğu Anadolu Bölgesinde ise 13 farklı bireysel allel 9 farklı allelik kombinasyonda gözlenmiştir. Bu kombinasyonlar arasında Bx7+By8, Dx2+Dy12; Bx20+By20, Dx2+Dy12 ve Axnull, Bx7+By8, Dx2+Dy12 allelik kombinasyonları en yüksek frekansa sahiptir (%16.67).

A genomunda, Axnull alt ünitesinin Türkiye geneli çeşitlerde görülme frekansı %30.23 iken bu alt ünite Ege Bölgesinde %46.67 frekans ile gözlenmiştir. Ax1 alt ünite frekansı Türkiye genelinde %8.53 iken bu alt ünite Akdeniz Bölgesinde %18.18 frekansta gözlenmiştir. Ax2* alt ünitesinin ise Türkiye ortalaması %26.36 iken bu alt ünite Marmara Bölgesinde %50 frekansta gözlenmiştir (Tablo 4.1).

B genomunda, Bx7+By8 alt ünitesi Karadeniz Bölgesinde en yüksek frekansta gözlenmiştir (%63.16). Bu alt ünitenin Türkiye ortalaması %54.26'ır. Bx14+By15 alt ünitesi Akdeniz Bölgesinde (%54.55), Bx6+By8 İç Anadolu Bölgesinde (%32.14), Bx14+By16 Marmara Bölgesinde (%14.2), Bx7+By9 Marmara Bölgesinde (%35.7), Bx7 Marmara Bölgesinde (%7.1), Bx7*+By8 Doğu Anadolu Bölgesinde (%6.67), Bx20+By20 Güneydoğu Anadolu Bölgesinde (%50), By8 Karadeniz Bölgesinde (%10.53), Bx17+By18 Ege Bölgesinde (%6.67), Bx13+By16 Doğu Anadolu Bölgesinde (%6.67), Bx13 Ege Bölgesinde (%6.67), Bx13+By15 Marmara Bölgesinde (%7.1) ve By9 Güneydoğu Anadolu Bölgesinde (%16.67) gözlenmiştir. Bu alt ünitelerin Türkiye geneli çeşitlerde ortalama görülme frekansları sırasıyla %0.78, %12.40, %3.88, %10.85, %1.55, %1.55, %15.50, %3.10, %0.78, %1.55, %0.78, %1.55, %1.55 olarak gözlenmiştir (Tablo 4.1).

D genomunda Dx2+Dy12 alt ünitesi %86.67 frekans ile en fazla Ege Bölgesinde gözlenmiştir. Bu alt ünitenin Türkiye ortalaması %57.36'dır. Dx5+Dy10 alt ünitesinin Türkiye ortalaması %27.91 iken bu alt ünite Marmara Bölgesinde %50 frekansta gözlenmiştir (Tablo 4.1).

Tablo 4.2 Bölgeler bazında *Glu-A1* lokusu genetik çeşitlilik verileri (Nei [329]'ye göre)

Bölgeler	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
Marmara Bölgesi	14	2.00 ± 0.00	1.49 ± 0.45	0.29 ± 0.19	0.45 ± 0.22
Ege Bölgesi	15	2.00 ± 0.00	1.48 ± 0.45	0.28 ± 0.19	0.44 ± 0.23
Akdeniz Bölgesi	11	2.00 ± 0.00	1.50 ± 0.14	0.33 ± 0.06	0.51 ± 0.06
İç Anadolu Bölgesi	28	1.67 ± 0.58	1.37 ± 0.39	0.23 ± 0.22	0.35 ± 0.32
Karadeniz Bölgesi	19	2.00 ± 0.00	1.66 ± 0.27	0.39 ± 0.11	0.57 ± 0.12
Doğu Anadolu Bölgesi	30	2.00 ± 0.00	1.53 ± 0.45	0.30 ± 0.22	0.46 ± 0.28
Güneydoğu Anadolu Bölgesi	12	2.00 ± 0.00	1.46 ± 0.32	0.29 ± 0.15	0.46 ± 0.18
Türkiye Geneli	129	2.00 ± 0.00	1.52 ± 0.29	0.32 ± 0.15	0.49 ± 0.18

* Na = Allellerin gözlenme sayısı
* Ne = Allellerin etki sayısı (Kimura and Crow [330]'a göre)
* h = Nei's [350] gen çeşitliliği
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]

Bu çalışmada kullanılan Türkiye yerel ekmeklik buğday çeşitlerinde *Glu-A1* lokusunda ortalama gen çeşitliliği (h) 0.32 ± 0.15 olarak bulunmuştur Tablo 4.2. Bu lokus bakımından çeşitler içerisinde gen çeşitliliği en yüksek 0.39 ± 0.11 ile Karadeniz Bölgesinde ve en düşük ise 0.23 ± 0.22 ile İç Anadolu Bölgesinde gözlenmiştir. Türkiye geneli çeşitlerde *Glu-A1* lokusunda genetik benzerlik oranı (I) ortalama 0.49 ± 0.18 olarak hesaplanmıştır. Bu oran Karadeniz bölgesinde 0.57 ± 0.12 ile en yüksek, 0.35 ± 0.32 ile de İç Anadolu bölgesinde en düşük olarak belirlenmiştir. Türkiye çeşitlerinde *Glu-A1* lokusu bakımından allellerin etki sayısı (Ne) ortalama 1.52 ± 0.29, allellerin gözlenme sayısı (Na) da ortalama 2.00 olarak bulunmuştur.

Tablo 4.3 Bölgeler bazında *Glu-B1* lokusu genetik çeşitlilik verileri (Nei [329]'ye göre)

Bölgeler	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
Marmara Bölgesi	14	1.50 ± 0.52	1.10 ± 0.15	0.08 ± 0.10	0.14 ± 0.17
Ege Bölgesi	15	1.57 ± 0.51	1.12 ± 0.23	0.08 ± 0.13	0.40 ± 0.19
Akdeniz Bölgesi	11	1.29 ± 0.47	1.09 ± 0.21	0.06 ± 0.12	0.10 ± 0.18
İç Anadolu Bölgesi	28	1.29 ± 0.47	1.10 ± 0.22	0.06 ± 0.14	0.10 ± 0.20
Karadeniz Bölgesi	19	1.36 ± 0.49	1.10 ± 0.24	0.07 ± 0.13	0.11 ± 0.20
Doğu Anadolu Bölgesi	30	1.57 ± 0.51	1.10 ± 0.23	0.07 ± 0.12	0.12 ± 0.18
Güneydoğu Anadolu Bölgesi	12	1.29 ± 0.47	1.12 ± 0.25	0.08 ± 0.15	0.12 ± 0.22
Türkiye Geneli	129	2.00 ± 0.00	1.10 ± 0.21	0.07 ± 0.12	0.13 ± 0.17

* Na = Allellerin gözlenme sayısı
* Ne = Allellerin etki sayısı (Kimura and Crow [330]'a göre)
* h = Nei's [350] gen çeşitliliği
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]

Bu çalışmada kullanılan Türkiye yerel ekmeklik buğday çeşitlerinde *Glu-B1* lokusunda ortalama gen çeşitliliği (h) 0.07 ± 0.12 olarak bulunmuştur (Tablo 4.3). Bu lokus bakımından çeşitler içerisinde gen çeşitliliği en yüksek 0.08 ± 0.15 ile Güneydoğu Anadolu Bölgesinde ve en düşük ise 0.06 ± 0.12 ile İç Anadolu ve Akdeniz Bölgelerinde gözlenmiştir. Türkiye geneli çeşitlerde *Glu-B1* lokusunda genetik benzerlik oranı (I) ortalama 0.13 ± 0.17 olarak hesaplanmıştır. Bu oran Ege bölgesinde 0.40 ± 0.19 ile en yüksek, 0.10 ± 0.18 ile de Akdeniz bölgesinde en düşük olarak belirlenmiştir. Türkiye çeşitlerinde *Glu-B1* lokusu bakımından allellerin etki sayısı (Ne) ortalama 1.10 ± 0.21, allellerin gözlenme sayısı (Na) da ortalama 2.00 olarak bulunmuştur (Tablo 4.3).

Bu çalışmada kullanılan Türkiye yerel ekmeklik buğday çeşitlerinde *Glu-D1* lokusunda ortalama gen çeşitliliği (h) 0.11 ± 0.17 olarak bulunmuştur (Tablo 4.4). Bu lokus bakımından çeşitler içerisinde gen çeşitliliği en yüksek 0.11 ± 0.19 ile Marmara Bölgesinde ve en düşük ise 0.07 ± 0.16 ile Ege Bölgesinde gözlenmiştir. Türkiye geneli

çeşitlerde *Glu-D1* lokusunda genetik benzerlik oranı (I) ortalama 0.18 ± 0.23 olarak hesaplanmıştır. Bu oran Doğu Anadolu bölgesinde 0.20 ± 0.21 ile en yüksek, 0.16 ± 0.24 ile de İç Anadolu bölgesinde en düşük olarak belirlenmiştir. Türkiye çeşitlerinde *Glu-D1* lokusu bakımından allellerin etki sayısı (Ne) ortalama 1.17 ± 0.30, allellerin gözlenme sayısı (Na) da ortalama 2.00 olarak bulunmuştur (Tablo 4.4).

Tablo 4.4 Bölgeler bazında *Glu-D1* lokusu genetik çeşitlilik verileri (Nei [329]'ye göre)

Bölgeler	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
Marmara Bölgesi	14	1.38 ± 0.52	1.19 ± 0.32	0.11 ± 0.19	0.17 ± 0.27
Ege Bölgesi	15	1.38 ± 0.52	1.13 ± 0.30	0.07 ± 0.16	0.19 ± 0.23
Akdeniz Bölgesi	11	1.63 ± 0.52	1.16 ± 0.21	0.11 ± 0.13	0.20 ± 0.20
İç Anadolu Bölgesi	28	1.50 ± 0.53	1.17 ± 0.33	0.10 ± 0.20	0.16 ± 0.24
Karadeniz Bölgesi	19	1.38 ± 0.52	1.17 ± 0.33	0.10 ± 0.18	0.16 ± 0.26
Doğu Anadolu Bölgesi	30	1.75 ± 0.46	1.16 ± 0.22	0.11 ± 0.14	0.20 ± 0.21
Güneydoğu Anadolu Bölgesi	12	1.50 ± 0.53	1.17 ± 0.29	0.11 ± 0.16	0.18 ± 0.24
Türkiye Geneli	129	2.00 ± 0.00	1.17 ± 0.30	0.11 ± 0.17	0.18 ± 0.23

* Na = Allellerin gözlenme sayısı
* Ne = Allellerin etki sayısı (Kimura and Crow [330]'a göre)
* h = Nei's [350] gen çeşitliliği
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]

Tablo 4.5 Bölgeler bazında bireysel allellere göre genetik çeşitlilik verileri (Nei [329]'ye göre)

Bölgeler	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
Marmara Bölgesi	14	1.68 ± 0.48	1.29 ± 0.33	0.18 ± 0.18	0.29 ± 0.26
Ege Bölgesi	15	1.73 ± 0.46	1.22 ± 0.30	0.14 ± 0.17	0.24 ± 0.23
Akdeniz Bölgesi	11	1.68 ± 0.48	1.25 ± 0.32	0.16 ± 0.17	0.26 ± 0.24
İç Anadolu Bölgesi	28	1.59 ± 0.50	1.25 ± 0.36	0.15 ± 0.19	0.24 ± 0.26
Karadeniz Bölgesi	19	1.59 ± 0.50	1.28 ± 0.37	0.17 ± 0.19	0.26 ± 0.27
Doğu Anadolu Bölgesi	30	1.91 ± 0.29	1.28 ± 0.32	0.18 ± 0.17	0.29 ± 0.23
Güneydoğu Anadolu Bölgesi	12	1.59 ± 0.50	1.27 ± 0.34	0.17 ± 0.18	0.26 ± 0.26
Türkiye Geneli	129	2.00 ± 0.00	1.28 ± 0.35	0.18 ± 0.18	0.28 ± 0.24

* Na = Allellerin gözlenme sayısı
* Ne = Allellerin etki sayısı (Kimura and Crow [330]'a göre)
* h = Nei's [350] gen çeşitliliği, * I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]

Bu çalışmada kullanılan Türkiye yerel ekmeklik buğday çeşitlerinde *Glu-1* lokusunda bireysel allellere göre ortalama gen çeşitliliği (h) 0.18 ± 0.18 olarak bulunmuştur (Tablo 4.5). Bireysel alleller bakımından çeşitler arasında önemli bir farklılık bulunmamaktadır. Türkiye geneli çeşitlerde *Glu-1* lokusunda bireysel alleller bakımından genetik benzerlik oranı (I) ortalama 0.28 ± 0.24 olarak hesaplanmıştır. Türkiye çeşitlerinde *Glu-1* lokusu bireysel alleller bakımından allellerin etki sayısı (Ne) ortalama 1.28 ± 0.35, allellerin gözlenme sayısı (Na) da ortalama 2.00 olarak bulunmuştur (Tablo 4.5).

Tablo 4.6 Bölgeler bazında bireysel alt ünitelere göre genetik çeşitlilik verileri (Nei [329]'ye göre)

Bölgeler	Örnek sayısı	Na*	Ne*	h*	I*
Marmara Bölgesi	14	1.52 ± 0.51	1.25 ± 0.36	0.15 ± 0.16	0.23 ± 0.27
Ege Bölgesi	15	1.56 ± 0.51	1.18 ± 0.28	0.12 ± 0.15	0.20 ± 0.22
Akdeniz Bölgesi	11	1.48 ± 0.51	1.22 ± 0.30	0.14 ± 0.17	0.22 ± 0.26
İç Anadolu Bölgesi	28	1.40 ± 0.50	1.19 ± 0.31	0.12 ± 0.17	0.18 ± 0.26
Karadeniz Bölgesi	19	1.44 ± 0.51	1.23 ± 0.33	0.14 ± 0.19	0.21 ± 0.27
Doğu Anadolu Bölgesi	30	1.68 ± 0.48	1.23 ± 0.33	0.16 ± 0.17	0.24 ± 0.24
Güneydoğu Anadolu Bölgesi	12	1.44 ± 0.51	1.23 ± 0.35	0.14 ± 0.19	0.21 ± 0.27
Türkiye Geneli	129	2.00 ± 0.00	1.23 ± 0.31	0.15 ± 0.17	0.24 ± 0.23

* Na = Allellerin gözlenme sayısı
* Ne = Allellerin etki sayısı (Kimura and Crow [330]'a göre)
* h = Nei's [350] gen çeşitliliği
* I = Shannon's Bilgi İndeksi [331]

Bu çalışmada kullanılan Türkiye yerel ekmeklik buğday çeşitlerinde *Glu-1* lokusunda bireysel alt ünitelere göre ortalama gen çeşitliliği (h) 0.15 ± 0.17 olarak bulunmuştur (Tablo 4.6). Bireysel alt üniteler bakımından çeşitler arasında önemli bir farklılık bulunmamaktadır. Türkiye geneli çeşitlerde *Glu-1* lokusunda bireysel alt üniteler bakımından genetik benzerlik oranı (I) ortalama 0.24 ± 0.23 olarak hesaplanmıştır. Türkiye çeşitlerinde *Glu-1* lokusu bireysel alt üniteler bakımından allellerin etki sayısı (Ne) ortalama 1.23 ± 0.31, allellerin gözlenme sayısı (Na) da ortalama 2.00 olarak bulunmuştur (Tablo 4.6).

Türkiye yerel ekmeklik buğday çeşitlerı Ewens-Watterson nötralite testi [334] veya homozigotluk testi bakımından incelenmiştir. Buna göre Axnull, Ax2*, Bx7+By8, Bx6+By8, Bx7+By9, Bx20+By20, Dx2+Dy12 ve Dx5+Dy10 alt ünitelerinin dengeli bir seleksiyona sahip olduğu ancak diğer alt ünitelerinin ise yönlü bir seleksiyona tabi oldukları gözlenmiştir. Ax1 alt ünitesi Türkiye geneli çeşitlerde yönlü seleksiyona tabi olmakla birlikte bu allel Akdeniz ve Karadeniz bölgelerinde dengeli bir seleksiyona sahiptir.

Türkiye yerel ekmeklik buğday çeşitlerinde *Glu-A1* lokusunda genetik çeşitlilik büyük oranda çeşit içi varyasyonlardan kaynaklanmaktadır. *Glu-A1* lokusunda ortalama genetik çeşitlilik (Ht) 0.33 ± 0.02 olarak hesaplanmıştır. Çeşitler içerisinde genetik çeşitlilik (Hs) 0.30 ± 0.01 iken çeşitler arasında (Gst) 0.08 olarak tespit edilmiştir. Çeşitler arasında gen akışı ise (Nm) 5.80 olarak hesaplanmıştır.

Türkiye yerel ekmeklik buğday çeşitlerinde *Glu-B1* lokusunda da genetik çeşitlilik büyük oranda çeşit içi varyasyonlardan kaynaklanmaktadır. *Glu-B1* lokusunda ortalama genetik çeşitlilik (Ht) 0.07 ± 0.01 olarak hesaplanmıştır. Çeşitler içerisinde genetik çeşitlilik (Hs) 0.07 ± 0.01 iken çeşitler arasında (Gst) 0.04 olarak tespit edilmiştir. Çeşitler arasında gen akışı ise (Nm) 10.12 olarak hesaplanmıştır. *Glu-B1* lokusu açısından çeşitler arası gen akışının *Glu-A1* lokusuna oranla çok daha etkili olduğu söylenebilir.

Türkiye yerel ekmeklik buğday çeşitlerinde *Glu-D1* lokusunda da genetik çeşitlilik büyük oranda çeşit içi varyasyonlardan kaynaklanmaktadır. *Glu-D1* lokusunda ortalama genetik çeşitlilik (Ht) 0.11 ± 0.03 olarak hesaplanmıştır. Çeşitler içerisinde genetik çeşitlilik (Hs) 0.10 ± 0.02 iken çeşitler arasında (Gst) 0.06 olarak tespit edilmiştir. Çeşitler arasında gen akışı ise (Nm) 8.04 olarak hesaplanmıştır. *Glu-D1* lokusunda da nispeten çeşitler arsı gen akışından söz edilebilir.

Türkiye yerel ekmeklik buğday çeşitlerinde *Glu-1* lokusunda bireysel allellere göre genetik çeşitlilik büyük oranda çeşit içi varyasyonlardan kaynaklanmaktadır. *Glu-1* lokusunda ortalama genetik çeşitlilik (Ht) 0.18 ± 0.03 olarak hesaplanmıştır. Çeşitler içerisinde genetik çeşitlilik (Hs) 0.16 ± 0.03 iken çeşitler arasında (Gst) 0.06 olarak tespit edilmiştir. Çeşitler arasında gen akışı ise (Nm) 7.67 olarak hesaplanmıştır.

Türkiye yerel ekmeklik buğday çeşitlerinde *Glu-1* lokusunda bireysel alt ünitelere göre de genetik çeşitlilik büyük oranda çeşit içi varyasyonlardan kaynaklanmaktadır. *Glu-1* lokusunda ortalama genetik çeşitlilik (Ht) 0.15 ± 0.03 olarak hesaplanmıştır. Çeşitler içerisinde genetik çeşitlilik (Hs) 0.14 ± 0.02 iken çeşitler arasında (Gst) 0.08 olarak tespit edilmiştir. Çeşitler arasında gen akışı ise (Nm) 5.35 olarak hesaplanmıştır.

Nei'nin orijinal ölçümüne göre [336], *Glu-A1* lokusunda en yüksek benzerlik Akdeniz bölgesi ile Güneydoğu Anadolu bölgesi arasında (0.9938), en düşük ise Marmara bölgesi ile Ege bölgesi arasında (0.8388) gözlenmiştir. Marmara bölgesi ile Ege bölgesi arasındaki genetik mesafe 0.1758 ile en yüksek, Akdeniz bölgesi ile Güneydoğu Anadolu bölgesi arasındaki genetik mesafe ise 0.0062 ile en düşük olarak hesaplanmıştır.

Nei'nin yansız ölçümüne göre [337], *Glu-A1* lokusunda en yüksek benzerlik orijinal ölçümde olduğu gibi Akdeniz bölgesi ile Güneydoğu Anadolu bölgesi arasında

(1.0148), en düşük ise Marmara bölgesi ile Ege bölgesi arasında (0.8512) gözlenmiştir. Marmara bölgesi ile Ege bölgesi arasındaki genetik mesafe 0.1611 ile en yüksek, Akdeniz bölgesi ile Güneydoğu Anadolu bölgesi arasındaki genetik mesafe ise -0.0147 ile en düşük olarak hesaplanmıştır.

Nei'nin orijinal ölçümüne göre [336], *Glu-B1* lokusunda en yüksek benzerlik Akdeniz bölgesi ile Doğu Anadolu bölgesi arasında (0.9993), en düşük ise Marmara bölgesi ile Ege bölgesi ve İç Anadolu bölgesi ile Güneydoğu Anadolu bölgesi arasında (0.9911) gözlenmiştir. Marmara bölgesi ile Ege bölgesi arasındaki genetik mesafe 0.0089 ile en yüksek, Akdeniz bölgesi ile Karadeniz bölgesi arasındaki genetik mesafe ise 0.0006 ile en düşük olarak hesaplanmıştır.

Nei'nin yansız ölçümüne göre [337], *Glu-B1* lokusunda en yüksek benzerlik orijinal ölçümün aksine Akdeniz bölgesi ile Karadeniz bölgesi arasında (1.0018), en düşük ise İç Anadolu bölgesi ile Güneydoğu Anadolu bölgesi arasında (0.9935) gözlenmiştir. İç Anadolu bölgesi ile Güneydoğu Anadolu bölgesi arasındaki genetik mesafe 0.0065 ile en yüksek, Akdeniz bölgesi ile Karadeniz bölgesi arasındaki genetik mesafe ise -0.0018 ile en düşük olarak hesaplanmıştır.

Nei'nin orijinal ölçümüne göre [336], *Glu-D1* lokusunda en yüksek benzerlik Karadeniz bölgesi ile Güneydoğu Anadolu bölgesi arasında (0.9993), en düşük ise Doğu Anadolu bölgesi ile Ege bölgesi arasında (0.9693) gözlenmiştir. Doğu Anadolu bölgesi ile Ege bölgesi arasındaki genetik mesafe 0.0312 ile en yüksek, Karadeniz bölgesi ile Güneydoğu Anadolu bölgesi arasındaki genetik mesafe ise 0.0007 ile en düşük olarak hesaplanmıştır.

Nei'nin yansız ölçümüne göre [337], *Glu-D1* lokusunda en yüksek benzerlik Akdeniz bölgesi ile Güneydoğu Anadolu bölgesi arasında (1.0036), en düşük ise Doğu Anadolu bölgesi ile Ege bölgesi arasında (0.9717) gözlenmiştir. Doğu Anadolu bölgesi ile Ege bölgesi arasındaki genetik mesafe 0.0287 ile en yüksek, Akdeniz bölgesi ile Güneydoğu Anadolu bölgesi arasındaki genetik mesafe ise -0.0035 ile en düşük olarak hesaplanmıştır.

Nei'nin orijinal ölçümüne göre [336], *Glu-1* lokusunda bireysel allellere göre en yüksek benzerlik Karadeniz bölgesi ile Akdeniz bölgesi arasında (0.9953), en düşük ise Marmara bölgesi ile Ege bölgesi arasında (0.9472) gözlenmiştir. Marmara bölgesi ile

Ege bölgesi arasındaki genetik mesafe 0.0543 ile en yüksek, Karadeniz bölgesi ile Akdeniz bölgesi arasındaki genetik mesafe ise 0.0047 ile en düşük olarak hesaplanmıştır.

Nei'nin yansız ölçümüne göre [337], *Glu-1* lokusunda bireysel allellere göre en yüksek benzerlik Akdeniz bölgesi ile Güneydoğu Anadolu bölgesi arasında (1.0041), en düşük ise Marmara bölgesi ile Ege bölgesi arasında (0.9538) gözlenmiştir. Marmara bölgesi ile Ege bölgesi arasındaki genetik mesafe 0.0473 ile en yüksek, Akdeniz bölgesi ile Güneydoğu Anadolu bölgesi arasındaki genetik mesafe ise -0.0041 ile en düşük olarak hesaplanmıştır.

Nei'nin orijinal ölçümüne göre [336], *Glu-1* lokusunda bireysel alt ünitelere göre en yüksek benzerlik Karadeniz bölgesi ile Akdeniz bölgesi arasında (0.9935), en düşük ise Marmara bölgesi ile Ege bölgesi arasında (0.9536) gözlenmiştir. Marmara bölgesi ile Ege bölgesi arasındaki genetik mesafe 0.0475 ile en yüksek, Karadeniz bölgesi ile Akdeniz bölgesi arasındaki genetik mesafe ise 0.0066 ile en düşük olarak hesaplanmıştır.

Nei'nin yansız ölçümüne göre [337], *Glu-1* lokusunda bireysel alt ünitelere göre en yüksek benzerlik Akdeniz bölgesi ile Karadeniz bölgesi arasında (0.9995), en düşük ise Marmara bölgesi ile Ege bölgesi arasında (0.9589) gözlenmiştir. Marmara bölgesi ile Ege bölgesi arasındaki genetik mesafe 0.0419 ile en yüksek, Akdeniz bölgesi ile Karadeniz bölgesi arasındaki genetik mesafe ise 0.0005 ile en düşük olarak hesaplanmıştır.

Nei'nin orijinal ölçümüne göre *Glu-A1* lokusu için çizilen dendogram incelendiği zaman Marmara bölgesi ile İç Anadolu bölgesi aynı yerde kümelenme göstermiştir. Akdeniz bölgesi ile Güneydoğu Anadolu bölgesi ve Karadeniz bölgesi ile de Doğu Anadolu bölgesi aynı yerde kümelenmiştir. Ege bölgesi diğer tüm bölgelerden ayrı olarak kümelenme göstermiştir. Nei'nin yansız ölçümüne göre *Glu-A1* lokusu bakımından Marmara bölgesi ile İç Anadolu bölgesi, Ege bölgesi ile Güneydoğu Anadolu bölgesi, Akdeniz bölgesi ile de Karadeniz bölgesi aynı yerde kümelenme göstermiş, Doğu Anadolu bölgesi tüm bu bölgelerden ayrılmıştır.

Nei'nin orijinal ölçümüne göre *Glu-B1* lokusu için çizilen dendogram incelendiği zaman Ege bölgesi ile İç Anadolu bölgesi aynı yerde kümelenme göstermiştir. Akdeniz

bölgesi ile de Karadeniz bölgesi aynı yerde kümelenmiştir. Diğer bölgeler bireysel olarak kümelenme göstermiş ve bu bölgelerden ayrılmıştır. Nei'nin yansız ölçümüne göre *Glu-B1* lokusu bakımından İç Anadolu bölgesi, Ege bölgesi ve Akdeniz bölgesi aynı yerde kümelenme göstermiştir. Doğu Anadolu bölgesi ile de Karadeniz bölgesi aynı yerde kümelenmiş diğer bölgeler tüm bu bölgelerden ayrılmıştır.

Nei'nin orijinal ölçümüne göre *Glu-D1* lokusu için çizilen dendogram incelendiği zaman Marmara bölgesi ile Doğu Anadolu bölgesi ve Karadeniz bölgesi ile de Güneydoğu Anadolu bölgesi aynı yerde kümelenme göstermiştir. Diğer bölgeler bireysel olarak kümelenme göstermiş ve bu bölgelerden ayrılmıştır. Nei'nin yansız ölçümüne göre *Glu-D1* lokusu bakımından Marmara bölgesi, Karadeniz bölgesi ve Güneydoğu Anadolu bölgesi aynı yerde kümelenme göstermiştir. Doğu Anadolu bölgesi ile de Akdeniz bölgesi aynı yerde kümelenmiş diğer bölgeler tüm bu bölgelerden ayrılmıştır.

Nei'nin orijinal ölçümüne göre *Glu-1* lokusu bireysel alleller ve bireysel alt üniteler için çizilen dendogram incelendiği zaman her iki dendogram da aynı çıkmış, Akdeniz bölgesi ile Karadeniz bölgesi ve Ege bölgesi ile de İç Anadolu bölgesi aynı yerde kümelenme göstermiştir. Diğer bölgeler bireysel olarak kümelenme göstermiş ve bu bölgelerden ayrılmıştır. Nei'nin yansız ölçümüne göre *Glu-1* lokusu bireysel alleller ve alt üniteler bakımından Akdeniz bölgesi ile Karadeniz bölgesi ve İç Anadolu bölgesi ile de Ege bölgesi aynı yerde kümelenme göstermiş, diğer bölgeler tüm bu bölgelerden ayrılmıştır.

Türkiye ait çalışılan yerel ekmeklik buğday çeşitleri bağlantı eşitsizliği bakımından incelendiğinde, bireysel alt üniteler arasında önemli derecede ($p<0.05$) bağlantı eşitsizliği tespit edilmiştir.

Türkiye yerel ekmeklik buğday çeşitlerinde gözlenen alt ünitelerin karşılıklı analizleri incelendiği zaman çeşitlerin genelinde sınırlı bir göçten bahsetmek mümkündür. Çeşitlerdeki bağlantı dengesizlikleri büyük oranda sınırlı göçten kaynaklanmaktadır. Ancak Ax2* alt ünitesi ile Dx2+Dy12 ve Dx5+Dy10 alt üniteleri arasındaki ve Dx2+Dy12 alt ünitesi ile Dx5+Dy10 alt ünitesi arasındaki bağlantı dengesizliklerinin epistatik doğal seleksiyondan kaynaklı olduğu tespit edilmiştir.

Çeşitler üzerinde yapılan çoklu lokus analizlerinde Akdeniz bölgesi ve Doğu Anadolu bölgesi dışında diğer bölgelerde gözlenen F değerleri %95 üst sınır güven aralığı dışında bulunmuştur. Bu nedenle bu çeşitlerde örneklerin normal dağılım göstermediği varsayılmaktadır. Akdeniz bölgesi ile Doğu Anadolu bölgesinde ise örnekler normal dağılım göstermektedir.

Bölgeler arasında ortalama en yüksek heterozigotluk 2.8214 ile Ege bölgesinde gözlenmiştir. Ortalama en düşük heterozigotluk ise -0.8204 ile Doğu Anadolu bölgesi ve -0.8195 ile de Akdeniz bölgesinde gözlenmiştir.

Çeşitlerde tek lokus etkisi bakımından ortalama gen çeşitliliği 2.169 bulunmuştur (çeşitlilik varyansı 0.178 ve Wahlund's etkisi 0.111). Çeşitlerde iki lokus etkisi bakımından ortalama dengesizlik 1.103 olarak hesaplanmıştır. Wahlund's etkisi -0.015, eşitsizliğin varyansı 0.768, interaksiyon ko-varyansı 0.061, toplam varyans 3.656 ve ortalama varyans 4.212 olarak bulunmuştur. Ortalama dengesizlik ile Wahlund's etkisi arasındaki interaksiyon ise 0.110 olarak belirlenmiştir.

Alt ünitelerin çeşitlerde karşılaştırmalı analizlerine bakıldığı zaman, Axnull, Bx6+By8, Bx7+By9, Bx20+By20, By9 ve Dx2+Dy12 alt ünitelerinin çeşitlerdeki dağılımında önemli derecede ($p<0.05$) farklılıklar gözlenmiştir. Diğer alt ünitelerin çeşitlerde beklenen ve gözlenen değerleri bakımından önemli bir fark gözlenmemiştir ($p>0.05$).

Nakamura *et al.,* [358] Kapon yaygın buğdaylarının *Glu-1* bölgelerinin yüksek moleküler ağırlıklı glutenin alt ünitelerindeki allelik varyasyonu çalışmışlardır. Çalışılan 131 buğdayda 14 farklı allel tanımlamışlardır. Bunlardan 3 tanesi *Glu-A1* lokusunda, 6 tanesi *Glu-B1* lokusunda ve 5 tanesi de *Glu-D1* lokusundadır. Türkiye çeşitlerinde yapılan bu çalışmada 22 farklı allel tespit edilmiştir. Bunların 3 tanesi *Glu-A1* lokusunda, 12 tanesi *Glu-B1* lokusunda ve 7 tanesi de *Glu-D1* lokusundadır.

Buğday tohum depo proteinlerinin yüksek ağırlıklı 1, 2* ve null alt üniteleri sırasıyla *Glu-A1*a, *Glu-A1*b ve *Glu-A1*c tarafından kontrol edilmektedir. Kromozom 1A üzerinde bulunan null allellerin Japon buğdaylarında (özellikle de Norin çeşidinde) görülme sıklığı yüksektir (%74) [358]. Japon buğdaylarında 1 alt ünitesinin görülme sıklığı %12.2 ve 2* alt ünitesinin görülme sıklığı da %13.7 olarak bulunmuştur. Türkiye çeşitlerinde Axnull alleli %30.23 ve Ax1 alleli %8.53 frekans ile Japon buğdaylarından

daha düşük frekansta gözlenmiş ancak Ax2* alleli de %26.36 frekans ile daha yüksek oranda gözlenmiştir.

Japon buğdaylarında kromozom 1B üzerinde *Glu-B1*a'dan *Glu-B1*k'ya kadar çeşitlenen 11 kodominant allel tespit edilmişken [358] Türkiye çeşitlerinde 12 allel tespit edilmiştir. Genler tarafından Japon buğdaylarında 11 farklı HMW alt ünitesi kontrol edilirken Türkiye çeşitlerinde 14 HMW alt ünitesi kontrol edilmektedir. 7, 13+16, 14+15, 21 ve 22 alt üniteleri Japon ekmeklik buğdaylarında görülmemişken [358] bu alt ünitelerden sadece 21 ve 22 alt üniteleri bu çalışmada kullanılan Türkiye çeşitlerinde görülememiştir. Japon buğdaylarında 6+8, 20, 13+19 ve 17+18 alt ünitelerinin frekansları oldukça düşük bulunmuştur (yaklaşık %0.8-%1.5) [358]. Bu alt ünitelerden 13+19 alt ünitesine Türkiye çeşitlerinde rastlanmamışken 20 alt ünitesi %16, 6+8 alt ünitesine %12.40 frekansta rastlanmıştır. 17+18 alt ünitesinin frekansı Türkiye çeşitlerinde oldukça düşük frekansta gözlenmiştir (%0.78). Japon buğdaylarında 7+9 alt ünitesini kodlayan *Glu-B1*c alleli %12.9 frekansta ve 7+8 alt ünitesini kodlayan *Glu-B1*b alleli de %83.2 frekansta bulunmuştur [358]. Türkiye çeşitlerinde 7+9 %10.85, 7+8 ise %54.26 frekansta gözlenmiştir. Bu alt ünitelere Karadeniz ve Marmara bölgelerinde sırasıyla %63.16 ve %35.70 frekansta rastlanmıştır.

Yapılan çalışmalarda araştırmacılar *Glu-D1*e alleli tarafından kontrol edilen 2+10 alt ünitesine Japon buğdaylarında rastlayamamışlardır [358]. Bu alt üniteye Türkiye çeşitlerinde de rastlanamamıştır. Japon buğdaylarında *Glu-D1*b alleli tarafından kodlanan 3+12 (%1.5) alt ünitesine ve *Glu-D1*c tarafından kodlan 4+12 (%6.9) alt ünitesine düşük frekansta rastlamışlardır [358]. Bu alt ünitelere Türkiye çeşitlerinde sırasıyla %7.75 ve %3.88 frekansta rastlanmıştır. Japon buğdaylarında *Glu-D1*a alleli tarafından kodlanan 2+12 alt ünitesi %55 sıklıkla görülmüşken *Glu-D1*d alleli tarafından kodlanan 5+10 alt ünitesine sadece %1.5 oranında rastlanmıştır [358]. Bu alt ünitelerin Türkiye çeşitlerinde ortalama görülme oranı sırasıyla %57.36 ve %27.91 olmuştur. Ege bölgesinde 2+12 alt ünitesine %86.67 frekansta, Marmara bölgesinde ise 5+10 alt ünitesine %50 frekansta rastlanmıştır. Nakamura *et al.,* [358] aynı zamanda D kromozomu üzerinde *Glu-D1*f alleli tarafından kodlanan yaklaşık 145 kDa'luk bir alt ünite daha belirlemişler ve bu alt ünitenin frekansını da %35.1 olarak hesaplamışlardır. Japon buğdaylarında tüm bu alt ünitelerin 17 farklı kombinasyonda yerleştiğini belirtmişlerdir. Bunların büyük çoğunluğunu çok düşük frekanslarda (%0.8-1.5)

gözlemişlerdir [358]. Türkiye çeşitlerinde tespit edilen 22 bireysel allel 50 farklı kombinasyonda düzenlenmiştir.

Japon buğdaylarında kalite skorunun 5-9 arasında değiştiği bulunmuş ve bu değerin Avrupa ve kanada buğdaylarından daha düşük olduğu belirtilmiştir [41, 359]. Türkiye yerel ekmeklik buğday çeşitlerinde de ortalama kalite skoru bu aralıkta (6.07) bulunmuştur.

Avrupa buğday varyetelerinde Japon varyetelere göre kıyaslama yapıldığında 5+10 alt ünitelerinin daha sık görüldüğü belirtilmiştir [252]. Türkiye çeşitlerinde de özellikle Marmara bölgesi çeşitlerinde 5+10 alt ünite frekansı nispeten yüksek bulunmuştur (Türkiye ortalaması %27.91, Marmara bölgesi ortalaması %50). 131 Japon Norin buğdayının ortalama *Glu-1* kalite skorunun Avrupa, Avustralya, Kanada ve ABD'nin bilinen buğday kalitesinden daha düşük olduğu gösterilmiştir [252, 328, 359-362]. Türkiye çeşitlerinde de ortalama kalite skoru bu ülkelerin kalite skorlarından daha düşük bulunmuştur.

Caballero *et al.,* [363] Türkiye ve Lübnan'daki yabani diploit buğdayların tohum depo proteinlerindeki genetik çeşitliliğini çalışmışlardır. Bu araştırmacılar *Glu-A1* lokusunda 10, *Glu-A3* lokusunda 16, *Gli-A1* lokusunda 15 ve *Gli-A2* lokusunda 18 allel tespit etmişlerdir [363]. Türkiye çeşitlerindeki genetik çeşitliliğin (Ht=0.740) Lübnan çeşitlerinden (Ht= 0.685) daha fazla olduğunu belirtmişlerdir [363]. Yapmış olduğumuz bu çalışmada Türkiye yerel ekmeklik buğday çeşitlerinde bireysel alt ünitelere göre genetik çeşitlilik (Ht) 0.18 olarak bulunmuştur. Farklı çeşitlerde allellerin dağılımının düzenini belirlemede Marshall ve Brown [349]'ın metodu kullanılmaktadır. Bu metoda göre allel frekansı %5'den büyük ise sık görülen allel, %5'ten küçük ise nadir görülen allel ve %1'den küçük ise çok nadir görülen allel olarak tanımlanmaktadır. Caballero *et al.,* [363] yaptıkları çalışmalarında *Glu-1* lokusunda 4 tane sık allel, 2 tane nadir allel ve 3 tane de çok nadir allel gözlemlemişlerdir. Bu araştırmacıların yapmış olduğu çalışmaya göre, Türkiye yerel ekmeklik buğday çeşitlerinde tespit edilen 22 allelden 11 tanesi sık allel, 7 tanesi seyrek allel ve 4 tanesi de nadir allel olarak belirlenmiştir [363]. Çeşit içi ve çeşitler arası gen farklanması analizlerine göre Türkiye çeşitleri (A=10.75) Lübnan çeşitlerina (A=5.75) göre daha yüksek çeşitlilikte çıkmıştır (A= her bir lokustaki allel sayısı) [363]. Yapmış olduğumuz bu çalışmada da çeşit içi ve çeşitler arası gen farklanması oranı 14.62 olarak belirlenmiştir. Bununla birlikte Türkiye

çeşitlerinde genetik erozyon riskinin Lübnan çeşitlerine oranla daha yüksek olduğunu belirtilmiştir [363]. Öyle ki Lübnan çeşitlerinde Ne değeri allellerin %51'ini temsil ederken bu oran Türkiye çeşitlerinde %39 olarak bulunmuştur (Ne= allellerin etki değerleri). Bizim yaptığımız bu çalışmada ise Türkiye yerel ekmeklik buğday çeşitlerinde Ne değeri allellerin %61.43'ünü temsil etmekte ve genetik erozyon riski daha düşük olarak değerlendirilmektedir. Bu araştırmacıların yaptıkları çalışmada genetik benzerlik (genetic similarity) I= 0.357 olarak bulunmuştur [363]. Bizim yapmış olduğumuz bu çalışmada ise genetik benzerlik oranı 0.2434 olarak tespit edilmiştir. Genetik benzerliği Nei [336]'nin metoduna göre hesaplamışlardır [363]. Bu araştırmacılar [363] tarafından Lübnan çeşitlerinde ortalama tanımlama değeri I= 0.600 bulunmuşken Türkiye çeşitlerinde bu değer I= 0.690 olarak bulunmuştur. Yapılan bu çalışmada ise genetik tanımlama değeri 0.983 olarak bulunmuştur. Her iki çeşit grupları karşılaştırıldığı zaman tanımlama değeri I= 0.018 ile I= 0.493 aralığına düşmektedir. Nei'nin genetik mesafe değeri [335] Türkiye çeşitlerinde ortalama 0.287 (0.145-0.613 aralığında) bulunmuşken bu değer Lübnan çeşitlerinde 0.475 (0.014-1.023 aralığında) bulunmuştur [363]. Daha önceki çalışmalarda bu değer Türkiye çeşitlerinde 0.059 ve İsrail çeşitlerinde da 0.100 olarak bulunmuştur [364]. Türkiye yerel ekmeklik buğdaylarında yapılan bu çalışmada ise genetik mesafe değeri 0.0066 ile 0.0475 aralığında değişmektedir. Lübnan çeşitlerinde en düşük genetik çeşitlilik değeri *Glu-A1* lokusunda gözlenmiştir (0.067) [363]. Yapmış olduğumuz bu çalışmada *Glu-A1* lokusunda genetik çeşitlilik 0.33 olarak bulunmuştur. Bizim yapmış olduğumuz bu çalışmada en düşük genetik çeşitlilik 0.07 değeri ile *Glu-B1* lokusunda gözlenmiştir. Bu lokuslardaki çeşitlilikler Lübnan çeşitlerinde olduğu gibi Türkiye çeşitlerinde da büyük oranda çeşit içerisinde görülmüştür. Lübnan ve Türkiye çeşitleri birlikte değerlendirildiğinde bu oranın önemli oranda arttığı (0.322), bu durumun da Türkiye ve Lübnan popülasyonları arasında büyük oranda farklılık olduğunu ortaya koyduğu bildirilmiştir [363]. Bu araştırmacılar diğer üç lokusta (*Glu-A3*, *Gli-A1* ve *Gli-A3*) *Glu-1* lokusunun aksine Lübnan çeşitlerinde Türkiye çeşitlerinden daha yüksek oranda çeşitlilik bulmuşlardır [363].

van Hintum ve Elings [365] Suriye yerel makarnalık buğday çeşitlerinde bunların coğrafik orijinlerine dayalı ilişkilerini fenotipik ve gluten temeline bağlı olarak değerlendirmişlerdir. Gluten çeşitliliğini Nei [350]'nin gen çeşitlilik ölçümü ve

Shannon-Weaver [366] varyasyon indeksine göre hesaplamışlardır. Bu araştırmacılar yaptıkları çalışmada 19 HMW alt ünitesi belirlemişlerdir. Bu 19 HMW alt ünitesi 48 farklı kombinasyonda bulunmuştur. Bizim çalışmamızda 22 bireysel allel, 24 HMW alt ünitesi tespit edilmiştir. Bu alleller 50 farklı kombinasyonda gözlenmiştir. Bu araştırmacılar 8 adet çeşitte hibrid tanımlamış, bu hibritlerin tamamının da 2 adet *Glu-B1* alleli taşımakta olduğunu ve çeşitlerde bu tür durumların yaygın olarak gözlendiğini bildirmişlerdir [365]. Van Hintum ve Elings [365] Gregorius indeksi [367] ile Shannon-Weaver varyasyon indeksi [331] arasındaki korelasyonu 0.98'den daha yüksek bulmuşlardır.

Gianibelli *et al.,* [45] Arjantin buğday kültüvarlarında *Glu-1* bölgelerinin biyokimyasal ve moleküler karakterizasyonlarını çalışmışlardır. Araştırmacılar bu çalışmada Arjantin'e ait 107 buğday koleksiyonu SDS-PAGE ile analiz etmişlerdir [45]. *Glu-1* bölgesindeki allelik varyasyonları tanımlamışlar ve allel frekanslarını hesaplamışlardır [45]. Bu araştırmacılar 11 tane allel belirlemişlerdir. Bu allellerden 3'ü *Glu-A1*'de, 6 tanesi *Glu-B1*'de ve 2 tanesi de *Glu-D1*'de kodlanmaktadır [45]. *Glu-A1*'de null allel frekansını çok düşük bulmuşlardır (%1.1) [45]. Bu allelin bu çalışmada kullanılan Türkiye çeşitlerindeki görülme oranı %30.23 olarak belirlenmiştir. Bu araştırmacılar [45] en yüksek frekansı *Glu-D1*'de Dx5+Dy10 allellerinde gözlemişlerdir. Türkiye çeşitlerinde ise %57.36 frekans ile Dx2+Dy12 alt ünitesi en fazla gözlenen alt ünite olmuştur. Gianibelli *et al.,* [45] *Glu-A1* içeriğine göre kalite skorunu hesaplamışlardır. Arjantin buğdayları HMW-GS içeriğine göre 18 farklı grupta dağılmış, 1, 7+8* ve 5+10 en yüksek frekansta bulunmuştur (% 22) [45]. Türkiye çeşitlerinde ise 2+12 (%57.36), 7+8 (%54.26), null (%30.23), 5+10 (%27.91) ve 2* (%26.36) en yüksek frekanslarda gözlenmiştir. Arjantin buğdaylarında *Glu-A1* lokusunda 1 alt ünitesi % 46.7, 2* alt ünitesi %52.2 ve null alt ünitesi % 1.1 frekansında bulunmuştur [45]. Japon buğdaylarında *Glu-B1* 7+9 alleli %86.8 frekansta gözlenmiştir [358]. Morgunov *et al.,* [368]'nın yaptığı bir çalışmada ise bu alt ünitenin %36 frekansta olduğu gözlenmiştir. *Glu-B1* lokusunda büyük allelik varyasyon gözlemişlerdir [45]. 6+8 alleli %2.2, 7+8 alleli %15.2, 7+8* alleli %35.9, 7*+9 alleli %26.1, 13+16 alleli %3.3 ve 17+18 alleli %17.4 frekansta gözlenmiştir [45]. Bu varyasyon daha önce yapılan İngiltere, ispanya ve İtalya gibi ülkelerdekinden daha düşüktür [182, 369, 370]. Türkiye çeşitlerina ait alt ünitelerin gözlenme oranları Tablo 4.1'de verilmiştir.

Glu-1 lokusundaki her bir allelin dağılımını etkileyen 3 muhtemel faktör bulunmaktadır:

I. Spesifik alanlar için belirli allellerin seçimine neden olan adaptif değerli genlerle bağlantı

II. Özel bir ebeveyn gen havuzunun kullanımı

III. Ekmek yapım kalitesi gibi spesifik kalite özelliklerine yönelik seleksiyon.

Bunlar arasında üçüncü opsiyon koleksiyonlarda *Glu-1* bölgeleri üzerindeki allellerin dağılımını en fazla etkileyen etmendir. Bu alleller yüksek frekansta gözlendiğinde iyi kalite ile ilişkilidir. Ortalama kalite skoru Türkiye çeşitlerinde 6.07 bulunmuşken Arjantin'de ortalama 9.36 bulunmuştur. Payne [371] Dünya buğday koleksiyonunda kalite skorunu 9.5 olarak bulmuştur. Öyle ki çalışılan Türkiye yerel ekmeklik buğday çeşitlerinde kalite skoru dünya buğday koleksiyonu kalite skorundan önemli derecede düşük bulunmuştur. Bununla birlikte kalite skorunu sadece HMW-GS'ler belirlememekte, aynı zamanda LMW-GS'ler ve Gliadinlerin de kalite üzerine etkileri bulunmaktadır [304].

Payne ve Lawrence [41] *Glu-1* allellerinin kataloğunu yayınlamışlardır. Bunlar *Glu-A1* lokusunda 3 allel, *Glu-B1* lokusunda 11 allel ve *Glu-D1* lokusunda da 7 allel belirlemişlerdir. Daha sonraları bunlara başka alleller de eklenmiştir. Sonradan eklenen yeni allellerin çoğunluğu *Glu-B1* lokusundadır [259, 362]. Yapmış olduğumuz bu çalışmada da *Glu-D1* genomunda muhtemel bir yeni allel (Dy12*) belirlenmiştir. Bu yeni allel Dy12 allelinden SDS-PAGE'de daha hızlı hareket etmesi dolayısıyla ayrılmaktadır.

HMW-GS temeline göre genetik çeşitlilik analizleri sonucunda, genetik çeşitlilik Arjantin buğdaylarında 0.45, Yunanistan'da 0.68, İspanya'da 0.67, Çin'de 0.60, Amerika'da 0.59, Avustralya'da 0.58 ve Rusya'da 0.46 oranında bulunmuştur [372]. Yapmış olduğumuz bu çalışmada ise genetik çeşitlilik 0.18 olarak bulunmuştur.

Fang *et al.,* [9] Çin endemik buğdaylarında yüksek moleküler ağırlıklı glutenin alt ünitelerinin allelik varyasyonu ve genetik çeşitliliğini çalışmışlardır. Bu araştırmacılar 66 Çin endemik buğdayının yüksek moleküler ağırlıklı glutenin alt ünite içeriklerini SDS-PAGE ile belirlemişler; 8 farklı HMW çiftinin kombinasyonu sonucu 50 Tibet yabani buğday aksesyonunda *Glu-1* lokusunda 10 allel tespit etmişlerdir [9]. Bunların

iki tanesi *Glu-A1*'de (null ve 1), dört tanesi *Glu-B1*'de (7+8, 6+8, 7**+8, 7+8**) ve dört tanesi de *Glu-D1*'dedir (2+12, 4+12, 2+12*, 2) [9]. Bu araştırmacıların yaptığı çalışmada 4 tane HMW-GS çifti 10 Yunan kabuksuz buğday aksesyonu arasında ve 2 çifti de Xingjiang pirinç buğday aksesyonu arasında gözlenmiştir [9]. İki yeni allel (Bx7** + By8 ve Bx7 + By8**) ve iki nadir allel (Dx2 + Dy12* ve Dx2 + null) Tibet yabani aksesyonlarında bulmuşlardır [9]. Dx2 + Dy12* aynı zamanda Yunan kabuksuz buğdayında da bulunmuştur. Bu yeni alleller Bx7 ve By8 alt ünitelerinden daha hızlı mobiliteye sahiptir. Yapılan bu çalışmada da yeni bir alt ünite (2+12*) tespit edilmiştir. Bu alt ünite orijinal 2+12 alt ünitesinden SDS-PAGE'de daha hızlı mobilite ile ayrılmaktadır. Tahir *et al.,* [373] Pakistan'dan gelen yerel ekmeklik buğday çeşitlerinde x-tip alt ünite Bx7f alt ünitesini normal Bx7 alt ünitesinden daha hızlı mobiliteye sahip olmasından dolayı Bx7* olarak tanımlamıştır. Araştırmacılar bu tanımladıkları Bx7** alt ünitesinin daha önce tanımlanan Bx7* alt ünitesi ile aynı olup olmadığı konusunda direk karşılaştırma yapamadıkları için net bir ifade kullanmamışlardır. Bununla birlikte bu araştırmacılar tanımladıkları bu yeni By8** alt ünitesinin daha önce Çin yerel çeşidi ZM11217 aksesyonunda tanımlanmış olan [374] By8** alt ünitesi ile aynı mobiliteye sahip olduğunu göstermişlerdir [373]. Bu araştırmacılar XM1404 aksesyonunda normal Dy12'den daha hızlı mobiliteye sahip olan yeni bir *Glu-D1* alt ünitesi (Dy12*) tanımlamışlardır [373].

Tibet yabani buğdaylarında *Glu-A1* lokusunda null allel frekansı %96, Ax1 alt ünitesinin frekansı da %4 olarak bulunmuştur [9]. En büyük allelik varyasyon dört allel arasında baskın olan *Glu-B1* lokusunda *Glu-B1b* (Bx7+By8) (%80.4) allelinde gözlenmiştir. *Glu-B1d* (Bx6+By8) allel frekansı %17.8 olarak bulunmuştur. İki yeni allelin (Bx7**+By8 ve Bx7+By8**) allel frekansları sırasıyla %1.1 ve % 0.7 olarak bulunmuştur. Diğer üç *Glu-D1* alleli düşük frekansta görülmelerine rağmen *Glu-D1a* alleli (Dx2+Dy12) yüksek frekansta gözlenmiştir (%94.9). *Glu-D1c* (Dx4+Dy12) ve *Glu-D1j* (Dx2+Dy12*) %2 frekansta ve *Glu-D1k* (Dx2+null) %1.1 frekansta gözlenmiştir. Tibet yabani buğdaylarında Axnull, Bx7+By8 ve Dx2+Dy12 kombinasyonu katılımların %68.4'ünde; Axnull, Bx6+By8 ve Dx2+Dy12 kombinasyonu da aksesyonların %21.1'inde görülmüştür. Diğer kombinasyonlar %1.8'den %3.5'e kadar değişmektedir [9]. Türkiye yerel ekmeklik buğdaylarında gözlenen allelik kombinasyonlar arasında Bx7+By8, Dx2+Dy12 allelik kombinasyonu

%22.48 frekans ile (29 çeşit) en yüksek gözlenme oranına sahiptir. Bundan başka Axnull, Bx7+By8, Dx2+Dy12 allelik kombinasyonu %10.08 (13 çeşit) ve Ax2*, Bx7+By9, Dx5+Dy10 allelik kombinasyonu da %8.53 (11 çeşit) frekansta gözlenmiştir. Belirlenen diğer tüm allelik kombinasyonlar %5'ten daha düşük frekansta gözlenmiştir.

Yunan kabuksuz buğdaylarında 7 farklı allel 4 farklı kombinasyonda gözlenmiştir [9]. Bu kombinasyonlar Axnull, Bx7+By8, Dx2+Dy12; Axnull, Bx7, Dx2+Dy12; Axnull, Bx7+By8, Dx2+Dy12* ve Axnull, Bx17+By18, Dx5+Dy10 kombinasyonlarıdır. Yunan kabuksuz buğdaylarında *Glu-A1* lokusunda sadece Axnull alleli mevcuttur. *Glu-B1* lokusunda üç allel bulunmakta ve bunların içerisinde de %61.7 frekans ile *Glu-B1b* (Bx7+By8) alleli baskınlık kurmaktadır. Bx7 %37.7 ve Bx17+By18 %0.7 frekansta bulunmuştur. *Glu-D1* lokusunda ise *Glu-D1a* (Dx2+Dy12) baskındır ve %89.3 frekansta gözlenmiştir. Diğer alleller *Glu-D1j* (Dx2+Dy12*) ve *Glu-D1d* (Dx5+Dy10) sırasıyla %10 ve %0.7 frekansta gözlenmiştir [9].

Tibet yabani buğdaylarında genetik varyasyon (h) ortalaması 0.0768 ile 0.3217 aralığında 0.1655 olarak bulunmuştur [9]. En düşük genetik varyasyon indeksi *Glu-A1* lokusunda bulunmuştur. En yüksek genetik varyasyon ise *Glu-B1* lokusunda gözlenmiştir. Yunan kabuksuz buğdayı ve Xingjiang pirinç buğdaylarının *Glu-1* lokuslarındaki ortalama genetik varyasyonlar sırasıyla 0.223 ve 0.093 olarak bulunmuştur. Yunan kabuksuz buğdayı ve Tibet yabani buğdayı, Xingjiang pirinç buğdayına göre daha yüksek genetik varyasyon göstermiştir [9].

HMW-GS kompozisyonu buğdayın genetik çeşitliliği ve un kalitesini belirlemek için yaygın olarak kullanılmaktadır. Çin buğdayı yerel çeşitleri için daha önceki çalışmalara uygun olarak Çin endemik buğdaylarında dominant alleller *Glu-A1c* (Axnull), *Glu-B1b* (Bx7+By8) ve *Glu-D1a* (Dx2+Dy12) olarak bulunmuştur [374, 375]. Tibet yabani buğdaylarında çalışılan 50 aksesyonda toplamda 10 allel tespit edilmiştir [9]. Bu yüksek çeşitlilik Wei *et al.,* [376]'in sonuçları ile uyuşmaktadır. Wei *et al.,* [376] Tibet yabani buğdaylarında 6 allel tespit etmiştir. Buna karşılık Wang *et al.,* [377] 24 Yabani Tibet buğdayında sadece 5 *Glu-1* alleli tespit etmiştir. Türkiye yerel ekmeklik buğday çeşitlerinde 22 bireysel allel, 24 alt ünite ve 50 allelik kombinasyon ile tüm bu bölgelerden daha yüksek varyasyon göstermiştir.

Glu-D1 lokusundaki y-tipi bir HMW-GS'nin varlığı (Dy2) ekmeklik buğdayda nadiren meydana gelir, fakat modern Çin kültüvarları [378] ve Tibet yabani buğdaylarında [377] daha önceden rapor edilmiştir.

Turchette et al., [379] Türkiye yerel makarnalık buğday çeşitlerinde depo proteinleri ve glutenin sıkılığı arasındaki ilişkiyi elektroforetik olarak göstermeye çalışmışlar ve Türk makarnalık buğdaylarının 2-3 tane büyük HMW gluten alt ünitesi taşıdığını göstermişlerdir. Toplam 14 farklı HMW gluten alt ünitesi örneği 18 farklı kombinasyonda görülmüştür [379]. İtalyan kültüvarlarının 2 büyük HMW gluten alt ünite komponenti içerdiği görülmüş olup üç desen tanımlanabilmiştir [379].

Araştırmacılar [186] 165 Türk makarnalık buğdayının *Glu-A1*'inde 3 allelik varyasyon gözlemlemişlerdir. *Glu-A1-1* alleli alt ünite 2*'dan daha büyük elektroforetik mobiliteye sahip x-alt ünitesi kodladığını; bunun da daha önce Türkiye, Etiyopya ve Rusya makarnalık buğdaylarında keşfedilmiş olan 2 *Glu-A1* allelinden (*Glu-A1V*, *Glu-A1VI*) birine benzer olabileceğini öngörmüşlerdir. Null formu (*Glu-A1a*) en sık görülen allel olup (%68.9) *Glu-A1b* ve *Glu-A1-1* sırasıyla %28.3 ve %3.8 oranında görülmüştür [186].

Daha önce yapılan çalışmalarda Türk buğdaylarında 7 farklı *Glu-B1* allelik varyantı tanımlanmıştır [186, 248]. Bunlar 5 farklı x ve y tipi alt ünitelerin kombinasyonundan ortaya çıkmıştır. Genellikle makarnalık ve ekmeklik buğday kültüvarlarında bulunan 7 *Glu-B1* içerisinden 4'ü Türk örneklerinde görülmüştür (6+8, 7+8, 14+15, 7+15, 20) [186, 248]. Yapılan bu çalışmada ise *Glu-B1* lokusunda 12 alt ünite tespit edilmiştir (Tablo 4.1). *Glu-B1-2* alleli 7+15 (Allel *Glu-B1-XII*) alt ünitelerine karşılık gelmekte olup daha önceleri temel olarak Fransız ve Rus makarnalık buğdaylarında görülmüştür [186, 380]. *Glu-B1-4*'ün kodladığı alt üniteler mobilitelerinin *Glu-B1*b'den 1Bx alt ünitesi ve *Glu-B1*h'dan 1By alt ünitesi ile kıyaslanarak tanımlanmıştır [186].

Turchette et al., [379] tarafından yapılan çalışmada iki allele (20 ve 7+8 alt üniteleri) oldukça sık (%44.9 ve %27.9) rastlanmış ve 7+15 ile 6+8 alt üniteleri nispi olarak yüksek frekansta gözlenmiştir (sırasıyla %9.7 ve %7.9). Buna karşılık 14+15 alt üniteleri ve *Glu-B1-3* daha nadir görülmüştür (%2.4 ve %1.8). İtalyan örneklerinde sadece 3 *Glu-B1* alleli tanımlanmıştır. Alt ünite 20 on kültüvarda gözlenirken 6+8 ve 7+8 alt üniteleri altı kültüvarda gözlemlenmiştir [379]. Bu araştırmacılar tarafından

yapılan çalışmada ayrıca 165 Türk hattı ve 22 İtalyan kültüvarının protein içeriği dağılımı ve SDS sedimentasyon değerleri belirlenmiştir [379]. Hatlar içerisinde geniş oranda protein konsantrasyon varyasyonu gözlenmiştir (%11-19). İtalyan kültüvarların SDS sedimentasyon değerleri ortalama 55.5 mm ile 35-80 mm arasında değişiklik göstermişken Türk hatları ortalama 51.2 mm ile 30-85 mm arasında dağılım göstermiştir [379].

İlkel kültüvarlar ve daha az tarımı yapılan yerel ırklar hastalık direnci, tane protein kalitesi ve ekolojik strese direnç gibi önemli ekonomik özellikler bakımından zengin varyasyon kaynağı olarak ele alınır [381]. Türkiye'den elde edilen yerel ekmeklik buğdaylarındaki HMW alt ünitelerindeki varyasyon İtalyan kültüvarları ve Avustralya, ABD, Kanada, Fransa ve İspanya'dan elde edilen varyetelerdekilere göre daha yüksek bulunmuştur [382-385]. Bu sonuçlar beklenen sonuçlardır. Çünkü Türk hatları çoğunlukla eski kültüvarlar veya yerel ırklar olup uzun bir geçmişe sahiptir. Bu kültüvarlar üzerinde geçmişi daha az olan ülkelerdeki üzerinde ıslah veya genetik çalışmalar yapılmış olan ve tarihi daha kısa olan hatlarla kıyaslandığında bunlara dokunulmadığı için bunlardan elde edilen varyasyonlar daha yüksek olmaktadır. Yoğun ıslah çalışmaları Batı buğdaylarındaki genetik varyasyonları azaltmıştır [381].

Ekmeklik buğdayda yüksek gluten alt ünite sayısı veya daha yoğun boyanan bantlar genellikle yüksek kalite vermektedir, fakat daha az bant veya null alleller kalite üzerinde olumsuz etkiye sahiptir [182, 314]. Benzer şekilde makarnalık buğdayda B alt ünitelerinin sayısı ve miktarı potansiyel kalite göstergesi olarak kullanılabilmektedir.

Glu-A1'in kodladığı (alt ünite 1) tek bir HMW glutenin alt ünitesinin null allele göre daha büyük SDS sedimentasyon değeri ile ilişkilendirilmiş olması bulgusu ekmeklik buğdayda daha önce yapılan çalışmalar ile uyum içerisinde olup [124, 252] "HMW gluten alt ünitelerinin bulunması hamur sertliğini etkiler" hipotezi ile de uyum içerisindedir [255]. Daha önce hem makarnalık ve hem de ekmeklik buğdayda görülmeyen 7+15 ve 14+15 alt ünitelerinin SDS sedimentasyon değerlerine pozitif katkısının olduğu belirtilmiştir [379]. Buna karşılık yeni alleller olan *Glu-B1-1* ve *Glu-B1-3*'ün gluten sıkılığı ile negatif bağlantısının olduğu görülmüştür [379].

Tsenov *et al.,* [386] Bulgar kışlık buğday varyetelerinde gluten alt ünite kompozisyonunun polimorfizme dayalı allelik çeşitliliğini çalışmışlardır. Çalışılan

genotiplerin %45'inden fazlası *Glu-A1b*, *Glu-B1c* ve *Glu-D1d* konfigürasyonunda bulunmuştur. Morgunov *et al.,* [368] ve Sultana *et. al.,* [387] yüksek moleküler ağırlıklı skor artışının glutenin allellerindeki azalan çeşitlilikle alakalı olduğunu belirtmişlerdir. Benzer eğilim DAI (Dobrudzha Agricultural Institute)'de geliştirilen buğday varyetelerinde de gözlenmiştir [388, 389]. Bu nedenle ilave olarak 17+18, 13+16 ve 14+15 alt ünitelerinin kullanılması ile ilgili bariz bir gereksinim vardır. Bu alt üniteler buğday tane kalite indeksi üzerine pozitif etkiye sahiptir. Bu durum varyetelerde genetik çeşitliliğin artışına neden olabilir ve son kullanım kalitesini artırabilir [374, 390]. Yapmış olduğumuz bu çalışmada da ülkemize ait kullanılan 116 çeşitte bu alt ünitelerin görülme oranı çok düşük olmuştur (Yaklaşık % 7). Akdeniz bölgesinde ise 14+15 alt ünitesinin görülme oranı yaklaşık %55 olmuştur.

*Glu-A1*b(2*) ve *Glu-D1*d(5+10) allellerinin kültüvarlardaki varlığının devam ettirilmesi önemlidir. Bu alleller 17+18, 13+16 ve 14+15 gibi *Glu-B1* lokusu alelleri ile desteklendiğinde kalite üzerine çok önemli katkı sağlamaktadırlar [386].

Terasawa *et al.,* [391] Asya buğdaylarında yüksek moleküler ağırlıklı glutenin alt ünitelerinin genetik varyasyonunu çalışmışlardır. Bu çalışmada Batı Asya'dan (Irak ve İran) 68, Kafkasya'dan (Azerbaycan, Ermenistan ve Gürcistan) 26, Orta Asya'dan (Tacikistan, Türkmenistan, Özbekistan, Kırgızistan ve Kazakistan) 81, Güney Asya'dan (Pakistan, Hindistan, Nepal ve Butan) 93, Doğu Asya'dan (Çin'de Sincan Uygur Bölgesi, Sicuan ve Tibet) 461 ve Afganistan'dan 410 aksesyon olmak üzere toplam 1139 aksesyon ile çalışmışlar, *Glu-A1* lokusunda 3 allel bulmuşlar, bu alleller içerisinde *Glu-A1*c (null) alleli bütün bölgelerde en yüksek frekansta (%74.4) olduğunu tespit etmişlerdir. İkinci çok yaygın olan allel ise *Glu-A1*b (2*) olarak bulunmuştur (%17.39. bu allel özellikle Kafkasya ve Orta Asya'da yaygındır (%30'un üzerinde).

Bu araştırmacılar yaptıkları çalışmada *Glu-B1* lokusunda 9 allel bulmuşlardır [391]. *Glu-B1*b (7+8)'yi aksesyonların %76.5'inde gözlemişlerdir [391]. Bizim çalışmamızda da bu allelin frekansı %54.26 olarak bulunmuştur. Bu allel Güney Asya hariç tüm bölgelerde çok yaygındır. Bu allelin frekansı Kafkasya'da %42.3, Orta Asya'da %60.5, Güney Asya'da %38.9'dır. Güney Asya'da *Glu-B1* lokusunda en fazla bulunan allel *Glu-B1*i (17+18) olarak gözlenmiştir (%46.7) ki bu allel diğer bölgelerde seyrek görülen bir alleldir [391]. Türkiye çeşitlerinde da çok düşük frekansta (%0.78) gözlenmiştir. *Glu-B1*a (7) Kafkasya ve Orta Asya'da sırasıyla %34.6 ve %19.8 frekansta gözlenmiştir

ki bu oran diğer bölgeler göz önüne alındığında oldukça yüksektir [391].bu araştırmacılar *Glu-D1* lokusunda 15 allel tespit etmişlerdir [391]. Bu alleller içerisinde *Glu-A1*a (2+12) tüm aksesyonların %81.5'inde görülmektedir. Bu allel Türkiye çeşitlerinde da en yüksek frekansta (%57.36) gözlenen allel olmuştur. Bu allel Kafkasya hariç diğer tüm bölgelerde en sık görülen alleldir. Kafkasya'da bu allelin frekansı yalnızca %23.1'dir. Bu bölgede *Glu-D1*d (5+10) allelinin frekansı %61.5 olarak bulunmuştur [391]. Orta Asya'da en sık görülen allel *Glu-D1*a olmasına rağmen (%46.9) bu değer Kafkaya dışında diğer tüm bölgelerdekinden düşüktür. Orta Asya'da *Glu-D1*d allelinin frekansı %23.5 olarak gözlenmiştir. *Glu-D1* lokusu üzerinde yeni bir allel, *Glu-D1*bs (2.1+12), bu araştırmacılar tarafından keşfedilmiştir [391]. Son zamanlara kadar 2.1 allelinin Afganistan'a spesifik olduğu düşünülürdü [392], ancak bu araştırmacılar Orta Asya'da 9 aksesyonda ve Doğu Asya'da 19 aksesyonda bu allelin varlığını tespit etmişlerdir [391]. Aynı zamanda bu araştırmacılar daha önceki çalışmalarda Asya spesifik olarak bilinen *Glu-D1*i (null), *Glu-D1*j (2+12*), *Glu-D1*l (12), *Glu-D1*m (10), *Glu-D1*n (2.1+10) ve *Glu-D1*br (2.8+12) allellerinin varlığını da tespit etmişlerdir [393, 394].

Bu araştırmacıların yaptığı çalışmada *Glu-1* lokusu üzerinde toplamda 83 allelik kombinasyon tespit edilmiştir [391]. Bu kombinasyonlar arasında en yüksek frekanslı genotip *Glu-A1*c (null), *Glu-B1*b (7+8) ve *Glu-D1*a (2+12) olarak bulunmuştur. Bu allelik kombinasyon Türkiye çeşitlerinde %10.08 frekansta gözlenmiştir. Türkiye çeşitlerinde en sık gözlenen allelik kombinasyon 7+8, 2+12 allelik kombinasyonu olmuştur (%22.48). Bu genotip aksesyonların %55.2'sinde gözlenmiştir. Diğer tüm genotipler %10 frekansının altında gözlenmiştir.

Terasawa *et al.,* [391] tarafından yapılan çalışmada Batı Asya, Afganistan ve Doğu Asya buğdaylarının benzer özellik gösterdiği tespit edilirken Kafkasya ve Orta Asya buğdaylarının bu üç bölgeden farklılıklar gösterdiğini belirtmişlerdir. Daha önce Terasawa *et al.,* [449] ve Lagudah *et al.,* [392] tarafından da belirtildiği gibi Batı ve Doğu Asya'da da en yaygın genotipler *Glu-A1*c (null), *Glu-B1*b (7+8) ve *Glu-D1*a (2+12) olarak tespit edilmiştir. Bizim yapmış olduğumuz bu çalışmada da bu alleller en yüksek frekansa sahip olarak bulunmuştur. Bu allellerin Japon ve Xinjiang sınır bölgelerinde de yaygın olduğu daha önceki çalışmalarda Nakamura [396] ve Cong *et al.,* [397] tarafından da belirtilmiştir. Bu sonuçlar *Glu-A1*c, *Glu-B1*b ve *Glu-D1*a

genotiplerinin Afganistan'dan Uzak Doğu'ya kadar Mezopotamya'dan uzanarak Asya'nın merkezine kadar uzanan bölgede dominant olduğunu göstermiştir. Aslında bu allelik kombinasyon ekmek yapım kalitesi bakımından uygun değildir. Muhtemelen Asya'da noodle ve pide benzeri mayasız unlu yiyecekler için tercih edilmektedir. Bu genotip Avrupa endemik buğdaylarında veya modern kültüvarlarda yaygın değildir [393, 394, 398, 399]. Bu genotip çok yaygın olmamakla birlikte Asya'nın tüm bölgelerinde belirli frekanslarla bulunmaktadır. Bu araştırmacılar bu genotipi Asya endemik buğdayları için karakteristik genotip olarak tanımlamışlardır [391].

Terasawa *et al.,* [391] tarafından yapılan çalışmada Güney Asya'da en fazla görülen genotip *Glu-A1*c (null), *Glu-B1*i (17+18) ve *Glu-D1*a (2+12) olarak belirlenmiştir. Bu genotip tipik Asya genotipinin modifiye bir versiyonu olarak kabul edilmektedir, öyle ki 7+8 allelinin yerini sadece 17+18 alleli almıştır. Bu araştırmacılar Güney Asya'nın diğer bölgelerinde *Glu-B1*i (17+18) allelini çok nadir olarak gözlemlemişlerdir [391]. Bizim yapmış olduğumuz bu çalışmada da bu allellere çok düşük frekansta rastlanmıştır (%0.78). Benzer şekilde bu allel Avrupa endemik buğdaylarında da nadiren tespit edilmiştir [393, 394, 400]. Bu nedenle bu araştırmacılar *Glu-B1*i allelinin Güney Asya'da ortaya çıktığını varsaymışlardır [391]. *Glu-B1*i alleli *Glu-B1*b allelinden daha yüksek un sıkılığı sağlamaktadır [41, 401].

Kafkasya ve Orta Asya aksesyonlarında *Glu-D1*d (5+10) alleli yaygındır. Bu allelin bu bölgedeki yüksek frekansı çok dikkat çekicidir. Bu bölge buğdaylarında aynı zamanda *Glu-A1*b (2*) ve *Glu-B1*a (7) alleleri de yüksek frekansta gözlenmektedir [391]. *Glu-D1*d 5+10 allelini kodlamaktadır ve bu allel iyi ekmek yapım kalitesiyle bilinmektedir, öyle ki bu allel modern buğdaylarda sıklıkla oluşturulmaktadır [398, 399]. Bu allelin Türkiye çeşitlerinde görülme sıklığı %27.91 olarak bulunmuştur. Ancak bu allele Marmara bölgesi çeşitlerinın %50'sinde rastlanmaktadır. *Glu-D1*d alleli Avrupa endemik buğdaylarında yüksek frekansta bulunmaktadır [393, 394, 400]. Ancak araştırmacılar özellikle Kafkasya bölgesinde bu allelin frekansının yüksek olması nedeniyle bu allelin orjininin burası olabileceği ve buradan diğer bölgelere yayılmış olabileceğini önermektedirler [402].

Genetik çeşitlilik seviyesi Asya'nın orta kuşağında (Batı Asya, Afganistan, Doğu Asya) nispeten düşük, kıyı kesimlerinde (Kafkasya, Orta ve Güney Asya) ise yüksek

bulunmuştur. Bu sonuç tipik Asya genotiplerinin frekanslarındaki farklılıktan doğmaktadır [391].

Xu *et al.,* [403] SDS-PAGE kullanarak diploit, tetraploit ve hekzaploit *Triticum* türlerinde (13 *Triticum* alt türünün 1051 aksesyonunda) yüksek moleküler ağırlıklı glutenin alt ünitelerinin genetik çeşitliliğini çalışmışlardır. Hekzaploit buğdayda *Glu-A1* lokusu üzerinde 3, *Glu-B1* lokusu üzerinde 12 ve *Glu-D1* lokusu üzerinde 2 allel belirlenmiştir. Bu araştırmacılar hekzaploit buğdaylarda, 29 allelin tamamında, her bir buğday alttüründe, 7.05 allelik kombinasyon gözlemişlerdir [403]. Kombinasyon, spelta buğdaylarının %83'ünde *Glu-A1*a/*Glu-B1*d/*Glu-D1*a kombinasyonunda bulunmuştur. Aynı şekilde macha buğdayında *Glu-A1*c/*Glu-B1*b/*Glu-D1*a baskın kombinasyon olarak bulunmuştur. *T. aestivum ssp. compactum*'da yüksek oranda allelik kombinasyon gözlenmiştir. *T. aestivum ssp. sphaerococcum*'da 4 kombinasyon gözlenmiş ve *Glu-A1*c/*Glu-B1*k/*Glu-D1*a kombinasyonu en yüksek frekansta belirlenmiştir [403]. *Glu-A1* lokusu üzerinde, *T. aestivum ssp. spelta*'da *Glu-A1*a en yüksek frekansta bulunurken, *T. aestium ssp. macha*, *T. aestivum ssp. compactum* ve *T. aestivum ssp. sphaerococcum*'da *Glu-A1*c en yüksek frekansa sahiptir. *Glu-A1*b alleli sadece *T. aestivum ssp. compactum*'da belirlenmiştir. *T. aestivum ssp. compactum*'da HMW-GS allellerinin varyasyonu diğer hekzaploit buğdaylarınkinden daha yüksek bulunmuştur. Az bulunan nadir alleller (6*+8* ve 6.1+22.1) *T. aestivum ssp. spelta*'da tanımlanmıştır [403].

Xu *et al.,* [403] bu 4 hekzaploit buğdayda genetik verilerin çalışmasında, *T. aestivum ssp. compactum*'da A, P, He ve S değerlerini yüksek bulmuşlardır. *T. aestivum ssp. compactum* ve *T. aestivum ssp. macha* arasında benzer performans bulunuyorken *T. aestivum ssp. spelta* ve *T. aestivum ssp. sphaerococcus* arsında benzer Ne değeri gözlenmiştir. Ortalama genetik tanımlama değeri (I) 0.9431 olarak bulmuş ve bunların genetik uzaklığı (D) 0.0593 olarak belirlemişlerdir [403]. Bu değerler hekzaploit buğdaylar arasında çok yüksek bir homojenite olduğunu göstermektedir [403].

Xu *et al.,* [15], yaygın buğdaylarda *Glu-B1*x üzerindeki HMW-GS'lerin tanımlanması için PZR temelli markırlar geliştirmişlerdir. Bu araştırmacıların yaptıkları çalışmada yaygın buğdayların *Glu-B1* lokusunda Bx14+By15, Bx17+By18, Bx7+By9, Bx7+By8 ve Bx13+By16 en yaygın alleller olarak bulunmuştur. Bu araştırmacılar Bx14 ve Bx17 allellerinin daha önce tanımlanmış dizilerinden primerler dizaynetmişler ve *Glu-B1* lokusunda tarama yapmışlardır. Yaptıkları çalışmalarda bu primerlerin Bx14 ve Bx17

ile birlikte Bx7, Bx13 ve Bx6 allelerini de tanıyabilmekte ve amplifikasyon vermekte olduğunu bildirmişlerdir [15].

Sonuç olarak;

Türkiye geneli çalışılan 116 adet yerel ekmeklik buğday çeşidi arasında bir adet yeni allel (Dy12* olarak belirtilmiştir) tespit edilmiştir. Bu allel daha önce tanımlanmış olan Dy12 allelinden SDS-PAGE'de daha hızlı mobiliteye sahip olması bakımından ayrılmaktadır. Bu allelin tam olarak tanımlanabilmesi için protein dizisinin çıkarılmasına ihtiyaç vardır.

Çalışılan çeşitlerde heterozigotluk yüksek bulunmuştur (2.82).

Genel olarak çalışılan çeşitlerde kalite skoru düşük bulunmuştur (6.07). Bunun muhtemel nedeni kalite skoru yüksek çeşitlerin tarımsal araştırma enstitüleri vasıtasıyla ıslah programlarına alınmasından kaynaklanmaktadır. Nitekim buğday üzerine çalışmaların nispeten düşük olduğu Karadeniz bölgesinde kalite skorunun daha yüksek çıkması bu iddamızı destekler niteliktedir.

Yapmış olduğumuz bu çalışmada Türkiye yerel ekmeklik buğday çeşitlerinde Ne değeri allellerin %61.43'ünü temsil etmekte ve genetik erozyon riski düşük olarak değerlendirilmektedir.

Bu çalışmada kullanılan Türkiye yerel ekmeklik buğday çeşitlerinde *Glu-1* lokusunda bireysel allellere göre ortalama gen çeşitliliği (h) 0.18 ± 0.18 olarak bulunmuştur. Bireysel alleller bakımından çeşitler arasında önemli bir farklılık bulunmamaktadır. Türkiye geneli çeşitlerde *Glu-1* lokusunda bireysel alleller bakımından genetik benzerlik oranı (I) ortalama 0.28 ± 0.24 olarak hesaplanmıştır. Türkiye çeşitlerinde *Glu-1* lokusu bireysel alleller bakımından allellerin etki sayısı (Ne) ortalama 1.28 ± 0.35, allellerin gözlenme sayısı (Na) da ortalama 2.00 olarak bulunmuştur.

Glu-A1 lokusunda en yüksek benzerlik Akdeniz bölgesi ile Güneydoğu Anadolu bölgesi arasında (0.9938), en düşük ise Marmara bölgesi ile Ege bölgesi arasında (0.8388) gözlenmiştir.

Glu-B1 lokusunda en yüksek benzerlik Akdeniz bölgesi ile Doğu Anadolu bölgesi arasında (0.9993), en düşük ise Marmara bölgesi ile Ege bölgesi ve İç Anadolu bölgesi ile Güneydoğu Anadolu bölgesi arasında (0.9911) gözlenmiştir.

Glu-D1 lokusunda en yüksek benzerlik Karadeniz bölgesi ile Güneydoğu Anadolu bölgesi arasında (0.9993), en düşük ise Doğu Anadolu bölgesi ile Ege bölgesi arasında (0.9693) gözlenmiştir.

Glu-1 lokusunda bireysel allellere göre en yüksek benzerlik Karadeniz bölgesi ile Akdeniz bölgesi arasında (0.9953), en düşük ise Marmara bölgesi ile Ege bölgesi arasında (0.9472) gözlenmiştir.

Glu-1 lokusu bireysel alleller ve bireysel alt üniteler için çizilen dendogram incelendiği zaman her iki dendogram da aynı çıkmış, Akdeniz bölgesi ile Karadeniz bölgesi ve Ege bölgesi ile de İç Anadolu bölgesi aynı yerde kümelenme göstermiştir. Diğer bölgeler bireysel olarak kümelenme göstermiş ve bu bölgelerden ayrılmıştır.

Axnull, Ax2*, Bx7+By8, Bx6+By8, Bx7+By9, Bx20+By20, Dx2+Dy12 ve Dx5+Dy10 alt ünitelerinin dengeli bir seleksiyona sahip olduğu ancak diğer alt ünitelerinin ise yönlü bir seleksiyona tabi oldukları gözlenmiştir. Ax1 alt ünitesi Türkiye geneli çeşitlerde yönlü seleksiyona tabi olmakla birlikte bu allel Akdeniz ve Karadeniz bölgelerinde dengeli bir seleksiyona sahiptir.

Türkiye yerel ekmeklik buğday çeşitlerinde *Glu-1* lokusunda bireysel allellere göre genetik çeşitlilik büyük oranda çeşit içi varyasyonlardan kaynaklanmaktadır. *Glu-1* lokusunda ortalama genetik çeşitlilik (Ht) 0.18 ± 0.03 olarak hesaplanmıştır. Çeşitler içerisinde genetik çeşitlilik (Hs) 0.16 ± 0.03 iken çeşitler arasında (Gst) 0.06 olarak tespit edilmiştir. Çeşitler arasında gen akışı ise (Nm) 7.67 olarak hesaplanmıştır.

Türkiye ait çalışılan yerel ekmeklik buğday çeşitleri bağlantı eşitsizliği bakımından incelendiğinde, bireysel alt üniteler arasında önemli derecede ($p<<0.05$) bağlantı eşitsizliği tespit edilmiştir.

Türkiye yerel ekmeklik buğday çeşitlerinde gözlenen alt ünitelerin karşılıklı analizleri incelendiği zaman çeşitlerin genelinde sınırlı bir göçten bahsetmek mümkündür. Çeşitlerdeki bağlantı dengesizlikleri büyük oranda sınırlı göçten kaynaklanmaktadır. Ancak Ax2* alt ünitesi ile Dx2+Dy12 ve Dx5+Dy10 alt üniteleri arasındaki ve

Dx2+Dy12 alt ünitesi ile Dx5+Dy10 alt ünitesi arasındaki bağlantı dengesizliklerinin epistatik doğal seleksiyondan kaynaklı olduğu tespit edilmiştir.

Çalışılan çeşitlerde daha önce belirlenmiş olan en yüksek *Glu-1* kalite skorundan (kalite skoru 10) daha yüksek *Glu-1* kalite skoruna sahip olan [*Glu-1* skoru=11; Axnull (1), Ax2* (3), Bx7+By8 (3), Dx5+Dy10 (4)] 3 çeşit tespit edilmiştir (TR39670-4 Van, TR44433-5 Tokat, TR63329 Ardahan).

Çalışılan çeşitlerde *Glu-1* kalite skoru 10 olan (daha önce belirlenmiş olan en yüksek kalite skoru) 4 çeşit tespit edilmiştir (TR32846-6 Erzurum, TR36948-1 Bolu, TR45105 Artvin ve TR63536 Nevşehir).

Çalışılan çeşitlerde *Glu-1* kalite skoru 9 olan 13 tane çeşit tespit edilmiştir (TR45398-4 Van, TR48025-3 Kars, TR33264-6 Edirne, TR51937-1 Edirne, TR51937-2 Edirne, TR33500-4 Kırklareli, 393-5 Kahramanmaraş, TR45303-4 Yozgat, TR52021-3 Konya, TR52021-6 Konya, TR45094 Ankara, TR52645 Balıkesir ve TR51937 Kocaeli).

Yeni gluten allellerinin tanımlanabilmesi için Türkiye yerel buğday çeşitleri ile çalışmalara devam edilmelidir. Bununla birlikte muhtemel yeni aday alleller PZR ve SDS-PAGE çalışmalarına ek olarak iki boyutlu jel elektroforezi ve protein sekansı gibi verilerle desteklenmelidir.

KAYNAKLAR

1. Kışlalıoğlu, M., Berkes, F., 1992. Biyolojik Çeşitlilik, **Türkiye Çevre Vakfı Yayınları**, s. 16.
2. Vavilov, N.I., 1951. The origin, variation, immunity and breeding of cultuvated plants. In: Selected writing of N.I. Vavilov, translated from the Russian by K. Starr Chester. **Chronica Botanica 13**, 1-366.
3. Güner, A., Özhatay, N., et al., 2000. Flora of Turkey and East Aegean Islands (suplement 2), **Edinburgh at the Universty Press**.
4. Buresova I., and Hrivna L., 2011. Effect of wheat gluten proteins on bioethanol yield from grain. **Applied Energy 88**:1205-1210.
5. Caballero, L., Pena, R.J., Martin, L.M., and Alvarez, J.B., 2010. Characterization of Mexican Creole wheat landraces in relation to morphological characteristics and HMW glutenin subunit composition. **Genetic Resource Crop Evolutions, 57**:657–665.
6. Dumur, J., Jahier, J., Dardevet, M., Chiron, H., Tanguy, A.M., and Branlard, G., 2010. Effects of the replacement of Glu-A1 by Glu-D1 locus on agronomic performance and bread-making quality of the hexaploid wheat cv. Courtot. **Journal of Cereal Science 5**: 175–181
7. Xi-gui, H., Bi-hua, W., Ze-hang, Y., Deng-cai, L., Yu-ming, W., and You-liang, Z., 2010. Characterization of a Novel *1Ay* gene and Its Expression Protein in *Triticum urartu*. **Agricultural Sciences in China, 9(11):** 1543-1552.
8. Izadi-Darbandi, A., Yazdi-Samadi, B., Shanejata-Boushehri, A.A. and Mohammadi, M., 2010. Allelic variations in *Glu-1* and *Glu-3* loci of historical and modren Iranian bread wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars. **Journal of Genetics 89**: 193–199.
9. Fang, J., Liu, Y., Luo, J., Wang, Y., Shewry, P.R., and He, G., 2009. Allelic variation and genetic diversity of high molecular weight glutenin subunit in Chinese endemic wheats (*Triticum aestivum* L.). **Euphytica, 166**: 177-182.
10. Jiang Q.T., Wei Y.M., Wang F., Wang J.R., Yan Z., and Zheng Y.L., 2009. Characterization and comparative analysis of HMW glutenin 1Ay alleles with differential expressions. **BioMed Central, Plant Biology, 9**:16.

11. Leitch A.R., Leitch I.J., 2008. Genomic Plasticity And The Diversity Of Polyploid Plants, **Science, 320**: 481–483.

12. McIntosh, R.A., Yamazaki, Y., Dubcovsky, J., Rogers, J., Morris, C., Somers, D.J., Appels, R., Devos, K.M., 2008. Catalogue of Gene Symbols for Wheat. MacGene. http://www.shigen.nig.ac.jp/wheat/komugi/genes/download.jsp (accessed 26.01.2010).

13. XIONG Li-juan, WANG Ji-rui and ZHENG You-liang, 2010. Analysis of LMW-GS, α- and γ-Gliadin Gene Coding Sequences from *Triticum macha.* **Agricultural Sciences in China, 9(2):** 163-169.

14. Niva K., Suziki H., Tominaga T., Nasim S., Anwar R., Ogawa M., and Furuta Y., 2008. Evaluation of Genetic Variation in High Molecular Weight Glutenin Subunits of Seed Storage Protein Using Landraces of Common Wheat from Pakistan. **Cereal Research Communications 36(2):** 327-332.

15. Xu Q., Xu J., Liu C.L., Chang C., Wang C.P., You M.S., Li B.Y., and Liu G.T., 2008. PCR-based markers for identification of HMW-GS at *Glu-1Bx* loci in common wheat. **Journal of Cereal Science 47**: 394-398.

16. Li Z.X., Zhang X.Q., Zhang H.G. Cao S.H., Wang D.W., Hao S.T., Li L.H., Li H.J., and Wang X.P., 2008. Isolation and characterization of a novel variant of HMW glutenin subunit from the St genome of *Pseudoroegneria stipifolia*. **Journal of Cereal Science 47**: 429-437.

17. Atlı, A., 1999. Kışlık Tahıl Üretim Bölgelerimizde Yetiştirilen Bazı Ekmeklik ve Makarnalık Buğday Çeşitlerinin Kaliteleri ve Kalitelerinin Stabilitesi Üzerine Araştırmalar, **Türkiye Tahıl Sempozyumu, Bursa**, 443-454.

18. Palmer and John, J., How to Brew. Defenestrative Pub. Co., 233, 2001; Neill, R., Booze: The Drinks Bible for the 21st Century, Octopus Publishing Group-Cassell Illustrated, 2002.

19. Heun, M., Schäfer-Pregl, R., et al., 1997. Site of Einkorn Wheat Domestication Identified by DNA Fingerprinting, **Science, 278**:1312-1314.

20. Nesbitt, M., 1998. Where was einkorn wheat domesticated? **Trends Plant Science 3**: 82-83.

21. Dubcovsky, J., and Dvorak, J., 2007. Genome plasticity a key factor in the success of polyploid wheat under domestication. **Science 316:**1862-1866.

22. Feldman, M., 2001. Origin of cultivated wheat. In: Bonjean AP, Angus WJ, eds. The world wheat book: a history of wheat breeding. Paris, France: **Lavoisier Publishing,** 3–56, 1201 sayfa.

23. Kingfisher Books, 2012. The Kingfisher History Encyclopedia. **Kingfisher Publications**, New York. 496 sayfa.

24. Nalam, V.J, Vales M.I., et al., 2006. Map-based Analysis Of Genes Affecting The Brittle Rachis Character İn Tetraploid Wheat (Triticum turgidum L.), **Theoretical and Applied Genetics, 112**: 373–381.

25. Feldman, M., Lupton, F.G.H., and Miller, T.E. 1995. Wheat Triticum spp. (Gramineae- Triticinae). In ‘‘Evolution of Crop Plants’’ (J. Smartt and N. W. Simmonds, eds.), pp. 184-192. **Longman Scientific & Technical, Harlow, UK**. 496 sayfa.

26. Elgün, A. and Ertugay, Z. 1995. Tahıl işleme Teknolojisi, II. baskı, **Atatürk Üniv., *Ziraat Fakültesi ofset tesisi. Erzurum* 5**: 10. 420 sayfa.

27. Ünal, S. 1983. Hububat Teknolojisi, I. Baskı, **Ege Üniversitesi Mühendislik Fakültesi Çoğaltma yayını. No: 2**, Bornova_İzmir.

28. Bietz, J.A. 1984. Telling differences among wheat proteins may make a difference in marketing. In *Wheat is Unique*, (Y.Pomeranz, ed.), **American Association of Cereal Chemists**, pp. 303–308, St. Paul , Minn .

29. Huebner, F.R. and Bietz, J.A. 1987. Improvements in wheat protein analysis and quality prediction by reversed-phase high performance liquid chromatography. **Cereal Chemistry 64**, 15–20.

30. Lasztity, R. and Bekes, F. 1987. Proceedings of the Third International Workshops on Gluten Proteins, pp. 173–188, Technical University, Budapest, Hungary.

31. Huebner, F.R. and Bietz, J.A. 1986. Assessment of the potential bread-making quality of hard wheats by reversed phase high-performance chromatography of gliadins. **Journal of Cereal Science 4**: 379–388.

32. Bailey, C.H. 1941. A translation of Beccari’s lecture “Concerning Grain” (1728). **Cereal Chemistry 18**:555-561.

33. Kasarda, D.D., Autran, J.C., Lewe, J.L., Nimmo, C.C. and Shewry, P.R. 1983. N-terminal amino acid sequences of ω-gliadins and ω-secalins, implications for

the evaluation of prolamin genes. **Biochimica et Biophysica Acta. 742**: 138–150.

34. Damidaux, R., Autran, J.C., Gricnac, P. and Feillet, P. 1978. Mise évidence relations applicables en sélection entre electrophoregramme des gliadines et les propriétés viscoélastiques du gluten de Triticum durum. **Comptes rendus de l'Académie des sciences, 287:**701-704, Paris.
35. Halford, N.G., Field, J.M., Blair, H., Urwin, P., Moore, K., Robert, L., Thompson, R., Flavell, R.B., Tatham, A.S., and Shewry, P.R. 1992. Analysis of HMW glutenin subunits encoded by chromosome 1A of bread wheat (Triticum aestivum L.) indicates quantitative effects on grain quality. **Theoretical and Applied Genetics 83**:373-378.
36. Seilmeier,W., Belitz, H.D., and Wieser, H.1991. Separation and quantitative determination of high-olecular weight subunits of glutenin from different wheat varieties and genetic variants of the variety Sicco. **Z Lebensm Unters Forsch, 192**:124-129.
37. Payne, P.I., 1987. Genetics of wheat storage protein and the effect of allelic variation on breadmaking quality. **Annual Review of Plant Physiology 38:**141-153.
38. Shewry, P.R., Halford, N.G., Tatham, A.S., Popineau, Y., Lafiandra, D., Belton P.S., 2003. The high molecular weight subunits of wheat glutenin and their role in determining wheat processing properties. **Advances in Food and Nutrition Research 45**:221-302.
39. Belton, P.S., 2005. New approaches to study the molecular basis of the mechanical properties of gluten. **Journal of Cereal Science 41**:203-211.
40. Payne, P.I., Corfield, K.G., Holt, L.M., Blackman, J.A., 1981. Correlation between the inheritance of certain high-molecular-weight subunits of glutenin and bread-making quality in progenies of six crosses of bread wheat. **Journal of the Science of Food and Agriculture 32:** 51–60.
41. Payne, P.I., and Lawrence, G.J., 1983. Catalogue of alleles for the complex gene loci GluA1, GluB1, GluD1, which code for the highmolecular-weight subunits of glutenin in hexaploid wheat. **Cereal Research Communication 11:** 29-35.

42. Harberd, N.P., Bartels, D., Thompson, R.D., 1986. DNA restriction fragment variation in the gene family encoding high-molecular-weight (HMW) glutenin subunits of wheat. **Biochemical Genetics 24:** 579–596.

43. Anderson, O.D., Abraham-Pierce, F.A., Tam, A., 1998. Conservation in wheat high-molecular-weight glutenin gene promoter sequences: comparisons among loci and among alleles of the Glu-B1-1 locus. **Theoretical and Applied Genetics 96:** 568–576.

44. Butow, B.J., Ma, W.J., Gale, K.R., Cornish, G.B., Rampling, L., Larroque, O., Morell, M.K., Be´ke´s, F., 2003. Molecular discrimination of Bx7 alleles demonstrates that overexpression has a major impact on wheat flour dough strength. **Theoretical and Applied Genetics 107:** 1524–1532.

45. Gianibelli, M.C., Echaide, M., Larroque, O.R., Carrillo, J.M., Dubcovsky, J., 2002. Biochemical and molecular characterization of Glu-1 loci in Argentinean wheat cultivars. **Euphytica 128:** 61–73.

46. Lukow, O.M., Forsyth, S.A., Payne, P.I., 1992. Over-production of HMW glutenin subunits coded on chromosome 1B in common wheat, Triticum aestivum. **Journal of Genetics and Breeding 46:** 187–192.

47. Marchylo, B.A., Lukow, O.M., Kruger, E.J., 1992. Quantitative variation in high molecular weight glutenin subunit 7 in some Canadian wheats. **Journal of Cereal Science 15:** 29–37.

48. Singh, N.K., and Shephard, K.W., and Cornish, G.B., 1991. A simplified SDS-PAGE procedure for separating LMW subunits of glutenin. **Journal of Cereal Science 14:** 203–208.

49. Butow, B.J., Gale, K.R., Ikea, J., Juha´sz, A., Bedo¨, Z., Tama´s, L., Gianibelli, M.C., 2004. Dissemination of the highly expressed Bx7 glutenin subunit (Glu-B1al allele) in wheat as revealed by novel PCR markers and RPHPLC. **Theoretical and Applied Genetics 109:** 1525–1535.

50. Sutton, K.H., 1991. Qualitative and quantitative variation among high molecular weight subunits of glutenin detected by reversed-phase highperformance liquid chromatography. **Journal of Cereal Science 14:** 25–34.

51. Ahmad, M., 2000. Molecular marker-assisted selection of HMW glutenin alleles related to wheat bread quality by PCR-generated DNA markers. **Theoretical and Applied Genetics 101:** 892–896.

52. De Bustos, A., Rubio, P., Jouve, N., 2000. Molecular characterization of the inactive allele of the gene Glu-A1 and the development of a set of AS-PCR markers for HMW glutenins of wheat. **Theoretical and Applied Genetics 100:** 1085–1094.

53. D'Ovidio, R., Anderson, O.D., 1994. PCR analysis to distinguish between alleles of a member of a multigene family correlated with wheat breadmaking quality. **Theoretical and Applied Genetics 88:** 759–763.

54. D'Ovidio, R., Masci, S., Porcedu, D., 1995. Development of a set of oligonucleotide primers specific for genes at the Glu-1 complex of wheat. **Theoretical and Applied Genetics 91:** 189–194.

55. Lafiandra, D., Tucci, G.F., Pavoni, A., Turchetta, T., 1997. PCR analysis of x and y-type genes present at the complex Glu-A1 locus in durum and bread wheat. **Theoretical and Applied Genetics 94:** 235–240.

56. Radovanovic, N., Cloutier, S., 2003. Gene-assisted selection for high molecular weight glutenin subunits in wheat doubled haploid breeding programs. **Molecular Breeding 12:** 51–59.

57. Eagles, H.A., Bariana, H.S., Ogbonnaya, F.C., Rebetzke, G.J., Hollamby, G.J., Henry, R.J., Henschke, P.H., Carter, M., 2001. Implementation of markers in Australian wheat breeding. **Australian Journal of Agricultural Research 52:** 1349–1356.

58. Gale, KR., 2005. Diagnostic DNA markers for quality traits in wheat. **Journal of Cereal Science, 41:** 181–192.

59. Gupta, P.K., Varshney, R.K., Sharma, P.C., Ramesh, B., 1999. Molecular markers and their applications in wheat breeding. **Plant Breeding 118:** 369–390.

60. Zhang, W., Gianibelli, M.C., Ma, W., Rampling, L., Gale, K.R., 2003. Identification of SNPs and development of allele-specific PCR markers for g-gliadin alleles in Triticum aestivum. **Theoretical and Applied Genetics 107:** 130–138.

61. Ma, W., Zhang, W., Gale, K.R., 2003. Multiplex-PCR typing of high molecular weight glutenin alleles in wheat. **Euphytica 134:** 51–60.

62. Lei, Z.S., Gale, K.R., He, Z.H., Gianibelli, C., Larroque, O., Xia, X.C., Butow, B.J., Ma, W., 2006. Y type gene specific markers for enhanced discrimination

of high molecular weight glutenin alleles at the Glu-B1 locus in hexaploid wheat. **Journal of Cereal Science 43:** 94-101.

63. Wrigley, C.W., and Bietz, J.A., 1988. Proteins and amino acids. In: Pomeranz, Y. (Ed.), Wheat—**Chemistry and Technology, vol. 1. St. Paul American Association of Cereal Chemistry,** pp. 159–275. 514 sayfa.
64. Grosch, W., and Wieser, H., 1999. Redox reactions in wheat dough as affected by ascorbic acid. **Journal of Cereal Science 29:** 1–16.
65. Wieser, H., 2003. The use of redox agents. In: Cauvain, S.P. (Ed.), Bread Making-Improving Quality. **Woodhead Publishing Ltd., Cambridge**, pp. 424–446. 832 sayfa.
66. Tilley, K.A., Benjamin, R.E., Bagorogoza, K.E., Okot-Kotber, B.M., Prakash, O., Kwen, H., 2001. Tyrosine cross-links: molecular basis of gluten structure and function. **Journal of Agricultural and Food Chemistry. 49:** 2627–2632.
67. Piber, M., and Koehler, P., 2005. Identification of dehydro-ferulic acidtyrosine in rye and wheat: evidence for a covalent cross-link between arabinoxylans and proteins. **Journal of Agricultural and Food Chemistry 53:** 5276–5284.
68. Wieser, H., Bushuk, W., MacRitchie, F., 2006. The polymeric glutenins. In: Wrigley, C., Bekes, F., Bushuk, W. (Eds.), Gliadin and Glutenin: the Unique Balance of Wheat Quality. **St. Paul American Association of Cereal Chemistry,** pp. 213–240. 466 sayfa.
69. Sollid, L.M., 2002. Coeliac disease: dissecting a complex inflammatory disorder. **Nature Reviews Immunology, vol. 2:** 647-655.
70. Lohi, S.& Mustalahti, K.& Kaukinen, K.& Laurila, K.& Collin, P.& Rissanen, H.& Lohi, O.& Bravi, E.& Gasparin, M.& Reunanen, A.& Mäki, M., 2007. Increasing prevalence of coeliac disease over time", **Alimentary Pharmacology & Therapeutics, vol. 26:** 1217-1225.
71. Atchison, J., Head, L., and Gates, A., 2010. Wheat as food, wheat as industrial substance; comparative geographies of transformation and mobility", **Geoforum, vol. 41:** 236-246.
72. Day, L., Augustin, M.A., Batey, I.L., and Wrigley, C.W., 2006. Wheat-gluten uses and industry needs", **Trends in Food Science & Technology, vol. 17:** 82-90.

73. Arentz-Hansen, E.H., Korner, R., Molberg, Ø., Quarsten, H., Vader, W., Kooy, Y.M.C., Lundin, K.E.A., Koning, F., Roepstorff, P., Sollid, L.M., and McAdam, S.N., 2000. The intestinal T-cell response to α-gliadin in adult celiac disease is focused on a single deamidated glutamine targeted by tissue transglutaminase", **Journal of Experimental Medicine, vol. 191:** 603-612.

74. Arentz-Hansen, E.H., McAdam, S.N., Molberg, Ø., Fleckenstein, B., Lundin, K.E.A., Jorgensen, T.J.D., Jung, G., Roepstorff, P., and Sollid, L.M., 2002. Celiac lesion T cells recognize epitopes that cluster in regions of gliadins rich in proline residues", **Gastroenterology, vol. 123:** 803-809.

75. Arentz-Hansen, E.H., McAdam, S.N., Molberg, Ø., Kristiansen, C., and Sollid, L.M., 2000. Production of a panel of recombinant gliadins for the characterisation of T cell reactivity in coeliac disease", **Gut, vol. 46:** 46-51.

76. Camarca, A., Anderson, R.P., Mamone, G., Fierro, O., Facchiano, A., Costantini, S., Zanzi, D., Sidney, J., Auricchio, S., Sette, A., Troncone, R., and Gianfrani, C., 2009. Intestinal T cell responses to gluten peptides are largely heterogeneous: implications for a peptide-based therapy in celiac disease", **Journal of Immunology, vol. 182:** 4158-4166.

77. Janatuinen, E.K., Kemppainen, T.A., Julkunen, R.J.K., Kosma, V.M., Maki, M., Heikkinen, M., and Uusitupa, M.I.J., 2002. No harm from five year ingestion of oats in coeliac disease", **Gut, vol. 50:** 332-335.

78. Maiuri, L., Ciacci, C., Ricciardelli, I., Vacca, L., Raia, V., Auricchio, S., Picard, J., Osman, M., Quaratino, S., and Londei, M., 2003. Association between innate response to gliadin and activation of pathogenic T cells in coeliac disease", **The Lancet, vol. 362:** 30-37.

79. Molberg, Ø., Uhlen, A.K., Jensen, T., Flæte, N.S., Fleckenstein, B., Arentz-Hansen, H., Raki, M., Lundin, K.E.A., and Sollid, L.M., 2005. Mapping of gluten T-cell epitopes in the bread wheat ancestors: Implications for celiac disease", **Gastroenterology, vol. 128:** 393-401.

80. Molberg, Q., Flæte, N.S., Jensen, T., Lundin, K.E.A., Arentz-Hansen, H., Anderson, O.D., Kjersti Uhlen, A., and Sollid, L.M., 2003. Intestinal T-cell responses to high-molecular-weight glutenins in celiac disease", **Gastroenterology, vol. 125:** 337-344.

81. Schuppan, D., Esslinger, B., and Dieterich, W., 2003. Innate immunity and coeliac disease", **The Lancet, vol. 362:** 3-4.

82. Vader, L.W., Kooy, Y.M.C., van Veelen, P.A., de Ru, A., Harris, D., Benckhuijsen, W., Peña, S., Mearin, L., Drijfhout, J.W., and Koning, F., 2002. The gluten response in children with celiac disease is directed toward multiple gliadin and glutenin peptides", **Gastroenterology, vol. 122:** 1729-1737.

83. Van Herpen, T.W.J.M., Goryunova, S., van der Schoot, J., Mitreva, M., Salentijn, E.M.J., Vorst, O., Schenk, M., van Veelen, P., Koning, F., van Soest, L., Vosman, B., Bosch, D., Hamer, R.J., Gilissen, L.J.W.J., and Smulders, M.J.M., 2006. Alpha-gliadin genes from the A, B, and D genomes of wheat contain different sets of celiac disease epitopes", **BioMed Central Genomics, vol. 7:** 1-13.

84. Salentijn, E.M.J., Goryunova, S., Bas, N., van der Meer, I.M., van den Broeck, H.C., Bastien, T., Gilissen, L.J.W.J., and Smulders, M.J.M., 2009. Tetraploid and hexaploid wheat varieties reveal large differences in expression of alpha-gliadins from homoeologous Gli-2 loci", **BioMed Central Genomics, vol. 10:** 48-62.

85. Spaenij-Dekking, L., Kooy-Winkelaar, Y., van Veelen, P., Drijfhout, J.W., Jonker, H., van Soest, L., Smulders, M.J.M., Bosch, D., Gilissen, L.J.W.J., and Koning, F., 2005. Natural variation in toxicity of wheat: potential for selection of nontoxic varieties for celiac disease patients", **Gastroenterology, vol. 129:** 797-806.

86. Van den Broeck, H.C., de Jong, H.C., Salentijn, E.M.J., Dekking, L., Bosch, D., Hamer, R.J., Gilissen, L.J.W.J., van der Meer, I.M., and Smulders, M.J.M., 2010. Presence of celiac disease epitopes in modern and old hexaploid wheat varieties: wheat breeding may have contributed to increased prevalence of celiac disease", **Theoretical and Applied Genetics, vol. 121:** 1527-1539.

87. Van den Broeck, H.C., Hongbing, C., Lacaze, X., Dusautoir, J.-C., Gilissen, L.J.W.J., Smulders, M.J.M., and van der Meer, I.M., 2010. In search of tetraploid wheat accessions reduced in celiac disease-related gluten epitopes", **Molecular BioSystems, vol. 6:** 2206-2213.

88. García-Salcedo, JA., Pérez-Morga, D., Gijón, P., Dilbeck, V., Pays, E., Nolan, D.P., 2004. A differential role for actin during the life cycle of Trypanosoma brucei. **European Molecular Biology Organization Journal 23:**780-789.

89. Poole, J.A., Barriga, K., Leung, D.Y.M., Hoffman, M., Eisenbarth, G.S., Rewers, M., and Norris, J. M., 2006. Timing of Initial Exposure to Cereal Grains and the Risk of Wheat Allergy. **Pediatrics 117:**6 2175-2182

90. Tatham, A.S., and Shewry, P.R., 2008. Allergy to wheat and related cereals. **Clinical and Experimental Allergy 38:** 1712–1726.

91. Feighery, C., 1999. Fortnightly review. Celiac disease. **British Medical Journal 29:** 236–239.

92. Fry, L., 1995. Dermatitis herpetiformis. **Baillière's Clinical Gastroenterology 9:**371–393.

93. Losowsky, M.S., 2008. A history of coeliac disease. **Digestive Diseases 26:** 112-120.

94. Neuhausen, SL., Steele, L., Ryan, S., Mousavi, M., Pinto, M., Osann, K.E., Flodman, P., and Zone, J.J., 2008. Co-occurrence of celiac disease and other autoimmune diseases in celiacs and their first-degree relatives. **Journal of Autoimmun 31:**160–165.

95. Hadjivassiliou, M., Grunewald, R., Sharrack, B., Sanders, D., Lobo, A., Williamson, C., et al. 2003. Gluten ataxia in perspective: epidemiology, genetic susceptibility and clinical characteristics. **Brain: 126:** 685–91.

96. Hadjivassiliou, M., Grunewald, R.A., Chattopadhyay, A.K., Kandler, R.H., Jarratt, J.A., Davies-Jones, G.A., 2002. Gluten ataxia and gluten neuropathy: the effect of a gluten-free diet. **Journal of Neurology, Neurosurgery & Psychiatry: 72:** 139.

97. Rix, K.J., Goldberg, D.P., O'Dowd, T.C., 1985. Videotapes for undergraduate psychiatry examinations: Part II--Comparison with other methods of assessment. **Medical Education 19(6):** 474-478.

98. Lucarelli, S., Frediani, T., Zingoni, A. M., Ferruzzi, F., Giardini, O., Quintieri, F., et al. 1995. Food allergy and infantile autism. **Panminerva Medica 37:** 137–141.

99. Elder, J.H., 2008. The Gluten-Free Casein-Free Diet in Autism: An Overview with Clinical Implications. **Nutrition in Clinical Practice. 23(6):**583-588.

100. Ünal, S.S., 1991. Hububat Teknolojisi, Bornova, İzmir, 216 sayfa.

101. Türkiye Buğday Ekiliş-Üretim-Verim ve TMO Alımları, Hububat sektör raporu, 2013. 59 sayfa
www.tmo.gov.tr/Main.aspx?ID=40
www.tmo.gov.tr/upload/document/raporlar/hububatsektorraporu.pdf

102. TUSAF, 2013. Türkiye un sanayicileri federasyonu, 2013 yılı un sanayii sektör raporu. 52 sayfa
www.usf.org.tr/TR/dosya/1-2141/h/tusaf-un-sektor-raporu-2013.pdf

103. Jantasuriyarat, C., Vales, M.I., Watson, C.J.W., Riera-Lizarazu, O., 2004. Identification and mapping of genetic loci affecting the freethreshing habit and spike compactness in wheat (Triticum aestivum L.). **Theoretical and Applied Genetics 108:** 261–273.

104. Simons, K.J., Fellers, J.P., Trick, H.N., Zhang, Z,, Tai, Y.S., Gill, B.S., Faris, J.D., 2006. Molecular characterization of the major wheat domestication gene Q. **Genetics 172:** 547–555.

105. Shewry, P.R. 2009. Wheat. **Journal of Experimental Botany 60(6):** 1537-1553.

106. Dyke, G.V., 1993. John Lawes of Rothamsted. Pioneer of science farming and industry. Harpenden, UK: **Hoos Press.** 234 sayfa.

107. Szabo´, A.T., and Hammer, K., 1996. Notes on the taxonomy of farro: *Triticum monococcum, T. dicoccon* and *T. spelta*. Proceedings of the ‘‘**First International Workshop on Hulled Wheats**, 21–22 July 1995, Castelvecchio Pascoli, Italy, IPGRI, Rome, pp 2–40

108. Fossati, D., Ingold, M., 2001. Mountain wheat pool. In: Bonjean AP, Angus WJ, eds. The world wheat book: a history of wheat breeding. Paris, France: **Lavoisier Publishing,** 311–332. 1201 sayfa.

109. Shewry, P.R., Halford, N.G., and Lafiandra, D., 2003. Genetics of wheat gluten proteins. **Advanges in Genetics, vol. 49:** 111-184.

110. Feldman, M., Horowitz, A., et al., 1988. Utilization Of Biodiversity From İn Situ Reserves, With Special Reference To Wild Wheat And Barley. **Biodiversity and Wheat Improvement, 21:** 311-323.

111. Gulsen, O., Mutlu, S.S., et al., 2009. Polyploidy Creates Higher Diversity Among Cynodon Accessions As Assessed By Molecular Markers, **Theoretical and Applied Genetics 118:** 1309–1319.

112. Feldman, M., Levy, A.A., 2005. Allopolyploidy – A Shaping Force İn The Evolution Of Wheat Genomes, **Cytogenetic and Genome Research, 109:** 250–258.

113. Riley, R., and Chapman, V. 1958. Genetic control of the cytologically diploid behavior of hexaploid wheat. **Nature 182:** 713–715.

114. Sears, E.R. 1972. Chromosome engineering in wheat. **Stadler Symphosium 4:** 23–38.

115. Gooding, M.J., and Davies, W.P. 1997. ‘‘Wheat Production and Utilization: Systems, Quality and the Environment.’’ CAB International, Wallington, UK.

116. Wan, Y., Poole., R.L., Huttly, A.K., et al. 2008. Transcriptome analysis of grain development in hexaploid wheat. **BioMed Central Genomics 9:** 121.

117. Skylas, D.J., Mackintosh, J.A., Cordwell, S.J., Basseal, D.J., Walsh, B.J., Harry, J., Blumenthal, C., Copeland, L., Wrigley, C.W., Rathmell, W., 2000. Proteome approach to the characterization of protein composition in the developing and mature wheat grain endosperm. **Journal of Cereal Science 32:** 169–188.

118. Osborne, T.B., 1924. The vegetable proteins, 2nd edn. pp. 154, London, UK: **Longmans Green & Co., London**. 168 sayfa.

119. Kumamaru, T., Ogawa, M., Satoh, H., Okita, T.W., 2007. Protein body biogenesis in cereal endosperms. **Plant Cell Monographs-Endosperm 8:**141-158.

120. Levanany, H., Rubin, R., Altschuler, Y., Galili, G., 1992. Evidence for a novel route of wheat storage proteins to vacuoles. **Journal of Cell Biology 119:** 1117–1128.

121. Galili, G., Altschuler, Y., Levanony, H., Giorini-Silfen, S., Shimoni, Y., Shani, N., Karchi, H., 1995. Assembly and transport of wheat storage proteins. **Journal of Plant Physiology 145:** 626–631.

122. Galili, G., 1997. The prolamin storage proteins of wheat and its relatives. In: Larkins BA, Vasil IK, eds. Cellular and molecular biology of plant seed development. **Dordrecht, The Netherlands: Kluwer,** 221–256. 502 sayfa.

123. Tosi, P., Parker, M., Gritsch, C., Carzaniga, R., Martin, B., Shewry, P.R., 2009. Trafficking of storage proteins in developing grain of wheat. **Journal of Experimental Botany 60:** 619–627.

124. Payne, P.I., Corfield, K.G., Blackman, J.A., 1979. Identification of a high molecular weight subunit of glutenin whose presence correlates with breadmaking quality in wheats of related pedigree. **Theoretical and Applied Genetics 55:** 153–159.

125. Altpeter, F., Vasil, V., Srivastava, V., Vasil, I.K., 1996. Integration and expression of the high-molecular-weight glutenin subunit 1Ax1 gene into wheat. **Nature Biotechnology 14:** 1155–1159.

126. Blechl, A.E., Anderson, O.D., 1996. Expression of a novel highmolecular-weight glutenin subunit gene in transgenic wheat. **Nature Biotechnology 14:** 875–879.

127. Barro, F., Rooke, L., Be´kes, F., Gras, P., Tatham, A.S., Fido, R., Lazzeri, P., Shewry, P.R., Barcelo, P., 1997. Transformation of wheat with HMW subunit genes results in improved functional properties. **Nature Biotechnology 15:** 1295–1299.

128. Shewry, P.R., Jones, H.D., 2005. Transgenic wheat: where do we stand after the first 12 years? **Annals of Applied Biology 147:** 1–14.

129. Jones, H.D., Sparks, C.A., Shewry, P.R., 2009. Transgenic manipulation of wheat quality. In: Khan K, Shewry PR, eds. Wheat: chemistry and technology, 4th edn. St Paul, MN, US: **American Association for Clinical Chemistry**, pp. 437-451. 467 sayfa, http://dx.doi.org/10.1094/9781891127557.012

130. Field, J.M., Bhandari, D., Bonet, A., Underwood, C., Darlington, H., Shewry, P.R., 2008. Introgression of transgenes into a commercial cultivar confirms differential effects of HMW subunits 1Ax1 and 1Dx5 on gluten properties. **Journal of Cereal Science 48:** 457–463.

131. Rakszegi, M., Pastori, G., Jones, H.D., Bekes, F., Butow, B., Lang, L., Bedo, Z., Shewry, P.R., 2008. Technological quality of field-grown transgenic lines of commercial wheat cultivars expressing the 1Ax1 HMW glutenin subunit gene. **Journal of Cereal Science 47:** 310–321.

132. Singh, N.K., and Shepherd, K.W., 1988. Linkage mapping of genes-controlling endosperm storage proteins in wheat. 1. Genes on the short arms of group-1 chromosomes. **Theoretical and Applied Genetics, vol. 75:** 628-641.

133. Yamamoto, N., Ejiri, M., Mizuno, S., 2003. Biogenic peptides and their potential uses. **Current Pharmaceutical Design 9:** 1345–1355.

134. Coakley, S.M., Scherm, H., Chakraborty, S., 1999. Climate change and plant disease management. **Annual Review of Phytopathology 37:** 399–426.

135. Semenov, M.A., 2008. Impacts of climate change on wheat in England and Wales. **Journal of the Royal Society Interface. Vol 6:** 343-350.

136. Blumenthal, C.S., Barlow, E.W.R., Wrigley, C.W., 1993. Growth environment and wheat quality: the effects of heat stress on dough properties and gluten proteins. **Journal of Cereal Science 18:** 3–21.

137. Högy, P., Fangmeier, A., 2008. Effects of elevated atmospheric CO2 on grain quality of wheat. **Journal of Cereal Science 48:** 580–591.

138. Porter, J.R., Semenov, M.A., 2005. Crop responses to climatic variation. **Philosophical Transactions of the Royal Society B 360:** 2021–2035.

139. Wan, Y., Underwood, C., Toole, G., et al. 2009. A novel transcriptomic approach to identify candidate genes for grain quality traits in wheat. **Plant Biotechnology Journal 7(5):** 401-410.

140. Millar, S.J., Snape, J., Ward, J., Shewry, P.R., Belton, P., Boniface, K., Summers, R., 2008. Investigating wheat functionality through breeding and end use. **CCFRA Report on LINK Project FQS 23.**

141. Beccari, J.B., 1745. De Frumento. In ‘‘De Bononiensi Scientiarum et Artium atque Academia Commentarii,’’ Tomi Secundi, Part I, pp. 122–127.

142. Jackson, E.A., Holt, L.M., and Payne, P.I. 1983. Characterization of high molecular weight gliadin and low molecular weight glutenin subunits of wheat endosperm by two dimensional electrophoresis and the chromosomal localization of their controlling genes. **Theoretical and Applied Genetics 66:** 29-37.

143. Shewry, P.R., and Tatham, A.S., 1999. The characteristics, structures and evolutionary relationships of prolamins. In ‘‘Seed Proteins’’ (P. R. Shewry and R. Casey, eds.), pp. 11–36. **Kluwer Academic Publishers, Dordrecht**, The Netherlands.

144. Shewry, P.R., 1995. Plant storage proteins. **Biological Reviews 70:** 375–426.

145. Lafiandra, D., and Kasarda, D.D., 1985. One- and two-dimensional (two-pH) polyacrylamide gel electrophoresis in a single gel: Separation of wheat proteins. **Cereal Chemistry 62:** 314–319.

146. Payne, P.I., Holt, L.M., Jarvis, M.G., and Jackson, E.A., 1985. Two dimensional fractionation of the endosperm proteins of bread wheat (Triticum aestivum): Biochemical and genetic studies. **Cereal Chemistry 62:**319-326.

147. Kruger, J.E., and Bietz, J.A., 1994. ‘‘High-Performance Liquid Chromatography of Cereal and Legume Proteins.’’ **American Association of Cereal Chemists**, St. Paul, MN.

148. Dworschak, R.G., Werner, E., Standing, K.G., Preston, K.R., Marchylo, B.A., Nightingale, M.J., Stevenson, S.G., and Hatcher, D.W., 1998. Analysis of wheat gluten proteins by matrixassisted laser desorption/ionization mass spectrometry. **Journal of Mass Spectrometry. 33:** 429–435.

149. Bean, S.R., and Lookhart, G.L., 2000. Electrophoresis of cereal storage proteins. **Journal of Chromatography A 881:** 23–36.

150. Bean, S.R., Bietz, J.A., and Lookhart, G.L., 1998. High-performance capillary electrophoresis of cereal proteins. **Journal of Chromatography A 814:** 25–41.

151. Kreis, M., Forde, B.G., Rahman, S., Miflin, B.J., and Shewry, P.R., 1985. Molecular evolution of the seed storage proteins of barley, rye and wheat. **Journal of Molecular Biology 183:** 499–502.

152. Shewry, P.R., Halford, N.G. and Tatham, A.S., 1992. High molecular weight subunits of wheat glutenin. **Journal of Cereal Science 15:** 105-120.

153. Shewry, P.R., and Tatham, A.S., 1997. Disulphide bonds in wheat gluten proteins. **Journal of Cereal Science 25:** 207–227.

154. Anderson, O.D., Hsia, C.C., and Torres, V., 2001. The wheat γ-gliadin genes: Characterization of ten new sequences and further understanding of γ-gliadin gene family structure. **Theoretical and Applied Genetics 103:** 323–330.

155. Hsia, C.C., and Anderson, O.D., 2001. Isolation and characterization of wheat ω-gliadin genes. **Theoretical and Applied Genetics 103:** 37–44.

156. Tatham, A.S., and Shewry, P.R., 1995. The S-poor prolamins of wheat, barley and rye. **Journal of Cereal Science 22:** 1–16.

157. DuPont, F.M., Vensel, W.H., Chan, R., and Kasarda, D.D., 2000. Characterization of the 1B-type ω-gliadins from *Triticum aestivum* cultivar Butte. **Cereal Chemistry 77:** 607–614.

158. Masci, S., Lafiandra, D., Porceddu, E., Lew, E.J.L., Tao, H.P., and Kasarda, D.D., 1993. D-glutenin subunits: N-terminal sequences and evidence for the presence of cysteine. **Cereal Chemistry 70:** 581–585.

159. Masci, S., Egorov, T.A., Ronchi, C., Kuzmicky, D., Kasarda, D.D., and Lafiandra, D., 1999. Evidence for the presence of only one cysteine residue in the D-type low molecular weight subunits of wheat glutenin. **Journal of Cereal Science 29:** 17–25.

160. Anderson, O.D., Hsia, C.C., Adalsteins, A.E., Lew, E.J.L., and Kasarda, D.D., 2001. Identification of several new classes of low-molecular-weight wheat gliadin related proteins and genes. **Theoretical and Applied Genetics 103:** 307–315.

161. Osborne, T.B., 1907. The protein of the wheat kernel. Publication No. 84. **Carnegie Institute: Washington, DC**.

162. Chen, C.H., and Bushuk, W, 1970. Nature of proteins in triticale and its parental species. I. Solubility characteristics and amino acid composition of endosperm proteins. **Canadian Journal of Plant Science 50:**9-14.

163. Beckwith, A.C., Nielsen, H.C., Wall, J.S., and Huebner, F.R., 1966. Isolation and characterisation of a high-molecular-weight protein from wheat gliadin. **Cereal Chemistry 43:**14-28.

164. Nielsen, H.C., Beckwith, A.C., and Wall, J.S. 1968. Effect of disulphidebond cleavage on wheat gliadins fractions obtained by gel filtration. **Cereal Chemistry 45:**37-47.

165. Bietz, J.A., and Wall, J.S. 1973. Isolation and characterization of gliadin-like subunits from glutenins. **Cereal Chemistry 50:**537-547.

166. Bietz, J.A., and Wall, J.S. 1980. Identity of high molecular weight gliadin and ethanol-soluble glutenin subunits of wheat: Relation to gluten structure. **Cereal Chemistry 57:**415-421.

167. Kanazawa, H., and Yonezawa, D. 1973. Studies on polypeptide composition of low molecular weight glutenin. **Journal of the Agricultural Chemical Society of Japan 47:**17-22.

168. Field, J.M., Shewry, P.R., and Miflin, B.J. 1983. Solubilization and characterization of wheat gluten proteins; correlations between the amount of

aggregated proteins and baking quality. **Journal of the Science of Food and Agriculture 34:**370-377.

169. Kreis, M., Shewry, P.R., Forde, B.G., Forde, J., and Miflin, B.J. 1985. Structure and evolution of seed storage proteins and their genes with particular references to those of wheat, barley and rye. Pages 253-317 in: **Oxford Surveys of Plant and Molecular Cell Biology**. B. J. Miflin, ed. **Oxford University Press: London.**
170. Shewry, P.R., Tatham, A.S., Forde, J., Kreis, M., and Miflin, B.J. 1986. The classification and nomenclature of wheat gluten proteins: A reassessment. **Journal of Cereal Science 4:**97-106.
171. Miflin, B.J., Field, J.M., and Shewry, P.R. 1983. Cereal storage proteins and their effects on rheological properties. Pages 255-319 in: Seed Proteins. J. Daussant, J. Mosse and J.G. Vaugham, eds. **Phytochemical Society of Europe Symposium Academic Press:** London.
172. Ewart, J.A.D. 1990. Comments on recent hypothesis of glutenin. **Food Chemistry 38:**159-169.
173. MacRitchie, F. 1992. Physicochemical properties of wheat proteins in relation to functionality. **Advances in Food & Nutrition Research 36:**1-87.
174. Skerritt, J.H., Appels, R., 1995. Development and Application of diagnostic methods in the crop sciences. In: New Diagnostics for Crop Sciences, [edited by: Skerritt, J.H.; Appels, R.] Wallingford, UK: **CAB International**, pp 1-32. 338 sayfa
175. Metakovsky, E.V., Akhmedov, M.G., Sozinov, A.A. 1986. Genetic analysis of gliadin-encoding genes reveals gene clusters as well as single remote genes. **Theoretical and Applied Genetics 73:** 278-285
176. Payne, P.I., Holt, L.M., Lister, P.G. 1988. Gli-A3 and Gli-B3, two newly designated loci coding for omega-type gliadins and D subunits of glutenin In: **Proceedings of the 7th International Wheat Genetics Symposium, Volume 2** [edited by Miller, T.E.; Koebner, R.M.D.] Cambridge: **Institute of Plant Science Research**, pp 999-1002.
177. Galili, G., and Feldman, M. 1984. Mapping of gliadin and glutenin genes located on chromosome 1B of common wheat. **Molecular and General Genetics 193:** 293-298.

178. Jackson, E.A., Holt, L.M., Payne, P.I. 1985. Glu-2, a storage protein locus controlling the D group of LMW subunits in bread wheat (Triticum aestivum). **Genetical Research 46:** 11-17.

179. Redaelli, R., Pogna, N.E., Dachkevitch, T., Cacciatori, P., Biancardi, A.M., Metakovsky, E.V. 1992. Inheritance studies of the 1AS/1DS chromosome translocation in the bread-wheat variety Perzivan-1. **Journal of Genetics and Breeding 46:** 253-262.

180. Pogna, N.E., Metakovsky, E.V., Redaelli, R., Raineri, F., Dachkevitch, T. 1993. Recombination mapping of Gli-5, a new gliadin-coding locus on chromosomes 1A and 1B in common wheat. **Theoretical and Applied Genetics 87:** 113–121.

181. Sreeramulu, G., Singh, N.K. 1997. Genetic and biochemical characterization of novel low molecular weight glutenin subunits in wheat (Triticum aestivum L.) **Genome 40:** 41-48.

182. Payne, P.I., Nightingale, M.A., Krattiger, A.F., and Holt, L.M. 1987. The relationship between HMW glutenin subunit composition and the bread-making quality of British-grown wheat varieties. **Journal of the Science of Food and Agriculture 40:**51-65.

183. Bietz, J.A., and Wall, J.S. 1975. The effect of various extractants on the subunit composition and association of wheat glutenin. **Cereal Chemistry 52:**145-155.

184. Payne, P.I., Law, C.N., and Mudd, E.E. 1980. Control by homoeologous group 1 chromosomes of the high-molecular-weight subunits of glutenin, a major protein of wheat endosperm. **Theoretical and Applied Genetics 58:**113-120.

185. Payne, P.I., Roberts, M.S., and Holt, L.M. 1986. Locations of genes controlling the D group of LMW glutenin subunits on the chromosome 1D of bread wheat. **Genetic Resource 47:** 175-179.

186. Branlard, G., Autran, J.C., and Monneveux, P. 1989. High molecular weight glutenin subunits in durum wheat (Triticum durum). **Theoretical and Applied Genetics 78:**353-358.

187. Waines, J.G., and Payne, P.I. 1987. Electrophoretic analysis of the highmolecular- weight glutenin subunits of Triticum monococcum, T. urartu,

and the A genome of bread wheat (T. aestivum). **Theoretical and Applied Genetics 74:**71-76.

188. Lawrence, G.J., and Shepherd, K.W. 1980. Variation in glutenin protein subunits of wheat. **Australian Journal of Biological Sciences 33:**221-233.
189. McIntosh, R.A., Hart, G.E., and Gale, M.D. 1994. Catalogue of gene symbols for wheat (supplement). **Annual Wheat Genetic Newsletter 40:**362-375.
190. Fernandez-Calvin, B., and Orellana, J. 1990. High molecular weight glutenin subunit variation in the Sitopsis section of Aegilops. Implications for the origin of the B genome of wheat. **Heredity 65:**455-463.
191. Lagudah, E.S., and Halloran, G.M. 1988. Phylogenetic relationships of Triticum tauschii the D genome donor to hexaploid wheat. 1. Variation in HMW subunits of glutenin and gliadins. **Theoretical and Applied Genetics 75:**592-598.
192. Williams, M.D.H.M., Peña, R.J., and Mujeeb-Kazi, A. 1993. Seed protein and isozyme variations in Triticum tauschii (Aegilops squarrosa). **Theoretical and Applied Genetics 87:**257-263.
193. Gianibelli, M.C., Gupta, R.B., and MacRitchie, F. 2000. HMW and LMW subunits of glutenin of Triticum tauschii, the D genome donor to hexaploid wheat. In Wheat Structure, Biochemistry and Functionality. J. P. Schofield, ed. **Royal Society of Chemistry**: Pages 139-145, Cambridge, UK. 521 sayfa.
194. Ciaffi, M., Lafiandra, D., Porceddu, E., and Benedettelli, S. 1993. Storageprotein variation in wild emmer wheat (Triticum turgidum ssp. dicoccoides) from Jordan and Turkey. I. Electrophoretic characterization of genotypes. **Theoretical and Applied Genetics 86:**474-480.
195. Ciaffi, M., Dominici, L., and Lafiandra, D. 1998. High molecular weight glutenin subunit variation in wild and cultivated einkorn wheats. **Plant Systematics and Evolution 209:**123-137.
196. Nevo, E., and Payne, P.I. 1987. Wheat storage proteins: Diversity of HMW glutenin subunits in wild emmer from Israel. **Theoretical and Applied Genetics 74:**827-836.
197. Shewry, P.R., Miles, M.J., Tatham, A.S. 1994. The prolamin storage proteins of wheat and related cereals. **Progress in Biophysics and Molecular Biology 61:** 37–59.

198. Shewry, P.R., Miflin, B.J. 1985. Seed storage proteins of economically important cereals. **Advances in Cereal Science and Technology 7:** 1–83.

199. D'Ovidio, R., Porceddu, E., Lafiandra, D. 1994. PCR analysis of genes encoding allelic variants of high-molecular-weight glutenin subunits at the Glu-D1 locus. **Theoretical and Applied Genetics 88:** 175–180.

200. Hull, G., Sabelli, P., Shewry, P.R. 1992. Isolation and characterisation of genes encoding rye prolamins containing a highly repeated sequence motif. **Plant Molecular Biology 17:** 1111–1115.

201. Tatham, A.S., Shewry, P.R., Belton, P.S. 1990. Structural studies of cereal prolamins, including wheat gluten. **Advances in Cereal Science and Technology 10:** 1–78.

202. Rafalski, J.A., Scheets, K., Metzler, M., Peterson, D.M., Hedgcoth, C., Soll, D.G. 1984. Developmentally regulated plant genes: the nucleotide sequence of a wheat gamma gliadin genomic clone. **EMBO Journal 3:** 1409–1415.

203. Okita, T.W., Cheesbrough, V., Reeves, C.D. 1985. Evolution and heterogeneity of the a/b- and g-gliadin DNA sequences. **Journal of Biological Chemistry 260:** 8203–8213.

204. Scheets, K., Rafalski, J.A., Hedgcoth, C., Soll, D.G. 1985. Heptapeptide repeat structure of a wheat g-gliadin. **Plant Science Letters 37:** 221–226.

205. Forde, J., Malpica, J.M., Halford, N.G., Shewry, P.R., Anderson, O. D., Green, F. C., and Miflin, B. J. 1985. The nucleotide sequence of a HMW glutenin subunits gene located on chromosome 1A of wheat (Triticum aestivum L.). **Nucleic Acids Resources 13:**6817-6832.

206. Halford, N.G., Forde, J. Anderson, O.D., Green, F.C., and Shewry, P.R. 1987. The nucleotide and deduced amino acid sequences of an HMW glutenin subunit gene from chromosome 1B of bread wheat (Triticum aestivum L.) and comparison with those of genes from chromosomes 1A and 1D. **Theoretical and Applied Genetics 75:**117-126.

207. Anderson, O.D., and Green, F.C. 1989. The characterization and comparative analysis of high-molecular-weight glutenin genes from genomes A and B of a hexaploid bread wheat. **Theoretical and Applied Genetics 77:**689-700.

208. Cassidy, B.G., Dvorak, J., and Anderson, O.D. 1998. The wheat low molecular-weight glutenin genes: Characterization of six new genes and progress in

understanding gene family structure. **Theoretical and Applied Genetics 96:**743-750.

209. Masci, S., D'Ovidio, R., Lafiandra, D., and Kasarda, D. D. 1998. Characterization of a low-molecular-weight glutenin subunit gene from bread wheat and the corresponding protein that represents a major subunit of the glutenin polymer. **Plant Physiology 118:**1147-1158
210. D'Ovidio, R., Marchitelli, C., Ercoli Cardelli, L., and Porceddu, E. 1999. Sequence similarity between allelic Glu-B3 genes related to quality properties of durum wheat. **Theoretical and Applied Genetics 98:**455-461.
211. Shewry, P.R., Halford, N.G., and Tatham, A.S. 1989. The high molecular weight subunits of wheat, barley and rye: Genetics, molecular biology, chemistry and role in wheat gluten structure and functionality. **Oxford Surveys of Plant and Molecular Cell Biology, Vol. 6:** 163-219
212. Miles, M.J., Carr, H.J., MacMaster, T.C., I'Anson, K.J., Belton, P.S., Morris, V.J., Field, J.M., Shewry, P.R., and Tatham, A.S. 1991. Scanning tunneling microscopy of a wheat seed storage protein reveals details of an unusual supersecondary structure. **Proceedings of the National Academy of Sciences 88:**68-71.
213. Tatham, A.S., Miflin, B.J., and Shewry, P.R. 1985. The beta-turn conformation in wheat gluten proteins: Relationship to gluten elasticity. **Cereal Chemistry 62:**405-442.
214. Belton, P.S., Colquhoun, I.J., Field, J.M., Grant, A., Shewry, P.R., and Tatham, A.S. 1994. 1H and 2H NMR relaxation studies of high Mr subunit of wheat glutenin and comparison with elastin. **Journal of Cereal Science 19:**115-121.
215. Belton, P.S. 1999. On the elasticity of wheat gluten. **Journal of Cereal Science 29:**103-107.
216. Fleer, G.J. and Scheutjens, J.M.H.M. 1982. Adsorption of interacting oligomers and polymers at interfaces. **Advances in Colloid and Interface Science16:**341-359.
217. Tatham, A.S., Drake, A.F., and Shewry, P.R. 1990. Conformational studies of synthetic peptides corresponding to the repetitive region of the high

molecular weight (HMW) glutenin subunits of wheat. **Journal of Cereal Science 11:**189-200.

218. Clemmer, C.R., and Beebe, T.P. 1991. Graphite: A mimic for DNA and other biomolecules in scanning tunnelling microscopy studies. **Science 251:**640-642.
219. Wrigley, C.W. 1996. Giant proteins with flour power. **Nature 381:**738-739.
220. Shewry, P.R., Halford, N.G., Faulks, A.J., Parmar, S., Miflin, B.J. Dietler, M.D., Lew, E.J.L., and Kasarda, D.D. 1984. Purification and N-terminal amino acid sequence analysis of high molecular weight (HMW) gluten polypeptides of wheat. **Biochimica et Biophysica Acta 788:** 23-34.
221. Anderson, O.D., Cassidy, B., Steffen, J., Dvorak, J., and Greene, F.C. 1991. Structure of the high- and low-molecular-weight gene families of the homoeologous group 1 chromosomes of the hexaploid bread wheat cultivar Cheyenne. in: Gluten Proteins 1990. W. Bushuk and R. Tkachuk, eds. **American Association of Cereal Chemists**.: Pages 512-519, St. Paul, MN.
222. Wieser, H., 1996. Relation between gliadin structure and coeliac toxicity. **Acta Paediatr Scand 412** (85 Suppl), 3–9.
223. Tatham, A.S., and Shewry, P.R., 1985. The conformation of wheat gluten proteins. The secondary structures and thermal stabilities of a-, b-, γ and ω – gliadins. **Journal of Cereal Science 3:** 104–113.
224. Wieser, H., and Kieffer, R., 2001. Correlations of the amount of gluten protein types to the technological properties of wheat flours determined on a micro-scale. **Journal of Cereal Science 34:** 19–27.
225. Shewry, P.R., Miflin, B.J., Lew, E.J.L., Kasarda, D.D., 1983. The preparation and characterization of an aggregated gliadin fraction from wheat. **Journal of Experimental Botany 34:** 1403–1410.
226. Huebner, F.R., Bietz, J.A., 1993. Improved chromatographic separation and characterization of ethanol-soluble wheat proteins. **Cereal Chemistry 70:** 506–511.
227. Wieser, H., Zimmermann, G., 2000. Importance of amounts and proportions of high molecular weight subunits of glutenin for wheat quality. **European Food Research and Technology 210:** 324–330.

228. Kasarda, D.D., 1999. Glutenin polymers: the in vitro to in vivo transition. **Cereal Foods World 44:** 566–571.

229. Wieser, H., 1998. Investigations on the extractability of gluten proteins from wheat bread comparison with flour. **Z Lebensm Unters Forsch 207,** 128–132.

230. Sears, E.R. 1954. The aneuploids of common wheat. **Missouri Agricultural Experiment Station Research Bulletin 572:** 1-58.

231. Sears, E.R. 1966. Nullisomic–tetrasomic combinations in hexaploid wheat. In ‘‘Chromosome Manipulations and Plant Genetics’’ (R. Riley and K. R. Lewis, eds.), pp. 29-45. **Oliver and Boyd, London**. 130 sayfa

232. Boyd, W.J.R., and Lee, J.W. 1967. The control of wheat gluten synthesis at the genome and chromosome levels. **Experientia 23:** 332-333.

233. Shepherd, K.W. 1968. Chomosomal control of wheat endosperm proteins in wheat and rye. In ‘‘Proceedings of the 3rd International Wheat Genetics Symposium’’ (K. W. Finlay and K. W. Shepherd, eds.), pp. 86–96. **Australian Academy of Science,** Canberra. 479 sayfa.

234. Wrigley, C.W., and Shepherd, K.W. 1973. Electrofocusing of grain proteins from wheat genotypes. **Annals of the New York Academy of Sciences 209:** 154-162.

235. Brown, J.W.S., Law, C.N., Worland, A.J., and Flavell, R.B. 1981. Genetic variation in wheat endosperm proteins: An analysis by two-dimensional electrophoresis using intervarietal chromosomal substitution lines. **Theoretical and Applied Genetics 59:** 361–371.

236. Payne, P.I., Holt, L.M., Lawrence, G.J., and Law, C.N. 1982. The genetics of gliadin and glutenin, the major storage proteins of the wheat endosperm. **Qualitas Plantarum Plant Foods Human Nutrition 31:** 229-241.

237. Lafiandra, D., Morris, R., and Kasarda, D.D. 1984. Chromosomal assignment of genes coding for the wheat gliadin protein components of the cultivars Cheyenne and Chinese Spring by twodimensional (two-pH) electrophoresis. **Theoretical and Applied Genetics 68:** 531-539.

238. Joppa, L.R., Khan, K., and Williams, N.D. 1983. Chromosomal location of genes for gliadin polypeptides in durum wheat Triticum turgidum L. **Theoretical and Applied Genetics 64:** 289–293.

239. Lafiandra, D., Colaprico, G., Kasarda, D.D., and Porceddu, E. 1987. Null alleles for gliadin blocks in bread and durum wheat cultivars. **Theoretical and Applied Genetics 74:** 610-616.

240. Lafiandra, D., Ciaffi, M., and Benedettelli, S. 1993. Seed storage proteins of wild wheat progenitors. In ‘‘Biodiversity and Wheat Improvement’’ (A. B. Damania, ed.), pp. 329–340. **John Wiley & Sons, New York**. 520 sayfa.

241. Sozinov, A.A., and Poperelya, F.A. 1980. Genetic classification of prolamines and its use for plant breeding. **Annales de technologie agricole 29:** 229-245.

242. Shewry, P.R., Miflin, B.J., and Kasarda, D.D. 1984. The structural and evolutionary relationships of the prolamin storage proteins of barley, rye and wheat. **Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences 304:** 333-339.

243. Shepherd, K.W. 1988. Genetics of wheat endosperm proteins in retrospect and prospect. In ‘‘Proceedings of the 7th International Wheat Genetics Symposium,’’ pp. 943-949. **Institute of Plant Science Research, Cambridge.** 1254 sayfa.

244. Orth, R.A., and Bushuk, W. 1974. Studies of glutenin. VI. Chromosomal location for subunits of glutenin of common wheat**. Cereal Chemistry 51:** 118-126.

245. Bietz, J.A., Shepherd, K.W., and Wall, J.S. 1975. Single-kernel analysis of glutenin: Use in wheat genetics and breeding. **Cereal Chemistry 52:** 513-532.

246. Laemmli, U.K. 1970. Cleavage of structural proteins during the assembly of the head of Bacteriophage T4. **Nature 227:** 680–685

247. Galili, G., and Feldman, M. 1985. Genetic control of endosperm proteins in wheat. 3. Allocation to chromosomes and differential expression of high molecular weight glutenin and gliadin genes in intervarietal substitution lines of common wheat. **Theoretical and Applied Genetics 69:** 583-589.

248. Payne, P.I., Holt, L.M., and Law, C.N. 1981. Structural and genetical studies of the high molecular subunits of wheat glutenin. I. Allelic variation in subunits amongst varieties of wheat. **Theoretical and Applied Genetics 60:** 229-236.

249. Levy, A.A., Galili, G., and Feldman, M. 1988. Polymorphism and genetic control of high molecular weight glutenin subunits in wild tetraploid wheat Triticum turgidum var. dicoccoides. **Heredity 61:** 63-72.

250. Margiotta, B., Urbano, M., Colaprico, G., Turchetta, T., and Lafiandra, D. 1998. Variation of high molecular weight glutenin subunits in tetraploid wheats of genomic formula AAGG. In ‘‘Proceedings of the 9th International wheat Genetics Symposium’’ (A. E. Slinkard, ed.), pp. 195-197. **University Extension Press, University of Saskatchewan, Regina, SK, Canada**. 640 sayfa.

251. Payne, P.I., Holt, L.M., and Lawrence G.D., 1983. Detection of a novel high-molecular-weight subunit of glutenin in some Japanese hexaploid wheats. **Journal of Cereal Science 1:** 3-8.

252. Payne, P.I., Holt, L.M., Jackson, E.A., and Law, C.N. 1984. Wheat storage proteins: Their genetics and their potential for manipulation by plant breeding. **Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences 304:** 359-371.

253. Lafiandra, D., Benedettelli, S., and Porceddu, E. 1988. Null forms for storage proteins in bread wheat and durum. In ‘‘Proceedings of the 7th International Wheat Genetics Symposium,’’ pp. 963-967. **Institute of Plant Science Research, Cambridge.** 1414 sayfa.

254. Lafiandra, D., Margiotta, B., Colaprico, G., Masci, S., Roth, M.R., and MacRitchie, F. 2000. Introduction of the D-genome related high- and low-Mr glutenin subunits into durum wheat and their effect on technological properties. In ‘‘Wheat Gluten’’ (P. R. Shewry and A. S. Tatham, eds.), pp. 51-54. **Royal Society of Chemistry**, Cambridge. 617 sayfa.

255. Lawrence, G.J., MacRitchie, F., and Wrigley, C.W. 1988. Dough and baking quality of wheat lines deficient in glutenin subunits controlled by the Glu-A1, Glu-B1 and Glu-D1 loci**. Journal of Cereal Science 7:** 109-112.

256. Payne, P.I., and Seekings, J.A. 1996. Characterisation of Galahad-6, Galahad-7 and Galahad-8, isogenic lines that contain only one HMW glutenin subunit. **In Proceedings of the 7th International Gluten Workshop’’** (C. W. Wrigley, ed.), pp. 14-17.

257. Lafiandra, D., Masci, S., D’Ovidio, R., and Margiotta, B. 2000. The genetics of wheat gluten proteins: An overview. In ‘‘Wheat Gluten’’ (P. R. Shewry and A.S. Tatham, eds.), pp. 3-10. **Royal Society of Chemistry**, Cambridge. 617 sayfa.

258. Payne, P.I., Jackson, E.A., Holt, L.M., and law C.N., 1984. The genetic linkage between endosperm protein genes on each of the short arms of chromosomes 1A and 1B in wheat. **Theoretical and Applied Genetics 67:** 235-243.

259. Pogna, N.E., Autran, J.C., Mellini, F., Lafiandra, D., and Feillet, P. 1990. Chromosome 1B encoded gliadins and glutenin subunits in durum wheat: Genetics and relationship to gluten strength. **Journal of Cereal Science 11:** 15-34.

260. Gupta, R.B., and Shepherd, K.W. 1993. Production of multiple wheat-rye IRS translocation stocks and genetic analysis of LMW subunits of glutenin and gliadins in wheats using these stocks. **Theoretical and Applied Genetics 85:** 719-728.

261. Ruiz, M., and Carrillo, J.M., 1993. Linkage relationship between prolamins genes on chromosomes 1A and 1B of durum wheat. **Theoretical and Applied Genetics 87:** 353-360.

262. Pogna, N.E., Redaelli, R., Vaccino, P., Peruffo, A.D.B., Curioni, A., Metakovsky, E.V., and Pagliaricci, S., 1995. Production and genetic characterization of near-isogenic lines in the bread wheat cultivar Alpe. **Theoretical and Applied Genetics 90:** 650-658.

263. Felix, I., Martinant, J.P., Bernard, M., Bernard, S., and Branlard, G., 1996. Genetic characterisation of storage proteins in a set of F1-derived haploid lines in bread wheat. **Theoretical and Applied Genetics 92:** 340-346.

264. Gupta, R.B., and Shepherd, K.W., 1988. Low molecular weight glutenin subunits in wheat: Their variation, inheritence and association with breadmaking quality. In "Proceedings of the 7th International Wheat Genetics Symphosium," pp.943-949. **Institute of Plant Science Research, Cambridge**. 1414 sayfa.

265. Masci, S., Rovelli, L., Kasarda, D.D., Vensel,W.H., and Lafiandra, D. 2002. Characterisation and chromosomal localisation of C-type low-molecular-weight glutenin subunits in the bread wheat cultivar Chinese Spring. **Theoretical and Applied Genetics 104:** 422-428.

266. Dachkevitch, T., Redaelli, R., Biancardi, A.M., metakovsky E.V., and Pogna, N.E., 1993. Genetics of gliadins coded by the group 1 chromosomes in the

high quality bread wheat cultivar Neepawa. **Theoretical and Applied Genetics 86:** 389-399.

267. Sobko, T.I., 1984. Identification of a new locus which controls the synthesis of alcohol-soluble endosperm proteins in winter bread wheat. **Journal of Agricultural Science (Kiev) 320:** 78-80.
268. Liu, C.Y., and Shepherd, K.W., 1995. Inheritance of B subunits of glutenin and ω- and γ- gliadins in tetraploit wheats. **Theoretical and Applied Genetics 90:** 1149-1157.
269. Thompson, R.D., Bartels, D., Harberd, N.P., and Flavell, R.B. 1983. Characterization of the multigene family coding for HMW glutenin subunits in wheat using cDNA clones. **Theoretical and Applied Genetics 67:** 87-96.
270. D'Ovidio, R., Masci, S., Porceddu, E., and Kasarda, D.D. 1997. Duplication of the Bx7 high molecular- weight glutenin subunit gene in bread wheat (Triticum aestivum L.) cultivar 'Red River 68'. **Plant Breeding 116:** 525-531.
271. Margiotta, B., Colaprico, G., D'Ovidio, R., and Lafiandra, D. 1993. Characterization of high Mr subunits of glutenin by combined chromatographic (RP-HPLC) and electrophoretic separations and restriction fragment length polymorphism (RFLP) analyses of their encoding genes. **Journal of Cereal Science 17:** 221–236.
272. D'Ovidio, R., Lafiandra, D., and Porceddu, E. 1996. Identification and molecular characterization of a large insertion within the repetitive domain of a high-molecular-weight glutenin subunit gene from hexaploid wheat. **Theoretical and Applied Genetics 93:** 1048–1053.
273. Reddy, P., and Appels, R. 1993. Analysis of a genomic DNA segment carrying the wheat high molecular- weight (HMW) glutenin Bx17 subunit and its use as an RFLP marker. **Theoretical and Applied Genetics 85:** 616–624.
274. Harberd, N.P., Bartels, D., and Thompson, R.D. 1985. Analysis of the gliadin multigene loci in bread wheat using nullisomic-tetrasomic lines. **Molecular Genetics and Genomics 198:** 234–242.
275. Anderson, O.D., and Greene, F.C. 1997. The α-gliadin gene family. II. DNA and protein sequence variation, subfamily structure, and origins of pseudogenes. **Theoretical and Applied Genetics 95:** 59–65.

276. D'Ovidio, R., Simeone, M., Masci, S., Porceddu, E., and Kasarda, D.D. 1995. Nucleotide sequence of a γ-type glutenin gene from durum wheat: Correlation with a γ-type glutenin subunit from the same biotype. **Cereal Chemistry 72:** 443–449.

277. Vaccino, P., and Metakovsky, E.V. 1995. RFLP patterns of gliadin alleles in Triticum aestivum L.: Implications for analysis of the organization and evolution of complex loci. **Theoretical and Applied Genetics 90:** 173–181.

278. D'Ovidio, R., Tanzarella, O.A., and Porceddu, E. 1992. Isolation of an α-type gliadin gene from Triticum durum Desf. and genetic polymorphism at the Gli-2 loci**. Journal of Genetics and Breeding 46:** 41–48.

279. Sabelli, P., and Shewry, P.R. 1991. Characterization and organisation of gene families at the Gli-1 loci of bread and durum wheats by restriction fragment analysis. **Theoretical and Applied Genetics 83:** 209–216.

280. Rafalski, J.A. 1986. Structure of wheat γ-gliadin genes. **Gene 43:** 221–229.

281. Sabelli, P., Lafiandra, D., and Shewry, P.R. 1992. Restriction fragment analysis of null forms at the Gli-1 loci of bread and durum wheat. **Theoretical and Applied Genetics 83:** 428–434.

282. Forde, J., Forde, B.G., Fry, R.P., Kreis, M., Shewry, P.R., and Miflin, B.J. 1983. Identification of barley and wheat cDNA clones related to the high-Mr polypeptides of wheat gluten. **Federation of European Biochemical Societies Letter 162:** 360–366.

283. Sugiyama, T., Rafalski, A., Peterson, D., and Soll, D. 1985. A wheat HMW glutenin subunit gene reveals a highly repeated structure. **Nucleic Acids Research 13:** 8729–8737.

284. Thompson, R.D., Bartels, D., and Harberd, N.P. 1985. Nucleotide sequence of a gene from chromosome 1D of wheat encoding a HMW-glutenin subunit. **Nucleic Acids Research 13:** 6833–6846.

285. Anderson, O.D., Greene, F.C., Yip, R.E., Halford, N.G., Shewry, P.R., and Malpica-Romero, J.M. 1989. Nucleotide sequences of the two high molecular weight glutenin genes from the D-genome of a hexaploid bread wheat, T. aestivum L. cv. Cheyenne. **Nucleic Acids Research 17:** 461–462.

286. Xin, H., Jiang, Y., Huang, W., Gu, Q., and Sun, C. 1992. Nucleotide sequence of a high molecular weight glutenin gene in wheat. **Acta Botanica Sinica 34:** 729–735.

287. Wan, Y., Wang, D., Shewry, P.R., and Halford, N.G. 2002. Isolation and characterization of five novel high molecular weight subunit of glutenin genes from Triticum timopheevi and Aegilops cylindrica. **Theoretical and Applied Genetics 104:** 828–839.

288. Mackie, A.M., Lagudah, E.S., Sharp, P.J., and Lafiandra, D. 1996. Molecular and biochemical characterisation of HMW glutenin subunits from T. tauschii and the D genome of hexaploid wheat. **Journal of Cereal Science 23:** 213–225.

289. Johansson, E., Henriksson, P., Svensson, G., and Heneen, W.K. 1993. Detection, chromosomal location and evaluation of the functional value of a novel high Mr glutenin subunit found in Swedish wheats. **Journal of Cereal Science 17:**237-245.

290. Margiotta, B., Urbano, M., Colaprico, G., Johansson, E., Buonocore, F., D'Ovidio, R., and Lafiandra, D. 1996. Detection of y-type subunit at the Glu-A1 locus in some Swedish bread wheat lines. **Journal of Cereal Science 23:**203-211.

291. Ciaffi, M., Lafiandra, D., Turchetta, T., Ravaglia, S., Bariana, H., Gupta, R., and MacRitchie, F. 1995. Breadmaking potential of durum wheat lines expressing both x- and y-type subunits at the Glu-A1 locus. **Cereal Chemistry 72:**465-469.

292. Rogers, W.J., Miller, T.E., Payne, P.I., Seekings, J.A., Holt, L.M., and Law, C.N. 1997. Introduction to bread wheat (Triticum aestivum L.) and assessment for bread-making quality of alleles from T. boeticum Boiss. ssp. thaoudar at Glu-A1 encoding two high-molecular-weight subunits of glutenin. **Euphytica 93:**19-29.

293. Lafiandra, D., Masci, S., Margiotta, B., and De Ambrogio, E. 1998. Development of durum and bread wheat with increased number of high molecular weight glutenin subunits. Pages 261-264 in: Proc. 9th International Wheat Genetics Symposium, Vol. 4. Grain Quality. A. E. Slinkard, ed. **University of Saskatchewan: Saskatoon, Canada**. 1245 sayfa.

294. Sozinov, A.A., and Poperelya, F.A. 1982. Polymorphism of prolamines and variability of grain quality. **Qualitas Plantarum Plant Foods Human Nutrition 31:** 243–249.

295. Pogna, N.E., Boggini, G., Corbellini, M., Cattaneo, M., and Dal Belin Peruffo, A. 1982. Association between gliadin electrophoretic bands and quality in common wheat. **Canadian Journal of Plant Science 4:** 913–918.

296. Wrigley, C.W., Robinson, P.J., and Williams, W.T. 1982. Association between individual gliadin proteins and quality, agronomic and morphological attributes of wheat cultivars. **Australian Journal of Agricultural Research 33:** 409–418.

297. Branlard, G., and Darvedet, M. 1985. Diversity of grain proteins and bread wheat quality. I. Correlations between gliadin bands and flour quality characteristics. **Journal of Cereal Science 3:** 329–343.

298. Metakovsky, E.V., Annichiarico, P., Boggini, G., and Pogna, N.E. 1997. Relationships between gliadin alleles and dough strength in Italian common wheats. **Journal of Cereal Science 25**: 229–236.

299. Metakovsky, E.V., Felix, I., and Branlard, G. 1997. Association between dough quality (W value) and certain gliadin alleles in French common wheat cultivars. **Journal of Cereal Science 26:** 371–373.

300. Moonen, J.H.E., Scheepstra, A., and Graveland, A. 1982. Use of SDS-sedimentation test and SDS-polyacrylamide gel electrophoresis for screening breeders' samples of wheat for breadmaking quality. **Euphytica 31:** 677–690.

301. Payne, P.I., Seekings, J.A., Worland, A.J., Jarvis, M.G., and Holt, L.M. 1987. Allelic variation of glutenin subunits and gliadins and its effects on breadmaking quality in wheat: Analysis of F5 progeny from ''Chinese Spring'' x ''Chinese Spring (Hope 1A). **Journal of Cereal Science 6:** 103–118.

302. Pogna, N.E., Lafiandra, D., Feillet, P., and Autran, J.C. 1988. Evidence for direct causal effect of low molecular weight subunits of glutenins on gluten viscoelasticity in durum wheats. **Journal of Cereal Science 7:** 211–214.

303. Branlard, G., Darvedet, M., Saccomano, R., Lagoutte, F., and Gourdon, J. 2001. Genetic diversity of wheat storage proteins and bread wheat quality. **Euphytica 119:** 59–67.

304. MacRitchie, F., duCros, D.L., and Wrigley, C.W. 1990. Flour polypeptides related to wheat quality. **Advances in cereal science and technology 10:** 79–145.

305. Popineau, Y., Cornec, M., Lefebre, J., and Marchylo, B. 1994. Influence of high Mr glutenin subunits on glutenin polymers and rheological properties of gluten and gluten sufractions of near isogenic lines of wheat Sicco. **Journal of Cereal Science 19:** 231–242.

306. Gupta, R.B., and MacRitchie, F. 1994. Allelic variation at glutenin subunit and gliadin loci, Glu-1, Glu-3 and Gli-1 of common wheats. II. Biochemical basis of the allelic effects on dough properties **Journal of Cereal Science 19:** 19–29.

307. Lafiandra, D., D'Ovidio, R., Porceddu, E., Margiotta, B., and Colaprico, G. 1993. New data supporting high Mr glutenin subunit 5 as the determinant of quality differences among the pairs 5+10 vs. 2+12. **Journal of Cereal Science 18:** 197–205.

308. Lafiandra, D., Masci, S., Blumenthal, C., and Wrigley, C.W. 1999. The formation of glutenin polymer in practice. **Cereal Foods World 44:** 572–578.

309. Kammholz, S.J., Grams, R.A., Banks, P.M., and Sutherland, M.W. 1998. Segregation of glutenins in wheat X maize-derived doubled haploid wheat populations. **Australian Journal of Agricultural Research 49:** 1253–1259.

310. Killermann, B., and Zimmermann, G. 2000. Relationship betwen allelic variation of Glu-1, Glu-3 and Gli-1 prolamin loci and baking quality in doubled haploid wheat populations. In ''Wheat Gluten'' (P. R. Shewry and A. S. Tatham, eds.), pp. 66–70. **Royal Society of Chemistry, Cambridge**. 521 sayfa.

311. Lukow, O.M. 2000. Genetic analysis of dough strength using doubled haploid lines. In ''Wheat Gluten'' (P. R. Shewry and A. S. Tatham, eds.), pp. 61–65. **Royal Society of Chemistry, Cambridge**. 521 sayfa.

312. Cornish, G.B., Bekes, F., Allen, H.M., and Martin, J.M. 2001. Flour proteins linked to quality traits in an Australian doubled haploid wheat population. **Australian Journal of Agricultural Research 52:** 1339–1348.

313. Gupta, R.B., and MacRitchie, F. 1991. A rapid one-step one-dimensional SDS-PAGE procedure for analysis of subunit composition of glutenin in wheat. **Journal of Cereal Science 14:** 105–109.

314. Gupta, R.B., Bekes, F., and Wrigley, C.W. 1991. Prediction of physical dough properties from glutenin subunit composition in bread wheats: Correlation study. **Cereal Chemistry 68:** 328–333.

315. Gupta, R.B., and Shepherd, K.W. 1990. Two-step one-dimensional SDS-PAGE analysis of LMW subunits of glutenin. I. Variation and genetic control of the subunits in hexaploid wheats. **Theoretical and Applied Genetics 80:** 65–74.

316. Jackson, E.A., Morel, M.H., Sontag-Strohm, T., Branlard, G., Metakovsky, E.V., and Redaelli, R. 1996. Proposal for combining the classification systems of alleles of Gli-1 and Glu-3 loci in bread wheat (T. aestivum L.). **Journal of Genetics and Breeding 50:** 321–336.

317. Luo, C., Griffin, W.B., Branlard, G., and McNeil, D.L. 2001. Comparison of low- and high molecular weight glutenin allele effects on flour quality. **Theoretical and Applied Genetics 102:** 1088–1098.

318. Lew, E.J.L., Kuzmicky, D.D., and Kasarda, D.D. 1992. Characterization of low molecular weight glutenin subunits by reversed-phase high performance liquid chromatography, sodium dodecyl sulfate polyacrylamide gel electrophoresis and N-terminal amino acid sequencing. **Cereal Chemistry 69:** 508–515.

319. Kasarda, D.D. 1989. Glutenin structure in relation to wheat quality. In ‘‘Wheat Is Unique’’ (Y. Pomeranz, ed.), pp. 277–302. **American Association of Cereal Chemists**, St. Paul, MN. 521 sayfa.

320. Lorenzo, A., Kronstad, W.E., and Vieira, L.G.E. 1987. Relationships between high molecular weight glutenin subunits and loaf volume in wheat as measured by sodium dodecyl sulphate sedimentation test. **Crop Science 27:** 253–257.

321. Rousset, M., Carrillo, J.M., Qualset, C.O., and Kasarda, D.D. 1992. Use of recombinant inbred lines of wheat for study of associations of high-molecular-weight glutenin subunit alleles to quantitative traits. 2. Milling and bread-baking quality. **Theoretical and Applied Genetics 83:** 403–412.

322. Rodri´guez-Quijano, M., and Carrillo, J.M. 1996. Relationship between allelic variation of Glu-1 and Gli-1/Glu-3 prolamin loci and gluten strength in hexaploid wheat. **Euphytica 91:** 141–148.

323. Doyle, J.J. and Doyle J.L. 1990. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus, vol. 12 (1),** 13-15.

324. McCarthy P.L., Hansen J.L., Zemetra R.S., and Berger P.H., 2002. Rapid Identification of Transformed Wheat Using a Half-Seed PCR Assay. **BioTechniques 32:**560-564.

325. Dong, K., Hao, C.Y., Wang, A.L., Cai, M.H., and Yan, Y.M., 2009. Characterization of HMW Glutenin subunits in bread and tetraploid wheats by reversed-phase high performance liquid chromatography. **Cereal Research Communications 37(1):** 65-73.

326. Gao, X., Appelbee, M.J., Mekuria, G.T., Chalmers, K.J., and Mather, D.E., 2012. A second overexpression allele at the Glu-B1 high-molecular-weight glutenin locus of wheat: sequence characterisation and functional effects. **Theoretical and Applied Genetics 124:** 333-343.

327. Li, F., Jiang, X., Wei, Y., Xia, G., and Liu, S., 2012. Characterization of a novel type of HMW subunit of glutenin from Australopyrum retrofractum. **Gene 492:** 65-70.

328. Lukow, O.M., Payne, P.I., Tkachuk, R., 1989. The HMW glutenin subunit composition of Canadian wheat cultivars and their association with breadmaking quality. **Journal of the Science of Food and Agriculture, 46:** 451–460.

329. Nei, M., 1987. Molecular evolutionary genetics. **Columbia Univ. Press.,** pp. 176-187. New York. 512 sayfa.

330. Kimura, M., and Crow, J.F., 1964. The number of alleles that can be maintained in a finite population. **Genetics 49:**725-38.

331. Lewontin, R.C., 1972. Testing the theory of natural selection. **Nature, 236:** 181-182.

332. Manly, B.F.J., 1985. The statistics of natural selection, pp. 186–195 in Spurious Test Results Due to Isolation By Distance. **Chapman & Hall, London.**

333. Manly, B.F.J., 1985. The statistics of natural selection, pp. 272–282 in Spurious Test Results Due to Isolation By Distance. **Chapman & Hall, London.**

334. Ewens, W.J., 1972. The sampling theory of selectively neutral alleles. **Theoretical Population Biology 3:** 87-112.

335. Nei, M., 1987. Molecular evolutionary genetics. **Columbia Univ. Press.,** pp. 187-192. New York. 512 sayfa.

336. Nei, M., 1972. Genetic distances between populations. **The American Naturalist 106:** 283-292.

337. Nei M., 1978 Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. **Genetics 89:** 583–590.

338. Weir, B., 1979. Inferences about linkage disequilibrium. **Biometrics 35:** 235–254.

339. Ohta, T., 1982. Linkage Disequilibrium With The Island Model. **Genetics 101:** 139-155.

340. Kimura, A., 1956. A model of a genetic system which leads to closer linkage by natural selection. **Evolution 10:** 278-287.

341. Kimura., A., 1956. Rules for testing stability of a selective polymorphism. **Proceedings of the National Academy of Sciences U.S.A. 42:** 336-341.

342. Brown, A.H., Feldman, M.W., and Nevo, E., 1980. Multilocus structure of natural populations of Hordeum spontaneum. **Genetics 96:** 523-536.

343. Juhasz, A., Tamas, L., Karsai, L., Vida, G., Lang, L., and Bedo Z., 2001. Identification, cloning and characterisation of a HMW-glutenin gene from an old Hungarian wheat variety, Bank´uti 1201. **Ephytica 119:** 75-79.

344. Moczulski, M., and Salmanowicz B.P., 2003. Multiplex PCR identification of wheat HMW glutenin subunit genes by allele-specific markers. **Journal of Applied Genetics 44(4):** 459-471.

345. Salmanowicz, B.P., and Dylewicz, M., 2007. Identification and characterization of high-molecular-weight glutenin genes in Polish triticale cultivars by PCR-based DNA markers**. Journal of Applied Genetics 48(4):** 347-357.

346. De Bustos, A., and Jouve, N., 2003. Characterisation and analysis of new HMW-glutenin alleles encoded by the Glu-R1 locus of Secale cereale. **Theoretical and Applied Genetics 107:** 74-83.

347. Mishra, A., Bansal, S., Tomar, A., Khanna, V.K., and Gang, G.K., 2009. PCR based isolation and cloning of HMW glutenin gene(s) from wheat (T. aestivum var. PBW343) and its fusion with kafirin gene promoter of sorghum. **Acta Biologica Szegendiensis, 53(1):** 9-15.

348. Jiang, Q.T., Wei, Y.M., Wang, J.R., Yan, Z.H., and Zheng, Y.L., 2006. Isolation and Sequence Analysis of HMW Glutenin Subunit 7Dy70.7 Ecoding Gene from Xinjiang Wheat (Triticum petropavlovskyi Udacz. et Migusch). **Agricultural Sciences in China, 5(2):** 81-89.

349. Marshall, D.R., and Brown, A.H.D. 1975. Optimum sampling strategies in genetic conservation. In: O.H. Franked and J. G. Hawkes (Eds.). Crop Genetic Resources for Today and Tomorrow. pp. 53-80. **Cambridge University Press,** Cambridge, London. 620 sayfa.

350. Nei, M., 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations. **Proceedings of the National Academy of Sciences U.S.A. 70:**3321–3323.

351. Slatkin, M., 1982. Testing neutrality in a subdivided population. **Genetics 100:** 533-545.

352. Hartl, D., and Clark, A.G., 1989. Principles of Population Genetics, Second Edition. Sunderland, Mass.: **Sinauer Associates**. 682 sayfa.

353. McDermott, J.M., and McDonald, B.A., 1993. Gene flow in plant pathosystems. **Annual Reviews Phytopathology, 31:**353-373.

354. Passarge, E. 2000. Renkli genetik atlası. Çevirenler: Lüleci G, Sakızlı M, Alper Ö. İstanbul: **Nobel Tıp Kitapevleri**. 411 sayfa.

355. Kappes, S.M., 1999. Utilization of gene mapping information in livestock animals. **Theriogenology, 51:** 135-47.

356. Liu, B.H., 1998. Statistical genomics. New York: **CRC Press Boca Raton**. 611 sayfa.

357. Brown, A.H.D., and Feldman, M.W., 1981. Population structure of multilocus associations. **Proceedings of the National Academy of Sciences 78**: 5913-5916.

358. Nakamura, H., Inazu, A., Hirano, H. 1999. Allelic variation in high-molecular-weight glutenin subunit Loci of Glu-1 in Japanese common wheats. **Euphytica 106:** 131-138.

359. Ng, P.K.W., and Bushuk, W., 1989. Statistical relationships between high-molecular-weight subunits of glutenin and breadmaking quality of Canadian-grown wheats. **Cereal Chemistry 65:** 408–413.

360. Graybosch, R.A., Peterson, C.J., Hansen, L.E., and Mattern, P.J., 1990. Relationships between protein solubility characteristics, 1BL/1RS, high

molecular weight glutenin composition, and end-use quality in winter germplasm. **Cereal Chemistry 67:** 342–349.

361. Khan, K., Tamminga, G., and Lukow, O., 1989. The effect of wheat flour proteins on mixing and baking-correlations with protein fractions and high molecular weight subunit composition by gel electrophoresis. **Cereal Chemistry 66:** 391–396.
362. Lawrence, G.J., 1986. The high-molecular-weight glutenin subunit composition of Australian wheat cultivars. **Australian Journal of Agricultural Research 37:**125–133.
363. Caballero, L., Martin, M.A., and Alvarez, J.B. 2009. Genetic diversity for seed storage proteins in Lebanon and Turkey populations of wild diploid wheat (Triticum Urartu Thum. Ex Gandil.). **Genetic Resource Crop Evolution 56:** 1117-1124.
364. Nevo, E., and Beiles, A., 1989. Genetic diversity of wild emmer wheat in Israel and Turkey. Structure, evolution, and application in breeding. **Theoretical and Applied Genetics 77:**421-455.
365. van Hintum, Th.J.L., and Elings, A., 1991. Assessment of glutenin and phenotypic diversity of Syrian durum wheat landraces in relation to their geographical origin. **Euphytica 55:** 209-215.
366. Shannon, C.E., and Weaver, W., 1949. The mathematical theory of communication, pp. 3-24. **The University of Illinois, Urbana, Chicago**, London. 342 sayfa.
367. Gregorius, H.R., 1987. The relationship between the concepts of genetic diversity and differentiation. **Theoretical and Applied Genetics 74:** 397-401.
368. Morgunov, A.I., Pena, R.J., Crossa, J., and Rajaram, S., 1993. Worldwide distribution of the Glu-1 alleles in bread wheat. **Journal of Genetic and Breeding 47:** 53–60.
369. Payne, P.I., Holt, L.M., Krattiger, A.F., and Carrillo, J.M., 1988. Relationship between seed quality and HMW glutenin subunit composition determined using wheat grown in Spain. **Journal of Cereal Science 7:** 229–235.
370. Pogna, N.E., Mellini, F., Beretta, A., and Peruffo, A.D.B., 1989. The high-molecular-weight glutenin subunits of common wheat cultivars grown in Italy. **Journal of Genetic and Breeding 43:** 17–24.

371. Payne, P.I., 1987. The genetical basis of breadmaking quality in wheat. **Aspects Applied Biology 15:** 79–90.

372. Cooke, R.J., 1995. Allelic variability at the Glu-1 loci in wheat varieties. **Plant Varieties and Seeds 8:** 97–106.

373. Tahir, M., Turchetta, T., Anwar, R., Lafiandra, D., 1996. Assessment of genetic variability in hexaploid wheat landraces of Pakistan based on polymorphism for HMW glutenin subunits. **Genetic Resource Crop Evolution 43:**211-220.

374. Liu, Y., Xiong, Z.Y., He, Y.G., Shewry, P.,R, He, G.Y., 2007. Genetic diversity of HMW-GS in Chinese common wheat (Triticum aestivum L.) landraces from Hubei province. **Genetic Resource Crop Evolution 54:**865-874.

375. Zhang, X.Y., Pang, B.S., You, G.X., Wang, L.F., Jia, J.Z., and Dong, Y.C., 2002. Allelic variation and genetic diversity at Glu-1 loci in Chinese wheat (Triticum aestivum L.) germplasms. **Agricultural Sciences in China 1:**1074–1082.

376. Wei, Y.M., Zheng, Y.L., Zhou, Y.H., Liu, D.C., Lan, X.J., Yan, Z.H., et al 2001. Genetic diversity of Gli-1, Gli-2 and Glu-1 alleles among Chinese endemic wheats. **Acta Botanica Sinica 43:**834–839.

377. Wang, H.Y., Wang, X.E., Chen, P.D., and Liu, D.J., 2005. Allelic variation and genetic diversity at HMW glutenin subunits loci in Yunnan, Tibetan and Xinjiang wheat. **Agricultural Sciences in China 38:**228-233.

378. He, Z.H., Pen'a, R.J., and Rajaram, S., 1992. High molecular weight glutenin subunit composition of Chinese bread wheats. Euphytica 64:11-20.

379. Turchetta, T., Ciaffi, M., Porceddu, E., and Lafiandra, D., 1995. Relationship between electrophoretic pattern of storage proteins and gluten strength in durum wheat landraces from Turkey. **Plant Breeding 114:**406-412.

380. Branlard, G., and le Blanc, A., 1985. Les sous unites glutenines de haut poids moleculaire des bles tendres et des bles durs cultives en France. **Agronomie 5:** 467-477.

381. Porceddu, E., Ceoloni, C., Lafiandra, D., Tanzarella, O.A., and Mugnozza, G.T.S., 1988. Genetic resources and plant breeding: problems and prospects. Proc. 7th Int. **Wheat Genetics Symposium**, 13-19 July, 1988, Cambridge, UK, 7-22.

382. Autran, J.C, and Feillet, P., 1985. Genetic and technological basis of protein quality for durum wheat in pasta. Proc. Protein Evaluation in Cereals and

Legumes, Thessaloniki 23-24 October, 1985, **Commission of the European Communities, Report EUR 10404 EN**, 59-71.

383. Margiotta, B., Colaprico, G., and Lafiandra, D., 1987. Variation for protein components associated with quality in durum wheat lines and varieties. Proc. 3rd Int. **Workshop Gluten Proteins** 6-9 May, 1987, Budapest, 314-330.
384. Carrillo, J.M., Vazquez, J.F., and Orellana, J., 1990. Relationship between gluten strength and glutenin proteins in durum wheat cultivars. **Plant Breeding 104:** 325-333.
385. Liu, C.Y., and Shepherd, K.W., 1991. Variation of LMW glutenin subunits in durum wheat cultivars associated with quality. **Proc. Conf. Cereals** Int. 9-13 Sept. 1991, Brisbane, Australia, 263-266.
386. Tsenov, N., Atanasova, D., Todorov, I., Ivanova, I., and Stoeva, I., 2009. Allelic diversity in Bulgarian winter wheat varieties based on polymorphism of glutenin subunit composition. **Cereal Research Communications 37(4):** 551-558.
387. Sultana, T., Ghafoor, A., and Ashraf, M. 2007. Genetic variability in bread wheat (Triticum aestivum L.) of Pakistan based on polymorphism for high molecular weight glutenin subunits. **Genetic Resources and Crop Evolution 54:**1159–1165.
388. Todorov, I., Ivanov, P., and Ivanova, I. 2006. Genetic diversity of high molecular weight glutenin allels in varieties and lines with different origin, **Field Crops Studies 3:**487–499. (In Bulgarian)
389. Atanasova, D., Tsenov, N., Todorov, I., and Ivanova, I. 2009. Glutenin composition of winter wheat varieties bred in Dobrudzha agricultural institute. **Bulgarian Journal of Agricultural Science 15:** 9–19.
390. Deng, Z.Y., Tian, J.C., Sun, G.X. 2005. Influence of high molecular weight glutenin subunit substitution on rheological behavior and bread-baking quality of near-isogenic lines developed from Chinese wheats. **Plant Breeding 124:**428–431.
391. Terasawa, Y., Takara, K., Hirano, H., Kato, K., Kawahara, T., Saskuma, T., and Sasanuma, T., 2010. Genetic variation of high-molecular-weight glutenin subunit composition in Asian wheat. **Genetic Resources and Crop Evolution 58:** 283-289.

392. Lagudah, E.S., Flood, R.G., and Halloran, G.M., 1987. Variation in high molecular weight glutenin subunits in landraces of hexaploid wheat from Afghanistan. **Euphytica 36:**3-9.

393. Gregova, E., Hermuth, J., Kraic, J., and Dotlacil, L., 1999. Protein heterogeneity in European wheat landraces and obsolete cultivars. Additional information. **Genetic Resources and Crop Evolution 46:**521-528.

394. Gregova, E., Hermuth, J., Kraic, J., and Dotlacil, L., 2006. Protein heterogeneity in European wheat landraces and obsolete cultivars. Additional information II. **Genetic Resources and Crop Evolution 53:**867-871.

395. Terasawa, Y., Kawahara, T., Sasakuma, T., Sasanuma, T. 2009. Evaluation of the genetic diversity of an Afghan wheat collection based on morphological variation, HMW glutenin subunit polymorphisms, and AFLP. **Breeding Science 59:**361–371.

396. Nakamura, H., 2000. Allelic variation at high-molecular-weight glutenin subunit loci, GluA1, GluB1 and GluD1, in Japanese and Chinese hexaploid wheats. **Euphytica 112:**187–193.

397. Cong, H., Takata, K., Zong, Y.F., Ikeda, T.M., Yanaka, M., Nagamine, T., and Fujimaki, H., 2005. Novel high-molecular-weight glutenin subunits at the Glu-D1 locus in wheat landraces from the Xinjiang District of China and relationship with winter habit. **Breeding Science 55:**459–463.

398. Lee, C.W., Ito, S., Watanabe, M., and Hoshino, T., 1995. Composition of high molecular weight–glutenin subunit in wheat cultivers. **Journal of the National Agricultural Experiment Station 17:**33–40.

399. Wrigley, C.W., Bekes, F., Cavanagh, C.R., and Bushuk, W., (online) The gluten composition of wheat varieties and genotypes. **http://www.aaccnet.org/GRAINBIN/gluten_gliadin.asp**

400. Juha´sz, A., Larroque, O.R., Tama´s, L., Hsam, S., Zeller, F.J., Be´ke´s, F., and Bedo, Z., 2003. Ba´niku´ti 1201—an old Hungarian wheat variety with special storage protein composition. **Theoretical and Applied Genetics 107:**697–704.

401. Mondal, S., Tilley, M., Alviola, J.N., Waniska, R.D., Bean, S.R., Glover, K.D., and Hays, D.B., 2008. Use of near-isogenic wheat lines to determine the

glutenin composition and functionality requirements for flour tortillas. **Journal of Agricultural Food Chemistry 56:**179–184.

402. Dvorak, J., Luo, M.C., Yang, Z.L., and Zhang, H.B., 1998. The structure of the Aegilops tauschii genepool and the evolution of hexaploid wheat. **Theoretical and Applied Genetics 97:**657–670.
403. Xu, L.L., Li, W., Wei, Y.M., and Zheng, Y.L., 2009. Genetic diversity of HMW glutenin subunits in diploid, tetraploit and hexaploid Triticum species. **Genetic Resource Crop Evolution 56:** 377-391.

EK 1

Trizma (1 M) (200 ml)

30 gr Tris 200 ml distile su içerisinde çözülür, pH 8.8'e ayarlandıktan sonra hacim 250 ml'ye tamamlanır. Kullanmadan önce otoklavlanır.

EDTA (0.5 M) (200 ml)

37.2 gr Na2.EDTA 150 ml distile su içerisinde çözülür, pH 8.0'e ayarlandıktan sonra hacim 200 ml'ye tamamlanır. Kullanımdan önce otoklavlanır.

NOT: EDTA, pH 8.0'e ayarlanmadıkça zor erir. 37.2 gr EDTA üzerine 4 gr NaOH eklenir, daha sonra pH ayarlanır ve hacim 200 ml'ye tamamlanır.

Ekstraksiyon Çözeltisi (1000 ml) (Taze dokudan izolasyon için)

20 gr CTAB (%2 W/V)

100 ml 1 M Tris pH 8.0 (100 mM)

81.6 gr NaCl (1.4 M)

40 ml 0.5 M EDTA, pH 8.0 (20 mM Na2.EDTA)

Distile su ile 1 litreye tamamlanır. Kullanımdan hemen önce %0.2 β-merkapto etanol eklenir.

Ekstraksiyon Çözeltisi (1000 ml) (Kuru dokudan izolasyon için)

7M üre, %2 SDS, 5 mM EDTA
420.7 gr üre, 20 gr SDS tartılır ve 700 ml distile su içerisinde çözülür. Üzerine 0.5 M EDTA'dan 10 ml eklenir ve hacim 1000 ml'ye tamamlanır.

10 M Amonyum Asetat (100 ml)

72 gr amonyum asetat 70 ml steril distile su içerisinde çözülür. Hacim su ile 100 ml'ye tamamlanır. 0.22 µm'lik filtreden geçirilerek steril edilir. Otoklav yapılmaz.

Fenol:Kloroform:İzoamil Alkol (25:24:1)

250 ml fenol, 240 ml kloroform ve 10 ml izoamil alkol karıştırılarak hazırlanır. Koyu renkli şişelerde muhafaza edilir.

3 M Sodyum Asetat (250 ml)

61.5 gr sodyum asetat tartılır, 200 ml distile suda çözülür, son hacim 250 ml'ye tamamlanır.

6M Üre (100 ml)

36.06 gr üre tartılır, bir miktar distile suda çözdürülür ve son hacim distile su ile 100 ml'ye tamamlanır.

0.5 M NaCl (1 litre)

29.22 gr NaCl tartılır, bir miktar distile suda çözdürülür ve hacim distile su ile 1 litreye tamamlanır.

%10 SDS (100 ml)

10 gr SDS tartılır, bir miktar distile suda çözdürülür ve hacim distile su ile 100 ml'ye tamamlanır.

Tris-EDTA (TE) (10 mM Tris-HCl, 0.1 mM EDTA, pH 7.4)

1M Tristen 1 ml, 0.5 M EDTA'dan 0.02 ml alınır, üzerine 80 ml distile su eklenir, pH 7.4'e ayarlanır, hacim 100 ml'ye tamamlanır.

%70 Etil Alkol (1000 ml)

Saf alkolden 700 ml alınır üzerine 300 ml distile su eklenir.

%95 Etil Alkol (1000 ml)

Saf alkolden 950 ml alınır üzerine 50 ml distile su eklenir.

%85 izopropanol (100 ml)

85 ml izopropanol distile su ile 100 ml'ye tamamlanır.

%50 izopropanol (100 ml)

50 ml izopropanol distile su ile 100 ml'ye tamamlanır.

%55 izopropanol (100 ml)

55 ml izopropanol alınarak üzeri distile su ile 100 ml'ye tamamlanır.

80 mM Tris-HCl (pH 8.5)

969 mg Tris tartılır, 80 ml distile suda çözdürülür, pH 8.5' konsantre HCl ile ayarlandıktan sonra hacim distile su ile 100 ml'ye tamamlanır.

1M Asetik Asit (100 ml)

94.28 ml distile su alınır üzerine konsantre asetik asittten 5.72 ml ilave edilir.

Yıkama Çözeltisi (%76 Etil Alkol, 10 mM Amonyum Asetat) (100 ml)

72 mg amonyum asetat tartılır, 76 ml saf etil alkol eklenir, son hacim 100 ml'ye distile su ile tamamlanır.

0.25 M Asetik Asit (100 ml)

2.5 ml 1M asetik asitten alınarak üzeri distile su ile 100 ml'ye tamamlanır.

%10 TCA (100 ml)

10 gr TCA tartılarak bir miktar distile suda çözdürülür ve hacim distile su ile 100 ml'ye tamamlanır.

Gluten ekstraksiyon tamponu (%30 gliserol, %10 6M üre, %10 25mM asetik asit, %50 %10 SDS, %0.1 Brom fenol mavisi) (100 ml)

30 ml gliserolden, 10 ml 6M üreden, 10 ml 25 mM asetik asitten, 50 ml de %10 SDS'ten alınır, üzerine 0.1 gr brom fenol mavisi eklenir, boya çözünene kadar karıştırılır.

%80 Aseton (100 ml)

80 ml asetondan alınarak üzeri distile su ile 100 ml'ye tamamlanır.

Gluten ekstraksiyon tamponu (%50 izopropanol, 80 mM Tris-HCl pH 8.0, %1 DTT) (100 ml)

1 gr DTT tartılır, üzerine 8 ml 1M pH 8.0 olan Tris-HCl'den eklanir, üzerine 20 ml distile su eklenerek DTT'nin tamamen çözünmesi sağlanır. Bunun üzerine 50 ml izopropanol eklenir, hacim distile su ile 100 ml'ye tamamlanır.

Gluten ekstraksiyon tamponu (%50 izopropanol, %50 80mM Tris-HCl pH 8.5, 40 mM 4-vinilpridin %95) (100 ml)

50 ml izopropanol üzerine 50 ml 80 mM Tris-HCl pH 8.5 ilave edilir. Bunun üzerine 442 µl 4-vinilpridin, %95 eklenir.

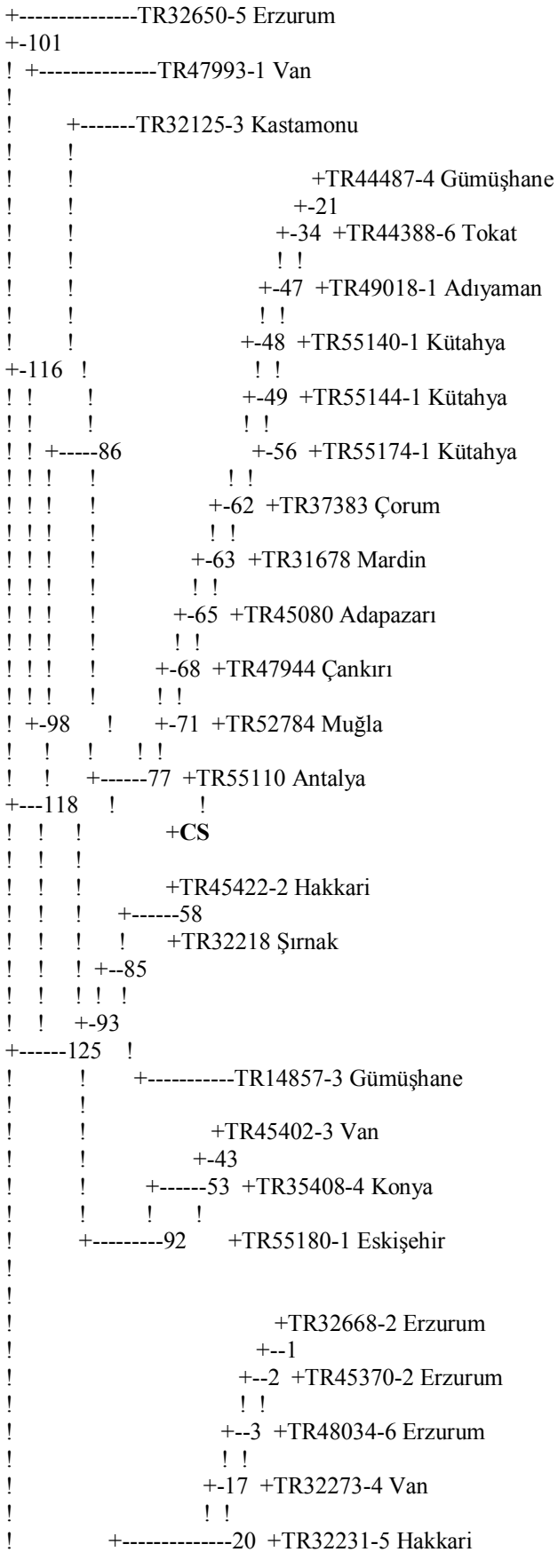
Gluten ekstraksiyon tamponu (%50 izopropanol, %50 80 mM Tris-HCl pH 8.5, 20 mM DTT) (100 ml)

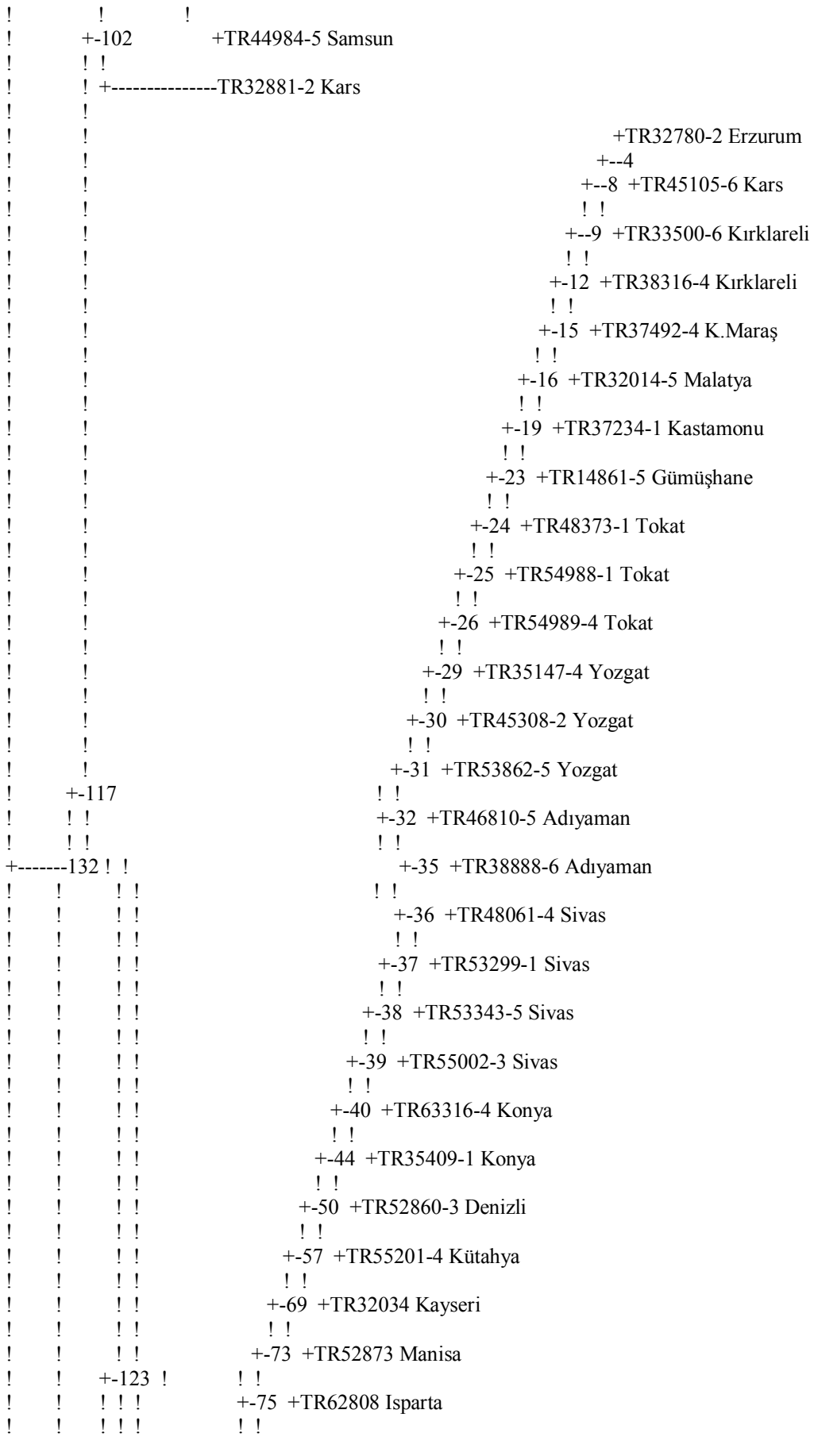
0.3 gr DTT 50 ml 80 mM Tris-HCl içerisinde çözdürüldükten sonra üzerine 50 ml izopropanol eklenir.

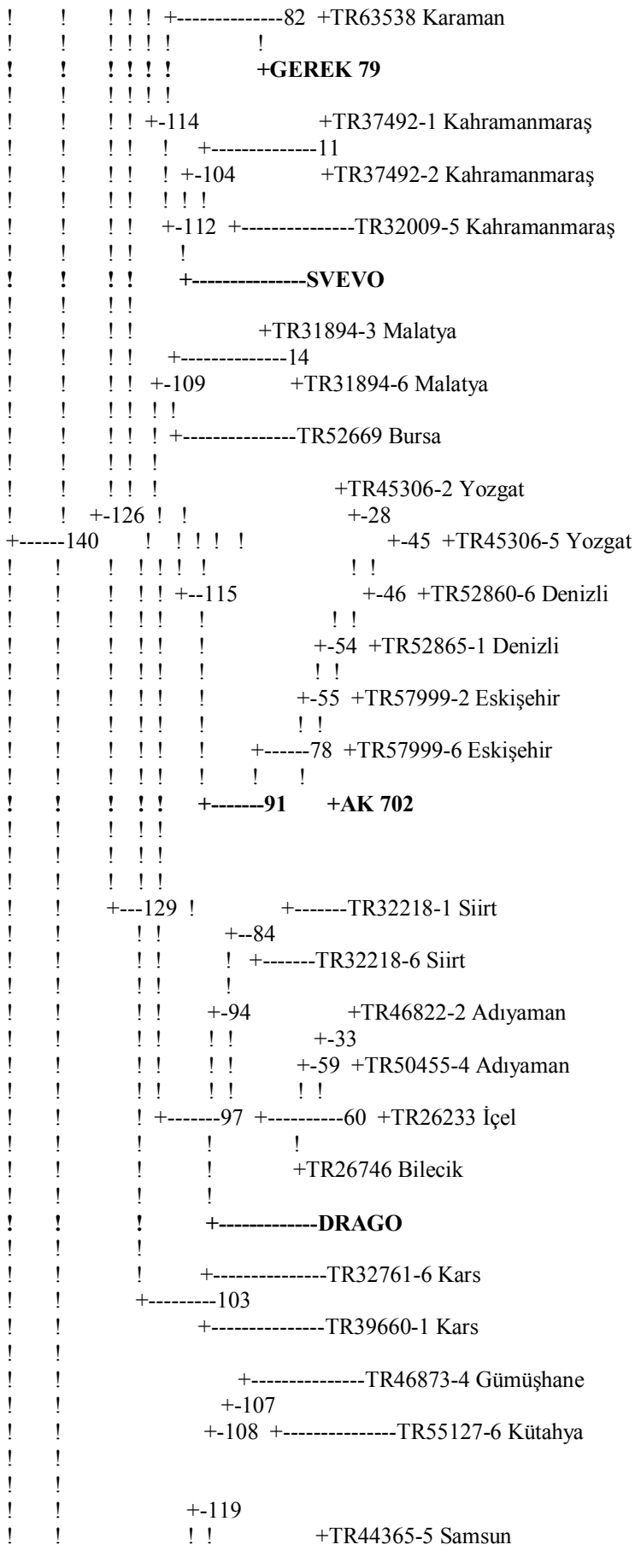
Gluten ekstraksiyon tamponu (%50 izopropanol, 80 mM Tris-HCl pH 8.0, %1.4 4-vinilpridin %95) (100 ml)

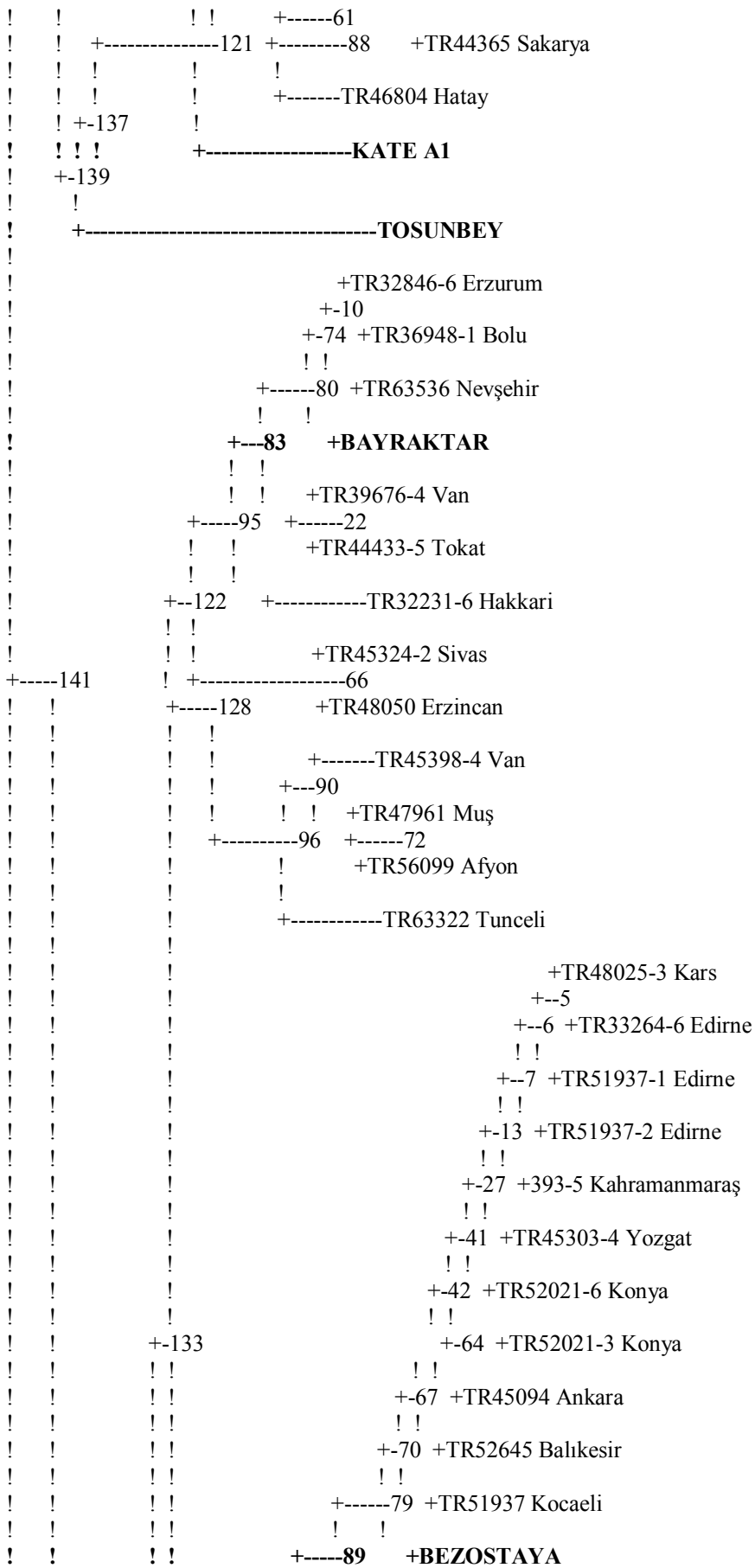
8 ml 1M pH 8.0 olan Tris-HCl'den alınarak üzerine 50 ml izopropanol eklenir. Bunun üzerine 1.47 ml 4-vinilpridin %95 ilave edilerek hacim distile su ile 100 ml'ye tamamlanır.

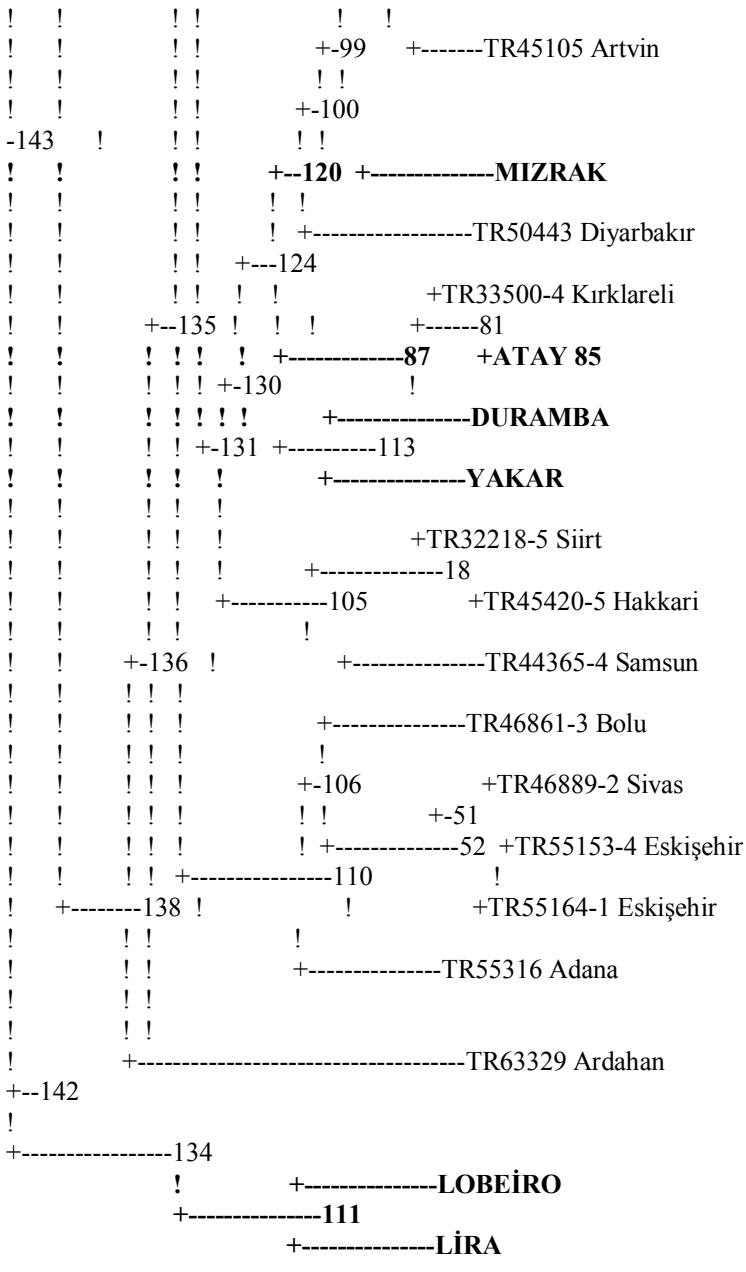
EK 2. Bireysel çeşitler için dendogram




+-102 +TR44984-5 Samsun
+TR32881-2 Kars
+TR32780-2 Erzurum
+TR45105-6 Kars
+TR33500-6 Kırklareli
+TR38316-4 Kırklareli
+TR37492-4 K.Maraş
+TR32014-5 Malatya
+TR37234-1 Kastamonu
+TR14861-5 Gümüşhane
+TR48373-1 Tokat
+TR54988-1 Tokat
+TR54989-4 Tokat
+TR35147-4 Yozgat
+TR45308-2 Yozgat
+TR53862-5 Yozgat
+TR46810-5 Adıyaman
+TR38888-6 Adıyaman
+TR48061-4 Sivas
+TR53299-1 Sivas
+TR53343-5 Sivas
+TR55002-3 Sivas
+TR63316-4 Konya
+TR35409-1 Konya
+TR52860-3 Denizli
+TR55201-4 Kütahya
+TR32034 Kayseri
+TR52873 Manisa
+TR62808 Isparta


+TR63538 Karaman
+GEREK 79
+TR37492-1 Kahramanmaraş
+TR37492-2 Kahramanmaraş
+TR32009-5 Kahramanmaraş
+SVEVO
+TR31894-3 Malatya
+TR31894-6 Malatya
+TR52669 Bursa
+TR45306-2 Yozgat
+TR45306-5 Yozgat
+TR52860-6 Denizli
+TR52865-1 Denizli
+TR57999-2 Eskişehir
+TR57999-6 Eskişehir
+AK 702
+TR32218-1 Siirt
+TR32218-6 Siirt
+TR46822-2 Adıyaman
+TR50455-4 Adıyaman
+TR26233 İçel
+TR26746 Bilecik
+DRAGO
+TR32761-6 Kars
+TR39660-1 Kars
+TR46873-4 Gümüşhane
+TR55127-6 Kütahya
+TR44365-5 Samsun


+------61
+---------88 +TR44365 Sakarya
+-------TR46804 Hatay
KATE A1
TOSUNBEY
+TR32846-6 Erzurum
+-74 +TR36948-1 Bolu
+------80 +TR63536 Nevşehir
+---83 +BAYRAKTAR
+TR39676-4 Van
+-----95 +------22
+TR44433-5 Tokat
+--122 +------------TR32231-6 Hakkari
+TR45324-2 Sivas
+-----141 +------------------66
+-----128 +TR48050 Erzincan
+-------TR45398-4 Van
+---90
+TR47961 Muş
+----------96 +------72
+TR56099 Afyon
+------------TR63322 Tunceli
+TR48025-3 Kars
+--5
+--6 +TR33264-6 Edirne
+--7 +TR51937-1 Edirne
+-13 +TR51937-2 Edirne
+-27 +393-5 Kahramanmaraş
+-41 +TR45303-4 Yozgat
+-42 +TR52021-6 Konya
+-133
+-64 +TR52021-3 Konya
+-67 +TR45094 Ankara
+-70 +TR52645 Balıkesir
+------79 +TR51937 Kocaeli
+-----89 +BEZOSTAYA



Çeşitler		Mesafe
143	141	1.64818
141	140	1.92084
140	132	1.99184
132	125	1.88765
125	118	1.21328
118	116	0.22020
116	101	0.41285
101	TR32650-5 Erzurum	3.70540
101	TR47993-1 Van	3.70540
116	98	0.63635
98	86	1.66352
86	TR32125-3 Kastamonu	1.81838
86	77	1.81838
77	71	0.00000
71	68	0.00000
68	65	0.00000

Çeşitler		Mesafe
65	63	0.00000
63	62	0.00000
62	56	0.00000
56	49	0.00000
49	48	0.00000
48	47	0.00000
47	34	0.00000
34	21	0.00000
21	TR44487-4 Gümüşhane	0.00000
21	TR44388-6 Tokat	0.00000
34	TR49018-1 Adıyaman	0.00000
47	TR55140-1 Kütahya	0.00000
48	TR55144-1 Kütahya	0.00000
49	TR55174-1 Kütahya	0.00000
56	TR37383 Çorum	0.00000
62	TR31678 Mardin	0.00000

Çeşitler		Mesafe
63	TR45080 Adapazarı	0.00000
65	TR47944 Çankırı	0.00000
68	TR52784 Muğla	0.00000
71	TR55110 Antalya	0.00000
77	**CS**	**0.00000**
98	93	0.72001
93	85	0.94351
85	58	1.81838
58	TR45422-2 Hakkari	0.00000
58	TR32218 Şırnak	0.00000
85	76	1.81838
93	TR14857-3 Gümüşhane	2.76189
118	92	2.52007
92	53	1.81838
53	43	0.00000
43	TR45402-3 Van	0.00000
43	TR35408-4 Konya	0.00000
53	TR55180-1 Eskişehir	0.00000
132	129	1.14489
129	126	0.72228
126	123	0.59286
123	117	0.70221
117	102	0.57173
102	20	3.70540
20	17	0.00000
17	3	0.00000
3	2	0.00000
2	1	0.00000
1	TR32668-2 Erzurum	0.00000
1	TR45370-2 Erzurum	0.00000
2	TR48034-6 Erzurum	0.00000
3	TR32273-4 Van	0.00000
17	TR32231-5 Hakkari	0.00000
20	TR44984-5 Samsun	0.00000
102	TR32881-2 Kars	3.70540
117	114	0.57173
114	82	3.70540
82	75	0.00000
75	73	0.00000
73	69	0.00000
69	57	0.00000
57	50	0.00000
50	44	0.00000
44	40	0.00000
40	39	0.00000
39	38	0.00000
38	37	0.00000
37	36	0.00000
36	35	0.00000
35	32	0.00000
32	31	0.00000
31	30	0.00000
30	29	0.00000
29	26	0.00000
26	25	0.00000
25	24	0.00000
24	23	0.00000
23	19	0.00000

Çeşitler		Mesafe
19	16	0.00000
16	15	0.00000
15	12	0.00000
12	9	0.00000
9	8	0.00000
8	4	0.00000
4	TR32780-2 Erzurum	0.00000
4	TR45105-6 Kars	0.00000
8	TR33500-6 Kırklareli	0.00000
9	TR38316-4 Kırklareli	0.00000
12	TR37492-4 K.maraş	0.00000
15	TR32014-5 Malatya	0.00000
16	TR37234-1 Kastamonu	0.00000
19	TR14861-5 Gümüşhane	0.00000
23	TR48373-1 Tokat	0.00000
24	TR54988-1 Tokat	0.00000
25	TR54989-4 Tokat	0.00000
26	TR35147-4 Yozgat	0.00000
29	TR45308-2 Yozgat	0.00000
30	TR53862-5 Yozgat	0.00000
31	TR46810-5 Adıyaman	0.00000
32	TR38888-6 Adıyaman	0.00000
35	TR48061-4 Sivas	0.00000
36	TR53299-1 Sivas	0.00000
37	TR53343-5 Sivas	0.00000
38	TR55002-3 Sivas	0.00000
39	TR63316-4 Konya	0.00000
40	TR35409-1 Konya	0.00000
44	TR52860-3 Denizli	0.00000
50	TR55201-4 Kütahya	0.00000
57	TR32034 Kayseri	0.00000
69	TR52873 Manisa	0.00000
73	TR62808 Isparta	0.00000
75	TR63538 Karaman	0.00000
82	**GEREK 79**	**0.00000**
114	112	0.00000
112	104	0.00000
104	11	3.70540
11	TR37492-1 K.maraş	0.00000
11	TR37492-2 K.maraş	0.00000
104	TR32009-5 K.maraş	3.70540
112	**SVEVO**	**3.70540**
123	115	1.02881
115	109	0.24513
109	14	3.70540
14	TR31894-3 Malatya	0.00000
14	TR31894-6 Malatya	0.00000
109	TR52669 Bursa	3.70540
115	91	2.13215
91	78	1.81838
78	55	0.00000
55	54	0.00000
54	46	0.00000
46	45	0.00000
45	28	0.00000
28	TR45306-2 Yozgat	0.00000
28	TR45306-5 Yozgat	0.00000
45	TR52860-6 Denizli	0.00000

Çeşitler		Mesafe
46	TR52865-1 Denizli	0.00000
54	TR57999-2 Eskişehir	0.00000
55	TR57999-6 Eskişehir	0.00000
78	**AK 702**	**0.00000**
126	97	2.18131
97	94	0.62901
94	84	0.94351
84	TR32218-1 Siirt	1.81838
84	TR32218-6 Siirt	1.81838
94	60	2.76189
60	59	0.00000
59	33	0.00000
33	TR46822-2 Adıyaman	0.00000
33	TR50455-4 Adıyaman	0.00000
59	TR26233 İçel	0.00000
60	TR26746 Bilecik	0.00000
97	**DRAGO**	**3.39090**
129	103	2.58909
103	TR32761-6 Kars	3.70540
103	TR39660-1 Kars	3.70540
140	139	0.37004
139	137	0.42813
137	121	3.93378
121	119	0.34018
119	108	0.65368
108	107	0.00000
107	TR46873-4 Gümüşhane	3.70540
107	TR55127-6 Kütahya	3.70540
119	88	2.54070
88	61	1.81838
61	TR44365-5 Samsun	0.00000
61	TR44365 Sakarya	0.00000
88	TR46804 Hatay	1.81838
121	**KATE A1**	**4.69926**
139	**TOSUNBEY**	**9.06117**
141	138	2.45208
138	136	0.26699
136	135	0.83697
135	133	0.32766
133	128	1.60960
128	122	1.02134
122	95	1.76104
95	83	1.25801
83	80	1.81838
80	74	0.00000
74	10	0.00000
10	TR32846-6 Erzurum	0.00000
10	TR36948-1 Bolu	0.00000
74	TR63536 Nevşehir	0.00000
80	**BAYRAKTAR**	**0.00000**
83	22	1.81838
22	TR39676-4 Van 0.00000	
22	TR44433-5 Tokat	0.00000
95	TR32231-6 Hakkari	3.07639
122	66	4.83743
66	TR45324-2 Sivas	0.00000
66	TR48050 Erzincan	0.00000
128	96	2.78237

Çeşitler		Mesafe
96	90	1.25801
90	TR45398-4 Van	1.81838
90	72	1.81838
72	TR47961 Muş	0.00000
72	TR56099 Afyon	0.00000
96	TR63322 Tunceli	3.07639
133	131	0.62658
131	130	0.37517
42	41	0.00000
41	27	0.00000
27	13	0.00000
13	7	0.00000
7	6	0.00000
6	5	0.00000
5	TR48025-3 Kars	0.00000
5	TR33264-6 Edirne	0.00000
6	TR51937-1 Edirne	0.00000
7	TR51937-2 Edirne	0.00000
13	393-5 Kahramanmaraş	0.00000
27	TR45303-4 Yozgat	0.00000
41	TR52021-6 Konya	0.00000
42	TR52021-3 Konya	0.00000
64	TR45094 Ankara	0.00000
67	TR52645 Balıkesir	0.00000
70	TR51937 Kocaeli	0.00000
79	**BEZOSTAYA**	**0.00000**
89	TR45105 Artvin	1.81838
100	**MIZRAK**	**3.57061**
120	TR50443 Diyarbakır	4.36975
124	87	3.42576
87	81	1.81838
81	TR33500-4 Kırklareli	0.00000
81	**ATAY 85**	**0.00000**
130	113	2.76121
113	**DURAMBA**	**3.70540**
113	**YAKAR**	**3.70540**
131	105	3.13638
105	18	3.70540
18	TR32218-5 Siirt	0.00000
18	TR45420-5 Hakkari	0.00000
105	TR44365-4 Samsun	3.70540
135	110	4.09062
110	106	0.00000
106	TR46861-3 Bolu	3.70540
106	52	3.70540
52	51	0.00000
51	TR46889-2 Sivas	0.00000
51	TR55153-4 Eskişehir	0.00000
52	TR55164-1 Eskişehir	0.00000
110	TR55316 Adana	3.70540
136	127	2.96655
138	TR63329 Ardahan	8.89998
143	142	0.94214
142	134	4.35057
134	111	4.00214
111	**LOBEİRO**	**3.70540**
111	**LİRA**	**3.70540**

Populasyonlar		Mesafe
143	141	1.64818
141	140	1.92084
140	132	1.99184
132	125	1.88765
125	118	1.21328
118	116	0.22020
116	101	0.41285
101	TR32650-5 Erzurum	3.70540
101	TR47993-1 Van	3.70540
116	98	0.63635
98	86	1.66352
86	TR32125-3 Kastamonu	1.81838
86	77	1.81838
77	71	0.00000
71	68	0.00000
68	65	0.00000
65	63	0.00000
63	62	0.00000
62	56	0.00000
56	49	0.00000
49	48	0.00000
48	47	0.00000
47	34	0.00000
34	21	0.00000
21	TR44487-4 Gümüşhane	0.00000
21	TR44388-6 Tokat	0.00000
34	TR49018-1 Adıyaman	0.00000
47	TR55140-1 Kütahya	0.00000
48	TR55144-1 Kütahya	0.00000
49	TR55174-1 Kütahya	0.00000
56	TR37383 Çorum	0.00000
62	TR31678 Mardin	0.00000
63	TR45080 Adapazarı	0.00000
65	TR47944 Çankırı	0.00000
68	TR52784 Muğla	0.00000
71	TR55110 Antalya	0.00000
77	**CS**	**0.00000**
98	93	0.72001
93	85	0.94351
85	58	1.81838
58	TR45422-2 Hakkari	0.00000
58	TR32218 Şırnak	0.00000
85	76	1.81838
76	TR47983-3 Hakkari	0.00000
76	TR63731 Niğde	0.00000
93	TR14857-3 Gümüşhane	2.76189
118	92	2.52007
92	53	1.81838
53	43	0.00000
43	TR45402-3 Van	0.00000
43	TR35408-4 Konya	0.00000
53	TR55180-1 Eskişehir	0.00000
92	TR63371 İzmir	1.81838
125	TR52753 Aydın	5.55173
132	129	1.14489
129	126	0.72228
126	123	0.59286
123	117	0.70221
117	102	0.57173
102	20	3.70540
20	17	0.00000
17	3	0.00000
3	2	0.00000
2	1	0.00000
1	TR32668-2 Erzurum	0.00000
1	TR45370-2 Erzurum	0.00000
2	TR48034-6 Erzurum	0.00000
3	TR32273-4 Van	0.00000
17	TR32231-5 Hakkari	0.00000
20	TR44984-5 Samsun	0.00000
102	TR32881-2 Kars	3.70540
117	114	0.57173
114	82	3.70540
82	75	0.00000
75	73	0.00000
73	69	0.00000
69	57	0.00000
57	50	0.00000
50	44	0.00000
44	40	0.00000
40	39	0.00000
39	38	0.00000
38	37	0.00000
37	36	0.00000
36	35	0.00000
35	32	0.00000
32	31	0.00000
31	30	0.00000
30	29	0.00000
29	26	0.00000
26	25	0.00000
25	24	0.00000
24	23	0.00000
23	19	0.00000
19	16	0.00000
16	15	0.00000
15	12	0.00000
12	9	0.00000
9	8	0.00000
8	4	0.00000
4	TR32780-2 Erzurum	0.00000
4	TR45105-6 Kars	0.00000
8	TR33500-6 Kırklareli	0.00000
9	TR38316-4 Kırklareli	0.00000
12	TR37492-4 Kahramanmaraş	0.00000
15	TR32014-5 Malatya	0.00000
16	TR37234-1 Kastamonu	0.00000
19	TR14861-5 Gümüşhane	0.00000
23	TR48373-1 Tokat	0.00000
24	TR54988-1 Tokat	0.00000
25	TR54989-4 Tokat	0.00000
26	TR35147-4 Yozgat	0.00000
29	TR45308-2 Yozgat	0.00000
30	TR53862-5 Yozgat	0.00000
31	TR46810-5 Adıyaman	0.00000
32	TR38888-6 Adıyaman	0.00000
35	TR48061-4 Sivas	0.00000
36	TR53299-1 Sivas	0.00000
37	TR53343-5 Sivas	0.00000
38	TR55002-3 Sivas	0.00000
39	TR63316-4 Konya	0.00000
40	TR35409-1 Konya	0.00000
44	TR52860-3 Denizli	0.00000
50	TR55201-4 Kütahya	0.00000
57	TR32034 Kayseri	0.00000
69	TR52873 Manisa	0.00000
73	TR62808 Isparta	0.00000
75	TR63538 Karaman	0.00000
82	**GEREK 79**	**0.00000**
114	112	0.00000
112	104	0.00000
104	11	3.70540
11	TR37492-1 Kahramanmaraş	0.00000
11	TR37492-2 Kahramanmaraş	0.00000
104	TR32009-5 Kahramanmaraş	3.70540
112	**SVEVO**	**3.70540**
123	115	1.02881
115	109	0.24513
109	14	3.70540
14	TR31894-3 Malatya	0.00000
14	TR31894-6 Malatya	0.00000
109	TR52669 Bursa	3.70540
115	91	2.13215
91	78	1.81838
78	55	0.00000
55	54	0.00000
54	46	0.00000
46	45	0.00000
45	28	0.00000
28	TR45306-2 Yozgat	0.00000
28	TR45306-5 Yozgat	0.00000
45	TR52860-6 Denizli	0.00000
46	TR52865-1 Denizli	0.00000
54	TR57999-2 Eskişehir	0.00000
55	TR57999-6 Eskişehir	0.00000
78	**AK 702**	**0.00000**
91	TR3664 Uşak	1.81838
126	97	2.18131
97	94	0.62901
94	84	0.94351
84	TR32218-1 Siirt	1.81838
84	TR32218-6 Siirt	1.81838
94	60	2.76189
60	59	0.00000
59	33	0.00000
33	TR46822-2 Adıyaman	0.00000
33	TR50455-4 Adıyaman	0.00000
59	TR26233 İçel	0.00000
60	TR26746 Bilecik	0.00000
97	**DRAGO**	**3.39090**
129	103	2.58909
103	TR32761-6 Kars	3.70540
103	TR39660-1 Kars	3.70540
140	139	0.37004
139	137	0.42813
137	121	3.93378
121	119	0.34018
119	108	0.65368
108	107	0.00000
107	TR46873-4 Gümüşhane	3.70540
107	TR55127-6 Kütahya	3.70540
108	TR50423 Gaziantep	3.70540
119	88	2.54070
88	61	1.81838
61	TR44365-5 Samsun	0.00000
61	TR44365 Sakarya	0.00000
88	TR46804 Hatay	1.81838
121	**KATE A1**	**4.69926**
137	TR38913 İstanbul	8.63304
139	**TOSUNBEY**	**9.06117**
141	138	2.45208
138	136	0.26699
136	135	0.83697
135	133	0.32766
133	128	1.60960
128	122	1.02134
122	95	1.76104
95	83	1.25801
83	80	1.81838
80	74	0.00000
74	10	0.00000
10	TR32846-6 Erzurum	0.00000
10	TR36948-1 Bolu	0.00000
74	TR63536 Nevşehir	0.00000
80	**BAYRAKTAR**	**0.00000**
83	22	1.81838
22	TR39676-4 Van	0.00000
22	TR44433-5 Tokat	0.00000
95	TR32231-5 Hakkari	3.07639
122	66	4.83743
66	TR45324-2 Sivas	0.00000
66	TR48050 Erzincan	0.00000
128	96	2.78237
96	90	1.25801
90	TR45398-4 Van	1.81838
90	72	1.81838
72	TR47961 Muş	0.00000
72	TR56099 Afyon	0.00000
96	TR63322 Tunceli	3.07639
133	131	0.62658
131	130	0.37517
130	124	1.22247
124	120	0.87439
120	100	0.79914
100	99	0.01037
99	89	1.74186
89	79	1.81838
79	70	0.00000
70	67	0.00000
67	64	0.00000
64	42	0.00000
42	41	0.00000
41	27	0.00000
27	13	0.00000
13	7	0.00000
7	6	0.00000
6	5	0.00000
5	TR48025-3 Kars	0.00000
5	TR33264-6 Edirne	0.00000
6	TR51937-1 Edirne	0.00000
7	TR51937-2 Edirne	0.00000
13	393-5 Kahramanmaraş	0.00000
27	TR45303-4 Yozgat	0.00000
41	TR52021-6 Konya	0.00000
42	TR52021-3 Konya	0.00000
64	TR45094 Ankara	0.00000
67	TR52645 Balıkesir	0.00000
70	TR51937 Kocaeli	0.00000
79	**BEZOSTAYA**	**0.00000**
89	TR45105 Artvin	1.81838
99	TR50452 Şanlıurfa	3.56024
100	**MIZRAK**	**3.57061**
120	TR50443 Diyarbakır	4.36975
124	87	3.42576
87	81	1.81838
81	TR33500-4 Kırklareli	0.00000
81	**ATAY 85**	**0.00000**
87	TR52859-4 Denizli	1.81838
130	113	2.76121
113	**DURAMBA**	**3.70540**
113	**YAKAR**	**3.70540**
131	105	3.13638
105	18	3.70540
18	TR32218-5 Siirt	0.00000
18	TR45420-5 Hakkari	0.00000
105	TR44365-4 Samsun	3.70540
135	110	4.09062
110	106	0.00000
106	TR46861-3 Bolu	3.70540
106	52	3.70540
52	51	0.00000
51	TR46889-2 Sivas	0.00000
51	TR55153-4 Eskişehir	0.00000
52	TR55164-1 Eskişehir	0.00000
110	TR55316 Adana	3.70540
136	127	2.96655
127	TR45104 Rize	5.66643
127	TR63281 Çanakkale	5.66643
138	TR63329 Ardahan	8.89998
143	142	0.94214
142	TR32743 Ağrı	12.0581
142	134	4.35057
134	TR52824 Burdur	7.70753
134	111	4.00214
111	**LOBEİRO**	**3.70540**
111	**LİRA**	**3.70540**

ÖZGEÇMİŞ

Adı Soyadı: Rıdvan TEMİZGÜL

Adres: Yenidoğan Mah. Yaprak Cad. Ihlamur Sit. D Blok 20/5 Talas/KAYSERİ

Cep Telefonu: 0530 964 36 40

E-mail: rtemizgul@erciyes.edu.tr

KİŞİSEL BİLGİLER

Uyruğu: T.C

Doğum Yeri: Ankara

Doğum Tarihi: 05.10.1981

Medeni Durumu: Evli

Askerlik Durumu: Yaptı

1981 yılında Ankara'da doğdu. İlkokulu Akçaali Köyü İlkokulu'nda, ortaokul ve liseyi Elmadağ İmam Hatip Lisesi'nde tamamladıktan sonra 2000 yılında Erciyes Üniversitesi Fen-Edebiyat Fakültesi'nde lisans öğrenimine başladı ve 2004 yılında buradan mezun oldu. 2004-2006 yılları arasında Erciyes Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü'nde yüksek lisans öğrenimini tamamladıktan sonra aynı yıl burada doktora öğrenimine başladı. Evli ve bir erkek çocuk babasıdır.