



**T.C.
NECMETTİN ERBAKAN ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**



FLOW SİTOMETRİ YÖNTEMİ İLE YULAF AKSESYONLARININ ÇEKİRDEK DNA İÇERİĞİ VE PLOİDİ SEVİYELERİNİN BELİRLENMESİ

Ahmet PAKSOY

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Moleküler Biyoloji ve Genetik Anabilim Dalı

**Mart-2017
KONYA
Her Hakkı Saklıdır**

**T.C.
NECMETTİN ERBAKAN ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**FLOW SİTOMETRİ YÖNTEMİ İLE YULAF
AKSESYONLARININ ÇEKİRDEK DNA İÇERİĞİ
VE PLOİDİ SEVİYELERİNİN BELİRLENMESİ**

Ahmet PAKSOY

**Bu tez,
Moleküler Biyoloji ve Genetik Anabilim Dalında
YÜKSEK LİSANS
derecesi için hazırlanmıştır.**

KONYA

TEZ KABUL VE ONAYI

Ahmet PAKSOY tarafından hazırlanan “Flow Sitometri Yöntemi ile Yulaf Aksesyonlarının Çekirdek DNA İçeriği ve Ploidi Seviyelerinin Belirlenmesi” adlı tez çalışması 06.03.2017 tarihindeki aşağıdaki jüri tarafından oy birliği/oy çokluğu ile Necmettin Erbakan Üniversitesi Moleküler Biyoloji ve Genetik Ana Bilim Dalı’nda YÜKSEK LİSANS olarak kabul edilmiştir.

Jüri Üyeleri

İmza

Başkan

Prof.Dr. Metin TUNA

.....

Danışman

Yrd. Doç. Dr. M. Aydın AKBUDAK

.....

Üye

Yrd. Doç. Dr. Ali Tefvik UNCU

.....

Yukarıdaki sonucu onaylarım.

Prof. Dr. Ahmet COŞKUN

FBE Müdürü

Bu tez çalışması N.E.Ü Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinatörlüğü tarafından 161315001 nolu proje ile desteklenmiştir.

TEZ BİLDİRİMİ

Bu tezdeki bütün bilgilerin etik davranış ve akademik kurallar çerçevesinde elde edildiğini ve tez yazım kurallarına uygun olarak hazırlanan bu çalışmada bana ait olmayan her türlü ifade ve bilginin kaynağına eksiksiz atıf yapıldığını bildiririm.

DECLARATION PAGE

I hereby declare that all information in this document has been obtained and presented in accordance with academic rules and ethical conduct. I also declare that, as required by these rules and conduct, I have fully cited and referenced all material and results that are not original to this work.



Ahmet PAKSOY

Tarih:../../.....

ÖZET
YÜKSEK LİSANS TEZİ
FLOW SİTOMETRİ YÖNTEMİ İLE YULAF AKSESİYONLARININ
ÇEKİRDEK DNA İÇERİĞİ VE PLOİDİ SEVİYELERİNİN BELİRLENMESİ

Ahmet PAKSOY

Necmettin Erbakan Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü
Moleküler Biyoloji ve Genetik Ana Bilim Dalı

Danışman: Yrd. Doç. Dr. M. Aydın AKBUDAK

2017, 49 Sayfa

Jüri

Prof.Dr. Metin TUNA
Yrd. Doç. Dr. M. Aydın AKBUDAK
Yrd. Doç. Dr. Ali Tefvik UNCU

Sürekli değişmekte olan çevre koşullarına karşı dünya nüfusu hızla artmaktadır. Artan nüfusunun beslenmesi sorunu genetik kaynakların önemini ve değerini daha da arttırmaktadır. Biyolojik çeşitlilik başta gıda olmak üzere insanların temel ihtiyaçlarını karşılamada çok önemli bir yere sahiptir. Yulaf, *Gramineae* familyasının *Avena* cinsi içerisinde yer almaktadır. *Avena* cinsi; $x=7$ temel kromozom sayısına sahip olup, ABCD genomlarına sahip diploid, tetraploid ve hekzaploid olmak üzere 3 farklı ploidi düzeyinde türleri kapsamaktadır. Çalışmada, *Avena* cinsinden 13 farklı türe ait 64 tane aksesyonun çekirdek DNA içeriklerinin flow sitometri yöntemi ile belirlenmesi amaçlanmıştır. Flow sitometri analizlerinde *Vicia sativa* (3.65 pg/2C) ve *Hordeum vulgare* (10,7/2C pg) standart olarak kullanılmıştır. Çalışma sonucunda; incelenen türlerin çekirdek DNA içeriklerinin ortalama olarak *A. strigosa* 8.61- 8.76 pg/2C, *A. nuda* 8.58 – 9.00 pg/2C, *A. longiglumis* 8.70 – 9.08 pg/2C, *A. abyssinica* 16.37 – 25.48 pg/2C, *A. vaviloviana* 16.33 – 16.69 pg/2C, *A. murphyi* 18.51 – 18.71 pg/2C, *A.sativa* 25.81 – 26.40 pg/2C, *A. sterilis* 25.62 – 26.54 pg/2C, *A. fatva* 25.34 – 26.15 pg/2C, *A. barbata* 12.83 – 16.90 pg/2C, *A. hirtula* 16.16 pg/2C, *A. brevis* 12.36 – 12.53 pg/2C arasında değiştiği belirlenmiştir.

Anahtar Kelimeler: Yulaf, Flow Sitometri, Ploidi Seviyesi, Çekirdek DNA içeriği

ABSTRACT

DETERMINATION OF NUCLEAR DNA CONTENT AND PLOIDY LEVELS OF AVENA ACCESSION USING FLOW CYTOMETRY

The population of the world is rapidly increasing in response to ever-changing environmental conditions. The problem of increasing the population is increasing the importance and value of genetic resources. Biodiversity is very important in meeting the basic needs of people, especially food. Oat is located on *Avena* genus of *Gramineae* family. The genus *Avena* has the number of basic chromosomes ($x = 7$) and includes three different ploidy species, diploid, tetraploid and hexaploid, with ABCD genomes. In the study, it was aimed to determine the content of core DNA fragments from 13 different species in *Avena* by flow cytometry. *Vicia sativa* (3.65 pg / 2C) and *Hordeum vulgare* (10,7 / 2C pg) were used as standard in flow cytometry analyzes. In the results of working; it was determined that the nuclear DNA content of the examined species changed on average from among *A. strigosa* 8.61- 8.76 pg/2C, *A. nuda* 8.58 – 9.00 pg/2C, *A. longiglumis* 8.70 – 9.08 pg/2C, *A. abyssinica* 16.37 – 25.48 pg/2C, *A. vaviloviana* 16.33 – 16.69 pg/2C, *A. murphyi* 18.51 – 18.71 pg/2C, *A. sativa* 25.81 – 26.40 pg/2C, *A. sterilis* 25.62 – 26.54 pg/2C, *A. fatva* 25.34 – 26.15 pg/2C, *A. barbata* 12.83 – 16.90 pg/2C, *A. hirtula* 16.16 pg/2C, *A. brevis* 12.36 – 12.53 pg/2C

Key Words: Oat, Flow Cytometry, Ploidy Level, Nuclear DNA content

ÖNSÖZ

Bu çalışma Necmettin Erbakan Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Moleküler Biyoloji ve Genetik Bölümü Ana Bilim Dalı'nda yüksek lisans tezi olarak hazırlanmıştır.

Çalışmada flow sitometri yöntemi ile *Avena* türlerinin çekirdek DNA içerikleri ve ploidi düzeyleri belirlenmiştir. Çalışma kapsamında 64 *Avena* aksesyonu incelenmiştir. Yulaf türlerinin ploidi düzeyi ve çekirdek DNA içeriklerinin bilimsel veriler halinde sunulması bitki sınıflandırması ve ıslahı açısından oldukça önemlidir.

Tez çalışmasında benden desteklerini esirgemeyen değerli danışmanım Yrd. Doç. Dr. M. Aydın AKBUDAK'a, tezime vermiş olduğu desteklerden dolayı sayın hocam Prof. Dr. Metin TUNA ve yüksek lisans eğitimim boyunca maddi ve manevi desteklerini esirgemeyen aileme sonsuz teşekkürlerimi bir borç bilirim.

İÇİNDEKİLER

Sayfa No

ÖZET.....	i
ABSTRACT	ii
ÖNSÖZ.....	iii
İÇİNDEKİLER	iv
ŞEKİLLER DİZİNİ	v
ÇİZELGELER DİZİNİ	vi
1. GİRİŞ.....	1
1.1. Yulaf.....	1
1.1.1. Yulafın kullanım alanları.....	3
1.1.2. Türkiye’de yulaf yetiştiriciliği.....	5
1.1.3. <i>Avena</i> taksonomisi.....	5
1.2. Bitkilerde Genetik Değişiklikler ve Gen Bankaları	6
1.3. Ploidi Düzeyi Belirleme.....	7
1.3.1. Fenotipik gözlemler.....	7
1.3.2. Kromozom sayımları.....	8
1.3.3. Flow sitometri.....	8
1.4. Çalışmanın Amacı.....	9
2. KAYNAK ARAŞTIRMASI	10
3. MATERYAL VE YÖNTEM.....	14
3.1. Materyal	14
3.1.1. Bitkilerin yetiştirilmesi.....	14
3.2. Yöntem.....	16
3.2.1. Flow sitometri analizi.....	16
3.2.2. Akseyonların çekirdek DNA içeriklerinin hesaplanması	17
3.2.3. İstatistikî analiz.....	18
4. BULGULAR VE TARTIŞMA.....	19
5. SONUÇLAR VE ÖNERİLER	32
KAYNAKLAR	34
ÖZGEÇMİŞ.....	36

ŞEKİLLER DİZİNİ

Sayfa No

Şekil 3.1. Aksesyonların petri kabında kesilip parçalandıktan sonra bekletilmesi.....	17
Şekil 3.2. Örneklerin CellTrics filtrelerden süzülmesi Staining Solüsyonu eklenmesi karanlıkta inkübe edilmesi ve flow sitometride analiz edilmesi.....	17
Şekil 3.3. <i>Avena strigosa</i> ile standart olarak kullanılan <i>Vicia sativa</i> bitkilerine ait G1 piklerinin birbirine göre pozisyonları	18
Şekil 4.1. <i>Avena strigosa</i> ile standart olarak kullanılan <i>Vicia sativa</i> bitkilerine ait G1 piklerinin birbirine göre pozisyonları	19
Şekil 4.2. <i>Avena nuda</i> ile standart olarak kullanılan <i>Vicia sativa</i> bitkilerine ait G1 piklerinin birbirine göre pozisyonları	20
Şekil 4.3. <i>Avena longiglumis</i> ile standart olarak kullanılan <i>Vicia sativa</i> bitkilerine ait G1 piklerinin birbirine göre pozisyonları	21
Şekil 4.4. <i>Avena ventricosa</i> ile standart olarak kullanılan <i>Vicia sativa</i> bitkilerine ait G1 piklerinin birbirine göre pozisyonları	22
Şekil 4.5. <i>Avena abyssinica</i> ile standart olarak kullanılan <i>Hordeum vulgare</i> bitkilerine ait G1 piklerinin birbirine göre pozisyonları	23
Şekil 4.6. <i>Avena vaviloviana</i> ile standart olarak kullanılan <i>Hordeum vulgare</i> bitkilerine ait G1 piklerinin birbirine göre pozisyonları	24
Şekil 4.7. <i>Avena murphyi</i> ile standart olarak kullanılan <i>Hordeum vulgare</i> bitkilerine ait G1 piklerinin birbirine göre pozisyonları	25
Şekil 4.8. <i>Avena sativa</i> ile standart olarak kullanılan <i>Hordeum vulgare</i> bitkilerine ait G1 piklerinin birbirine göre pozisyonları	26
Şekil 4.9. <i>Avena sterilis</i> ile standart olarak kullanılan <i>Hordeum vulgare</i> bitkilerine ait G1 piklerinin birbirine göre pozisyonları	27
Şekil 4.10. <i>Avena fatua</i> ile standart olarak kullanılan <i>Hordeum vulgare</i> bitkilerine ait G1 piklerinin birbirine göre pozisyonları	28
Şekil 4.11. <i>Avena barbata</i> ile standart olarak kullanılan <i>Hordeum vulgare</i> bitkilerine ait G1 piklerinin birbirine göre pozisyonları	29
Şekil 4.12. <i>Avena hirtula</i> ile standart olarak kullanılan <i>Hordeum vulgare</i> bitkilerine ait G1 piklerinin birbirine göre pozisyonları	30
Şekil 4.13. <i>Avena brevis</i> ile standart olarak kullanılan <i>Hordeum vulgare</i> bitkilerine ait G1 piklerinin birbirine göre pozisyonları	31

ÇİZELGELER DİZİNİ

Sayfa No

Çizelge 3.1. Çalışmada kullanılan <i>Avena</i> genomuna ait aksesyonlar.....	14
Çizelge 3.2. Çalışmada kullanılan <i>Avena</i> genomuna ait populasyonlar (Devam).....	15
Çizelge 3.3. Çalışmada kullanılan <i>Avena</i> genomuna ait populasyonlar (Devam).....	16
Çizelge 4.1. <i>Avena strigosa</i> aksesyonlarının flow sitometri yoğunlukları ve DNA içeriği (pg).....	19
Çizelge 4.2. <i>Avena nuda</i> aksesyonlarının flow sitometri yoğunlukları ve DNA içeriği (pg).....	20
Çizelge 4.3. <i>Avena longiglumis</i> aksesyonlarının flow sitometri yoğunlukları ve DNA içeriği (pg).....	21
Çizelge 4.4. <i>Avena ventricosa</i> aksesyonlarının flow sitometri yoğunlukları ve DNA içeriği (pg).....	21
Çizelge 4.5. <i>Avena abyssinica</i> aksesyonların flow sitometri yoğunlukları ve DNA içeriği (pg).....	22
Çizelge 4.6. <i>Avena vaviloviana</i> aksesyonlarının flow sitometri yoğunlukları ve DNA içeriği (pg).....	23
Çizelge 4.7. <i>Avena murphyi</i> aksesyonlarının flow sitometri yoğunlukları ve DNA içeriği (pg).....	24
Çizelge 4.8. <i>Avena sativa</i> aksesyonlarının çekirdek DNA içerikleri (pg/2C) ve ploidi düzeyleri	25
Çizelge 4.9. <i>Avena sterilis</i> aksesyonlarının çekirdek DNA içerikleri (pg/2C) ve ploidi düzeyleri.....	26
Çizelge 4.10. <i>Avena fatua</i> aksesyonlarının çekirdek DNA içerikleri (pg/2C) ve ploidi düzeyleri.....	27
Çizelge 4.11. <i>Avena barbata</i> aksesyonlarının çekirdek DNA içerikleri (pg/2C) ve ploidi düzeyleri.....	28
Çizelge 4.12. <i>Avena hirtula</i> aksesyonlarının çekirdek DNA içerikleri (pg/2C) ve ploidi düzeyleri	29
Çizelge 4.13. <i>Avena brevis</i> aksesyonlarının çekirdek DNA içerikleri (pg/2C) ve ploidi düzeyleri	30
Çizelge 5.1. <i>Avena</i> aksesyonlarının minimum ve maksimum DNA miktarları (pg)...	32

1. GİRİŞ

Ülke ekonomimizin tarımsal kaynaklarımıza dayalı olması tarımın en etkin biçimde değerlendirilmesini zorunlu hale getirmektedir. Bugün Avrupa ve Ortadoğu ülkeleri arasında tarımsal kaynaklar bakımından Türkiye önemli bir ülke durumundadır. Türkiye’de tahılların ekimi ve üretimdeki yeri çok önemlidir (Hışır, 2009). Tahıllar Buğdaygiller (*Gramineae*) familyasındandır ve kültür bitkileri arasında ekim alanı ve üretim olarak dünyada ilk sırayı almaktadır. Geniş tür, çeşit ve ekotip zenginliği gösteren tahılların çok geniş adaptasyon yeteneğine sahip olması, ekim alanlarının artmasında ve buna bağlı olarak üretim miktarlarının yüksek olmasında önemli bir rol oynamaktadır. Tahılların kültür bitkileri içerisinde öne çıkmasının bir nedeni de insan beslenmesinde çok önemli bir yere sahip olmasıdır (Erbaş, 2012).

Tahıllar insan beslenmesinde dünyada ve ülkemizde ilk sırayı almaktadır (Hışır, 2009). Dünyada yaklaşık 1,5 milyar hektar tarım alanının 681 milyon hektarında (%45,4) tahıl ekilmektedir ve 2,4 milyar ton üretim yapılmaktadır. Dünyada en fazla ekilen tahıllar sırasıyla buğday, mısır, çeltik, arpa, yulaf, çavdar ve tritikale olurken, en fazla üretilenler ise mısır, çeltik, buğday, arpa, yulaf, tritikale ve çavdardır. Ülkemizde ise toplam 24,3 milyon hektar tarım alanı bulunmaktadır. Bu tarım alanlarının 12,1 milyon hektarında (%49,8) tahıl ekilmekte, yaklaşık 32,8 milyon ton üretim yapılmaktadır (Erbaş, 2012).

1.1. Yulaf

Yulafın iklim isteği diğer serin iklim tahıllarından daha fazladır. Kışları çok soğuk geçen yerlerde soğuktan zarar görmesi nedeniyle daha çok sahil bölgelerinde ve dağ eteklerindeki ovalarda yetiştirilir. Yulaftan elde edilen ürün veriminin yüksek olması için bitkinin vejetasyon süresinde yağışların iyi dağılması, havanın sıcaklığının 15 °C nin altında ve nemin yüksek olması gerekmektedir (Anonim, 2012). Yulaf tarımı için en uygun yerler yıllık yağış miktarının 700-800 mm olduğu bölgelerdir. Yulaf kuraklığa dayanıklı değildir ve en düşük büyüme sıcaklığında uzun süre kalması gerekir (<http://www.trakyatarim.com/trakya-tarim/files/Y.pdf> ; Anonim, 2012).

Toprak isteği yönünden çok seçici olmayıp çavdardan sonra toprak seçiciliği en az olan serin iklim tahıl bitkisidir. Fakir topraklarda yeterli nem olması şartıyla yulaf yetiştiriciliği yapılabilir. Yulaf yetiştiriciliğinden iyi verim elde etmek için toprakta yeteri kadar besin maddesinin bulunması gerekmektedir. Killi-tınlı, kumlu-bol humuslu

topraklar yeterli nem bulunması şartıyla yulaf yetiştiriciliğine uygundur. Yulaf toprak tuzluluğuna da oldukça dayanıklı bir bitkidir (<http://www.trakyatarim.com/trakya-tarim/files/Y.pdf> ; Anonim, 2012). Yulaf, uzun gün rejiminde, kısa sezonda, hızlı bir şekilde çiçeklenir ve olgunlaşır. Dünyada 40 – 60. enlemler arasındaki yerler temel yulaf yetiştirilen alanlar olup kuzey yarım kürede Amerika, Avrupa ve Asya'nın yanısıra; güney yarım kürede de Güney Amerika, Avustralya ve Yeni Zelanda'da yulaf tarımı yapılmaktadır (Karakuzulu, 2015).

Yulaf, *Gramineae* familyasının *Avena* cinsi içerisinde yer almaktadır. Bu cins içerisinde 35 tür bulunmaktadır. Kromozom sayılarına göre yulaflar, diploid, tetraploid ve hexaploid olarak sınıflandırılmaktadır. Yaygın olarak kültürü yapılan *A. sativa* ve *A. byzantina* türleri, $2n=42$ kromozom sayısına sahip olan hexaploid yulaf grubundadır (Erbaş, 2012). Türkiye'nin *Avena sativa* ve *Avena byzantina*'nın gen merkezlerinden birisi olması nedeniyle ülkemizde bu türlere ait çok sayıda yerel çeşit bulunmaktadır. Yerel çeşitler genetik çeşitliliği artırmak için önemli gen kaynaklarındandır ve yüksek kalitede özellikler taşıyan yeni çeşitlerin geliştirilmesine olanak sağlarlar. Yerel çeşitler arasında genetik çeşitliliğin ve benzerliğin tanımlanması gen bankalarındaki duplikasyonu önlemesi açısından da oldukça önemlidir (Hışır, 2009; Aslan, 2015).

Dünya yulaf ekim alanları içerisinde ilk sırayı %30'luk pay ile Rusya almaktadır. İkinci ve üçüncü sırayı sırasıyla %25'lik pay ile AB ve %9'luk pay ile Avustralya ve Kanada almaktadır. En büyük yulaf üreticisi ülke USA olup onu Rusya izlemektedir. Ülkemizin dünya yulaf ekim alanları içerisindeki payı ise %1 civarlarındadır. Dünya ortalama yulaf verimi hektara 2,16 ton olup, en yüksek yulaf verimi 2,72 t/ha ile AB ülkelerindedir. Türkiye'de ise verim 2,32 t/ha ile dünya ortalama yulaf veriminin üzerindedir. Serin iklim tahılları arasında yulaf, ekim ve üretim bakımından dünyada üçüncü sırada yer almaktadır. Türkiye'de ise buğday, arpa ve çavdardan sonra dördüncü sırada yer almaktadır (Erbaş, 2012).

Türkiye'de de yulaf veriminin son 10 yılına baktığımızda, yıllara göre çok az bir dalgalanma olmakla birlikte, 2002 yılında ortalama 180,1 kg/da olan verimin, yaklaşık %50 artışla 2012 yılında 235,0 kg/da'a kadar yükseldiği görülmektedir. Aynı yıllarda Türkiye'de ekim alanı indeksinin 30'a kadar düşmesine rağmen, bu düşüşün üretimde fazla hissedilmemesinde, birim alandan elde edilen verim artışının etkili olduğunu söylenebilir. Bunda yulaf ıslahı konusunda yapılan çalışmalarla, marjinal alanlarda yulaf ekilişinin azalmasının etkili olduğu söylenebilir (Topal ve ark., 2015).

Türkiye’de yerel yulaf gen kaynaklarının değerlendirilmesi amacıyla Eskişehir Tohum Islah İstasyonu, Yeşilköy Tohum Islah İstasyonu, Ankara Tohum Islah İstasyonu ve Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi tarafından bazı seleksiyon çalışmaları yapılmıştır. Bu çalışmalar sonucunda bazı yerel materyaller seçilerek üreticilere dağıtılmıştır (Hışır, 2009; Aslan, 2015).

Ülkemizde yulaf genetik kaynakları Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü (ETAİ) bünyesinde kurulan Bitki Genetik Kaynakları Bölümü ve Tarım Bakanlığı’ na ait Türkiye Tohum Gen Bankası tarafından muhafaza edilmektedir. Bu gen bankalarında bulunan *Avena sativa* türüne ait 218, *Avena byzantina* türüne ait 94 adet yerel aksesyon bulunmaktadır. Ayrıca, Bahri Dağdaş Uluslararası Tarımsal Araştırma Enstitüsü’nde (BDUTAE) de 55 adet yerel yulaf aksesyonu bulunmaktadır. Ancak, uluslararası gen bankalarında bu rakamların çok çok üstünde Türkiye’ye ait yerel yulaf aksesyon bulunmaktadır. Amerika Birleşik Devletleri Tarım Bakanlığı’na bağlı Ulusal Küçük Taneli Bitkiler Koleksiyonu’nda (USDA-NSGC) 837 adet, Kanada’da bulunan Bitki Genetik Kaynakları Koleksiyonu’nda (PGRC) 307 adet, Almanya’da bulunan Bitki Genetik ve Kültür Bitkileri Araştırma Enstitüsü’nde (IPK) koleksiyonunda 216 adet, Rusya’da bulunan Vavilov Enstitüsü (VIR) Koleksiyonu’nda ise 200 adet Türkiye orijinli yerel yulaf aksesyonu bulunmaktadır (Hışır, 2009; Aslan, 2015).

1.1.1. Yulafın kullanım alanları

Yulaf dünyada insan ve hayvan besin maddesi olarak kullanılmaktadır. Tanesindeki karbonhidrat, yağ, protein, lif, mineral madde ve vitamin oranı yüksektir. Protein içeriği %16’ ya kadar çıkabilir ve ortalama % 6.5 yağ oranına sahiptir. Yulaf tahıllar arasında ham yağ oranı en yüksek olanlardan birisidir (Hışır, 2009; Erbaş, 2012).

Yulaf Türkiye’de çoğunlukla hayvan yemi olarak kullanılmaktadır. Yulaf tanesinde avenin maddesi bulunmaktadır ve bu madde genç organizmaların gelişmeleri, atlarda kasların güçlenmesi ve süt ineklerinin veriminin artmasını sağlar. Bu madde ayrıca tavukların birbirinin tüylerini gagalamalarını önlemekte ve civciv ölümlerinin azalmasına yardımcı olmaktadır (Erbaş, 2012; Vural, 2009, <http://www.trakyatarim.com/trakya-tarim/files/Y.pdf>). Hayvan beslenmesinde yulaftan en yüksek faydayı sağlamak için, protein ve yağ oranının yüksek, beta glukcan (β -glucan) oranının ise düşük olması istenmektedir. Ayrıca, tahıl samanları arasında en

iyilerden olan yulaf samanı, saplarının daha yumuşak, yaprağının daha bol olmasından dolayı buğday ve arpa samanına göre organik ve mineral maddelerce daha zengindir (Erbaş, 2012).

Son yıllarda hem dünyada hem de ülkemizde insanların gelir ve refah seviyesinin artmasına bağlı olarak sağlıklı ve dengeli beslenme anlayışı artmakta, bu anlayış diğer alternatif ürünlerle birlikte yulafı da ön plana çıkarmaktadır (Hışır, 2009).

Yulaf lif içeriğinin yüksek olması, kolesterolü düşürmesi, kronik kalp hastalıklarına yakalanma riskini azaltması gibi insan sağlığı üzerinde önemli bir bitkidir. Yapılan araştırmalar insan ve hayvan sağlığı açısından yulafın önemli antioksidant maddeler içerdiği, kolesterolü düşürücü etki yaptığı, lif ve demir içeriğinin yüksek olduğunu ortaya konulmuştur. Yulaf P, Fe ve Mn'ca zengindir fakat Ca, Cu ve Co istenilen miktarda değildir. Dane ve yağında çok az miktarda A, D ve E vitaminleri bulunmakla birlikte yüksek beta-glukan içeriği sayesinde günde 5-10 g yulaf unu tüketildiğinde kalp hastalığı riskini azalttığı bildirilmektedir (Hışır, 2009; Erbaş, 2012). Ayrıca yulaf yağ asitleri yönünden oldukça dengelidir ve ağırlıklı olarak oleik (C18:1) ve linoleik (C18:2) doymamış yağ asitlerinden oluşmaktadır. Bunun yanında oksijenli aminoasitler özellikle de esansiyel aminoasitler olan lizin, metiyonin ve sistein yönünden oldukça zengin olduğu bilinmektedir (Topal ve ark., 2015).

Yulafın diğer bir kullanım alanı da endüstride sıvı aldehit üretimidir. Yulaf kavuzlarından elde edilen furfural maddesinden endüstride sıvı aldehit yapılmakta ve aldehit, yağ rafinerileri ile plastik yapımında değerlendirilmekte, ayrıca kavuzlarından tıbbi ilaç yapımında da yararlanılmaktadır. İnsan beslenmesinde, yulaf tanesinin protein ve çözülebilir lif oranının yüksek, yağ oranının ise düşük olması istenmektedir (Hışır, 2009).

Yulaf daha seyrek olmakla birlikte Latin Amerika ve İngiltere'de bazı içeceklerin yapımında da kullanılmaktadır. Ayrıca kıvam arttırıcı olarak çorba yapımında ve kozmetikte de yulaftan yararlanılmaktadır (Vural, 2009).

Yulafın farklı amaçlarla kullanımının giderek artması nedeniyle değişik ekolojilere uygun yüksek verimli çeşitlerinin geliştirilmesi ve ekim nöbeti içerisinde yer alması durumunda ülkemizde de yulaf tarımının artması beklenebilir (Topal ve ark., 2015).

1.1.2. Türkiye’de yulaf yetiştiriciliği

Yulafın Anadolu’da yetiştirilmesi oldukça eskiye dayansa da diğer buğdaygillere göre yulafın insanlar tarafından bilhassa dane verimi için yetiştirilmesi buğday ve arpadan sonra olmuştur. (<http://www.trakyatarim.com/trakya-tarim/files/Y.pdf>).

Yulaf yetiştiriciliğine Selçuklular ve Osmanlılar büyük önem vermişlerdir. Selçuklu ve Osmanlı İmparatorluğu’nda atların çevik ve kuvvetli olması için yulafla beslendiği ve geniş alanlarda yulaf tarımı yapıldığı belirtilmektedir (Topal ve ark., 2015). Anadolu’da kıtlık yıllarında yulaf ekmeklik tahıl olarak kullanılmıştır. Türkiye’de en fazla yulaf üretimi Marmara Bölgesi’nde gerçekleşmektedir. Kocaeli ve Konya illeri üretiminde ilk sırada olup en fazla verim Yalova ilinde elde edilmektedir (<http://www.trakyatarim.com/trakya-tarim/files/Y.pdf>; Anonim, 2012).

1.1.3. *Avena* taksonomisi

Bitki taksonomisindeki amaç dünyadaki bitkileri türler, cinsler, aileler vb. şekillerde düzenlemektir. Taksonominin temel birimi türdür (Ladizinsky, 2012).

Avena cinsi; $x=7$ temel kromozom sayısına sahip olup, ABCD genomlarına sahip diploid, tetraploid ve hekzaploid olmak üzere 3 farklıploidi düzeyinde türleri kapsamaktadır. Tüm diploid türler ya AA ya da CC genomlarını içerirler. Poliploidlerde ise genom kompozisyonu AACCC tetraploid ve AACCCDD hekzaploid şeklindedir (Erbaş, 2012; Vural, 2009; Linares ve ark., 1998). *A. sativa* oldukça büyük (11000 Mbp) ve karmaşık bir genoma sahip hekzaploid ($2n = 6x = 42$) bir türüdür. *A. sativa* genomu her biri yedi çift kromozom içeren A, C ve D genomlarının bir araya gelmesiyle oluşmuştur. A ve D genomları birbirlerine oldukça yakın iken C genomu ise A ve D genomlarına nispeten daha uzaktır (Vural, 2009).

Yapılan karyotip, izozim ve türler arası melezlerdeki mayotik kromozom analizleri diploid türlerin A genomları arasında farklılıkların bulunduğunu ortaya koymuştur. Moleküler çalışmalar *A. sativa* A ve D genomlarının diploid, *A. strigosa* (A_s) ile homolog olduğunu göstermektedir. Ancak günümüzde, *A. sativa* için atasal tetraploid olarak kabul edilen *A. maroccana*, *A. murphyi* ve *A. insularis* (AC) gibi türlerin A genomunun *A. canariensis* (A_c) ve *A. weistii* (A) diploid türlerinden ve C genomunun da *A. clauda* (C_p) diploid türünden köken almış olabileceği düşünülmüştür

(Vural, 2009; Linares ve ark., 1998). RAPD ve AFLP moleküler belirleyicilerin kullanıldığı başka bir çalışmada; AB genomuna sahip türlerin As genomlu türler içinde bir alt grup oluşturduğunu, AC genomlu tetraploid türlerin ise ACD heksaploidleri ile birlikte gruplandığını göstermiştir. Aynı çalışmada C genomlu diploid türlerin ayrı bir grupta yer almasının *Avena* cinsinin A ve C genomları arasında bir ayrılma olabileceğini düşündürmektedir (Vural, 2009).

1.2. Bitkilerde Genetik Değişiklikler ve Gen Bankaları

Değişmekte olan çevre koşullarına karşı hızla büyüyen dünya nüfusunun beslenmesi sorunu, genetik kaynakların önemini ve değerini gün geçtikçe daha da arttırmaktadır. Biyolojik çeşitlilik başta gıda olmak üzere insanların temel ihtiyaçlarını karşılamada çok önemli bir yere sahiptir. 2020 yılına kadar çevre kirliliği, doğal kaynakların sürekli ve yanlış kullanımı sonucu küresel biyolojik çeşitliliğin %20'sinin kaybedileceği tahmin edilmektedir. Bu kayıplar sonucunda biyolojik çeşitlilikten elde edilecek ekolojik hizmetlerinde kaybına neden olmaktadır (Karagöz ve ark., 2010).

Bitkiler evrimsel gelişimleri boyunca hem bulundukları çevre koşullarının neden olduğu doğal mutasyonlar sonucunda, hem de çevrede bulunan diğer bitkilerden yabancı tozlaşma yolu ile meydana gelen bir takım DNA modifikasyonlarına uğramışlardır. Bu modifikasyonlara örnek olarak buğday ve bazı yem bitkilerinde diploid, tetraploid ya da heksaploid çeşitlerin evrimsel süreç içinde oluşması örnek olarak gösterilebilir. Bu genetik modifikasyonların nasıl olduğu, cins ve türler arasındaki ilişkileri hakkında komperatif (karşılaştırmalı) genetik olarak isimlendirilen çalışmaların bu modifikasyonlar ile ilgili ipuçları vermesi önemlidir (Tiryaki, 2005).

Türkiye bitki genetik çeşitliliği bakımından çok özel bir konumda yer almaktadır. Bitkisel genetik çeşitliliğin zenginliği temel olarak, topografya, iklim ve diğer çevre koşullarının kısa mesafeler içinde değişen büyük bir çeşitlilik göstermesinden kaynaklanmaktadır (Karagöz ve ark., 2010).

Türkiye, Önemli Bitki Alanları (ÖBA) için ulusal bir envanter oluşturan ilk ülke olmuştur. Bu envanter 122 Önemli Bitki Alanı'nı listelemektedir. Bu alanların doğanın korunması ve karşısındaki tehditler açısından önemini ortaya koyan Türkiye'nin Önemli Bitki Kaynakları 2004 yılında Türkçe olarak yayınlanmıştır (Tan, 2010).

Bitkilerde biyolojik çeşitliliğin hem yerinde (*in situ*) hem de yeri dışında (*ex situ*) korunması çalışmaları, 1960'lardan beri "Bitki Genetik Kaynakların/Çeşitliliğin

Muhafazası Ulusal Programı” çerçevesinde yürütülmektedir. Bu program, Türkiye’de biyolojik çeşitliliğin/genetik çeşitliliğin devamına yönelik stratejinin oluşturulması için gereken yasal çerçeveyi sağlamaktadır. *Ex situ* yöntemler içinde yer alan tohum gen bankalarında toplanmış olan tohum örnekleri temel (uzun süreli) ve aktif (kısa ve orta süreli) koleksiyonlar halinde vejetatif materyal ise çeşitli enstitü arazilerinde oluşturulmuş olan tarla gen bankalarında muhafaza edilmektedir. Günümüzde, Ulusal Gen Bankaları’nda 2700’e yakın türe ait yaklaşık 55.000 aksesyon mevcuttur. Bu materyallerin 20.000’i 2.221 yabancı türe aittir. Tarla Bitkileri Araştırma Enstitüsü’nde, hem Ulusal koleksiyonların güvenlik amaçlı kopyaları hem de yaklaşık 10.000 tarla bitkisi örneği muhafaza edilmektedir. Sonuç olarak, toplam aksesyon sayısı iki gen bankasında 65.000 civarındadır. *In situ* yöntemlerle de 3.749.673 hektar alan koruma altına alınmıştır (Tan, 2010; Karagöz ve ark., 2010).

Gen kaynağı olarak toplanmış materyallerin karakterizasyonları yapılmadan ıslah programlarında etkili bir şekilde kullanılması mümkün değildir. Bu nedenle toplanan ve gen bankalarında muhafaza edilmekte olan genetik materyaller bitki ıslahçıların işlerini hızlandıracak ve kolaylaştıracak şekilde önceden karakterize edilmelidir (Kaya, 2010).

1.3. Ploidy Düzeyi Belirleme

Bitkilerdeki ıslah çalışmalarında ve performans değerlendirmelerinde ploidi kavramı hayati öneme sahiptir. Ploidi, bir hücredeki kromozom seti sayısıdır ve haploid (X), diploid (2X), triploid (3X), tetraploid (4X) ve/veya poliploid ($\approx X$) gibi latince sayılarla adlandırılırlar. Canlının ploidi düzeyini bilmek genetik kaynakların etkin kullanımı için oldukça önemlidir (Demirözoğlu, 2013).

Bitkilerde ploidi düzeyinin belirlenmesinde üç yöntem kullanılmaktadır.

- Fenotipik Gözleme
- Kromozom Sayımları
- Flow Sitometri

1.3.1. Fenotipik gözleme

Bitkilerde kromozom sayısı artışına paralel olarak bitkinin tüm organlarında bir irileşme meydana gelmektedir. Örneğin haploid bitkiler diploidlere, tetraploidler ile

daha yüksek ploidi düzeyinde sahip bitkiler ise diploidlere göre daha büyük hacimli olmaktadır. Ancak bu metodun en büyük sorunu, daha düşük ploidi düzeyinin yüksek performansına sahip bitkinin, yüksek ploidi düzeyinin düşük performanslı bitkilerinden ayırt etmede başarısız olmasıdır (Demirözoğul, 2013).

1.3.2. Kromozom sayımları

Bitkilerin genellikle kök ucu meristem dokularında yapılan kromozom sayımları, nispeten daha tutarlı sonuçlar vermektedir. Sağlıklı ve güçlü bir gelişme gösteren taze kök uçlarından alınan örnekler, kromozom sayımları için uygun materyaldir (Kaya, 2010). Bitkilerde mitozun yoğunlukla gerçekleştiği kök meristemleri kromozom sayımları için iyi birer örnek toplama bölgesidir. Bu yöntem ile yapılan kromozom sayımları kesin sonuç verir. Fakat bölünen hücreye gereksinim duyulmasına ilave olarak yapılan işlemlerin uzun sürmesi, el becerisi ve deneyim gerektirmesi yöntem için önemli bir dezavantaj oluşturmaktadır. Üstelik küçük kromozomlu bitkiler için yanılma ihtimalini yükselteceği için çok verimli bir yöntem olmadığı bilinmektedir (Demirözoğul, 2013).

1.3.3. Flow (Akım) sitometri

Akım sitometri; bilgisayar teknolojisi, florokrom kimyası, monoklonal antikor, optik ve lazer teknolojisini birleştirerek; hücrelerin veya biyolojik partiküllerin birçok fiziksel ve fonksiyonel özelliklerini, hücresel seviyede araştırma imkânı sağlayan bir araçtır (Saraymen, 2011).

Flow sitometri, tek tek hücrelerin veya diğer biyolojik partiküllerin bir alıcı cihaz tarafından bir sıvı içerisinde tek sıra halinde alınarak bu hücrelerin veya partiküllerin fiziksel veya kimyasal özelliklerinin ölçüldüğü bir yöntemdir. Bu yöntem dört ayrı komponentten oluşur. Bunlar;

1. Işık kaynağı ve focus yapan mercekler
2. Akım sistemi
3. Sinyal detektörleri ve dönüştürücüler
4. Bilgi toplama, depolama ve analiz için bilgisayar sistemi (Demirel, 1995)

Flow sitometri günümüzde ploidy analizlerinde kullanılan, en kolay, hassas, hızlı ve ekonomik yöntemdir. Bu özelliklerinden dolayı flow sitometri bitki ve

hayvanlarda ploidy analizi yapılmak istendiğinde en çok tercih edilen yöntemdir. Özellikle, populasyonlar içi ploidi düzeyi varyasyonu durumunda oldukça hızlı ve etkin bir alternatiftir (Kaya, 2010).

Flow sitometri ışık mikroskopi ile kıyaslanınca çok daha fazla hücreyi daha kısa sürede inceleme fırsatı vermesiyle avantaj sağlamaktadır. Flow sitometri yöntemi ile 1 saniyede yaklaşık 500 hücre sayılabilir ve ortalama 10.000 hücreyi 20 saniyede analiz edebiliriz (Taneli, 2007).

Flow sitometri hücrelerin floresan detektörlerinden geçerken soğurduğu ışık miktarını temel alarak ploidi düzeyi ölçümü yapan bir sistemdir. Yöntemin geçmişi otomatik floresan yönteminin bulunmasına dayanır. Bu yöntemde genellikle parçalanmış yapraklar kullanılır. Yapraklar parçalama sırasında çekirdeklerini dışarı bırakırlar. Serbest kalan çekirdekler floresans boyalar ile boyanır ve bu şekilde çekirdek DNA miktarı belirlenir. Bu işlemde yaklaşık 10 bin hücre çekirdeğinin ortalama DNA yoğunluğu belirlenir. Ploidi seviyesi artan bitkinin içerdiği genetik materyalin fazla olması esasına göre bitkide ploidi seviyesi ölçümü yapılabilir. Bu sayede ploidi seviyeleri daha kesin ve net bir şekilde ortaya konur (Demirözoğlu, 2013).

1.4. Çalışmanın Amacı

Bu tez çalışmasının amacı; Türkiye ve diğer bazı ülkelere toplanmış, USDA-GRIN sisteminden temin edilen yulaf türlerine ait aksesyonların flow sitometri yöntemi ile çekirdek DNA içeriklerini belirlemek ve aksesyonların ploidi düzeyleri, safiyetlik dereceleri ve etiket bilgilerini teyit etmektir.

2. KAYNAK ARAŞTIRMASI

Bitkilerin sahip olduğu tüm kromozomlar hücre çekirdeğinde bulunmaktadır. Bu nedenle, çekirdek DNA miktarı ile ploidi düzeyi arasında sıkı bir doğrusal ilişki mevcuttur. Çekirdek DNA içeriğine göre ploidi analizi giderek yaygınlaşmaktadır. Bitkilerde çekirdek DNA miktarları feulgen mikrospektrofotometri ile belirlenmekteydi. Fakat günümüzde, kolaylığı, hızı ve hassasiyetinden dolayı flow sitometri ploidi analizleri ile DNA miktarları belirlenmektedir (Tuna ve ark. 2016).

Flow sitometri, kök uç kromozomu sayımından daha hızlı ve daha doğru ploidi seviyesi belirlenmesini sağladığı görülmüştür. Ploidi seviyesi belirlenmesi, araştırmacıların projelerine daha uygun bir şekilde gen kaynaklarının tespit etmelerini ve talep etmelerini sağlayacaktır. Ploidi seviyesini belirlemede kullanılan geleneksel yöntemler çok yavaş ve fazla iş gücü gerektirdiğinden dolayı çok sayıda örneğin ploidi seviyelerini belirlemede yeterince pratik ve kullanışlı değildir. Kromozomları küçük ve ploidi seviyesi yüksek olan türlerde kromozom saymanın zor olması hatalı sonuçlara ve sınıflandırmaya neden olabilmektedir (Brummer ve ark., 1999). Rayburn ve ark. (1989) yaptıkları çalışmada, flow sitometri yönteminin hızlı, güvenilir, kolay ve ucuz olmasından dolayı ploidi seviyesi belirlenmesinde bu yöntemi kullanmışlardır.

Flow sitometride numune hazırlama genellikle sadece birkaç dakika sürer ve pahalı reaktifler gerektirmez. Analiz hızlıdır ve kısa sürede temsili çekirdek sayıları ölçülebilir. Numuneler tipik olarak yalnızca birkaç on miligram bitki dokusundan hazırlanır; dolayısıyla yöntem genellikle tahribatsız ve küçük bireylerin analizi için uygundur. Ploidy tahmini için önemli bir avantaj ise bölünen hücreler içeren dokuların gerekli olmadığıdır. Çekirdeklerin tek tek ölçüldüğü gerçeği, eşzamansız olarak bölünen hücrelere sahip numunelerin analizini ve farklı DNA içerikleri olan alt popülasyonları tespit etmeyi kolaylaştırır (Dolezel ve ark. 2007).

DNA miktarı bir bitkinin hücreleri arasında ve aynı tür içindeki bireyler arasındaki değişiklikleri göstermez. Bu sebepten dolayı DNA miktarı türlere özeldir. DNA miktarı türe özel olmasından dolayı taksonomi, evrim ve moleküler genetik çalışmalarında kullanılan önemli bir parametredir. DNA miktarı C harfiyle gösterilir ve pikogram cinsinden ifade edilir. 1 pg 980 Mbp olarak dönüştürülebilir. Bir bitkinin hücreleri arasında ve aynı türün farklı bireyleri arasında genom başına çekirdek DNA miktarı sabit kalmaktadır. Bu nedenle çekirdek DNA miktarları türlere özel olmaktadır.

Bunun sonucunda çekirdek DNA'sı değerleri sitotaksonomi ve evrim çalışmaları için önemli bir temel bilgi oluşturmaktadır (Bennett ve Leitch, 1995).

Flow sitometri, bitkilerde nükleer genom boyutunun tahmini için yaygın olarak kullanılan uygun ve hızlı bir yöntemdir. Genel beklentilerin aksine, farklı laboratuvarlarda elde edilen sonuçlarda bazı çarpıcı tutarsızlıklar görülmüştür. Dolezel ve ark. (1998) yapmış oldukları çalışmada, yöntemlerin güvenilirliğini ve tekrarlanabilirliğini sınamayı amaçlamıştır. Nükleer DNA içeriği, genom boyutunun tipik bir aralığını temsil eden dokuz bitki türünde tahmin edilmiştir (2C = yaklaşık 03-30 pg DNA). Bu çalışmaya katılan dört laboratuvarın her biri, çekirdek izolasyonu için farklı bir tampon ve / veya prosedür kullanmıştır. İki laboratuvar lambayı kullanan aletleri kullanırken diğer ikisi lazer tabanlı aletleri kullanmıştır. Çekirdeklerin propidyum iyodür (bir DNA interkalatörü) ile lekelenmesinden sonra elde edilen sonuçlar, Feulgen yoğunluk ölçümü kullanılarak elde edilenlerle uyum sağlamıştır. Öte yandan, DAPI ile boyandıktan sonra elde edilen sonuçlar (tercihan AT zengini bölgelere bağlanma), Feulgen yoğunluk ölçümü kullanılarak elde edilenlerle aynı değildir. Bireysel enstrümanlarla elde edilen veriler arasında küçük ancak istatistiksel olarak anlamlı farklılıklar bulunmuştur. Aynı tipteki enstrümanlar arasındaki farklılıklar göz ardı edilebilirken, lambaya ve lazere dayalı enstrümanlar arasında daha büyük farklılıklar gözlemlenmiştir. Lazer enstrümanlarıyla elde edilen floresan yoğunluğunun oranları, lamba tabanlı sitometreler veya Feulgen yoğunluk ölçümü ile elde edilen oranlardan daha yüksektir. Bu çalışmada elde edilen sonuçlar, DNA ara bağlayıcıları ile flow sitometrinin, bitkilerde nükleer genom boyutunun tahmini için güvenilir bir yöntem olduğunu ortaya koymaktadır. Bununla birlikte, çalışma, standartlar üzerinde bir anlaşmaya acil bir ihtiyaç olduğunu doğrulamıştır. Farklı tipteki flow sitometreleri arasındaki küçük fakat sistematik farklılıklar göz önüne alındığında, genom boyutundaki çok küçük farkların analizi aynı laboratuvar ve aynı cihazı kullanarak yapılması gerekmektedir.

Özkan ve ark. (2010)'nın yaptıkları çalışmanın temel amacı, Türkiye'de son zamanlarda örneklenen diploid ve tetraploid yabancı buğday popülasyonlarında cinsiyetler arası ve cinsiyete bağlı genom boyut varyasyonlarının kapsamını değerlendirmek ve popülasyon başına ortalama genom boyutunun coğrafik ve biyoiklim değişkenleri ile korele olup olmadığını belirlemektir. Nükleer DNA içeriğini belirlemek için FCM tekniğini kullanmışlardır. Yapılan çalışmalar, FCM'nin *Triticeae* türlerinde ploidy seviyesini ve genom boyutunu belirlemek için başarılı bir şekilde

kullanılabileceğini göstermiştir. FCM için bilinen bir DNA içeriğine sahip standart seçimi, bilinmeyen örneklerin DNA içeriğini tam olarak tahmin etmek için önemlidir. Bu nedenle, bir iç referans standardı olarak arpa (*H. vulgare*, çeşit *Sladoran*, 5.325 pg / 1C) kullanmışlardır. Arpa, analiz edilen tüm buğday türleri için uygun bir DNA içeriğine sahip olduğu için seçilmiştir. Bu standardı kullanarak, FCM'nin yabancı buğday türlerinde küçük nükleer DNA miktarındaki farklılıkları saptamak için güvenilir ve oldukça hassas bir yöntem olduğunu bulmuşlardır. Bu çalışmada bulunan nükleer DNA içeriği (pg / 1C cinsinden), daha önce yayınlanan buğday değerleriyle uyumludur. Bununla birlikte, önceki çalışmalarla karşılaştırıldığında tutarsızlıklar gözlenmiştir (Özkan ve ark. 2010).

Demirözoğul (2013) yaptığı çalışmada flow sitometri metodu ile *Medicago* türüne ait bireylerin çekirdek koleksiyonlarının ploidi seviyelerinin tespit edilmesi amaçlanmıştır. Ayrıca koleksiyondaki populasyonların tohum durumları ve alttür temsili değerlendirilmiştir. Çalışma kapsamında 34 adet *M. falcata* aksesyonu değerlendirilmiş ve büyük çoğunluğunun tetraploid olduğu tespit edilmiştir. Toplam 189 adet yonca aksesyonuna ulaşılarak bunların ploidi düzeyleri flow sitometri ile tayin edilmiştir. Bu 189 aksesyondan 14 tanesinin (%7,5) diploid, 172 adetinin (%91) tetraploid olduğu gözlemlenmiştir. 3 aksesyonda ise (%1,5) aksesyon içi ploidi düzeyi varyasyonlarına rastlanmıştır.

ABD Tarım Bakanlığı Ulusal Bitki Genetik Kaynaklar Sistemi (USDA-GRIN) yoncanın bir genetik koleksiyonunu toplamıştır. Fakat bu büyük koleksiyon içerisinde populasyonların ploidi düzeyi genellikle bilinmemektedir. Bu durumda yapılan taksonomik ayrışma ise kesin olamamaktadır. Daha önce yapılan çalışmalarda birçok aksesyonun yanlış sınıflandırıldığı görülmüştür. Kaya (2010) yaptığı tez çalışmasında Türkiye’de yetişen *Medicago sativa subsp. varia*’nın ploidi düzeyleri ve DNA miktarlarının belirlenmesini amaçlamıştır. Bu çalışma yoncanın DNA miktarı ve flow sitometri kullanılarak yapılmış bilinen ilk karşılaştırmalı çalışmasıdır. Yapılan çalışmada tüm varieteler tetraploid çıkmıştır. Buda ploidi düzeyi seviyesinde populasyonların doğru olarak tasniflendiğini göstermektedir. Ploidi düzeyi tespitinin en büyük katkısı yoncanın tetraploid olduğunun doğrulanması ve ıslah programlarında kullanılabilmelerinin önü açılmıştır. Daha önce kromozom seviyesinde yapılmış çalışmalarda eşit ploidi seviyelerinde kromozom bantlanma figürlerinde ve kromozom boyutlarında değişiklikler rapor edilmiştir. Bu değişikliklerin DNA miktarına

yansımasının araştırılması altt r d zeyinde DNA miktarındaki (varsa) deęiřiklik i in aydınlatıcı olacaktır (Kaya 2010).

Avena cinsi tanınmıř t rlerin  oęunda bildirilen genom boyutları, bu  nemli t rler arasındaki evrimsel iliřkilerin daha fazla karakterize edilmesine yardımcı olmak i in tutarlı ve g venilir benchmarklar saęlamalıdır. Dahası, bu tahminler, gelecek haritalama ve genom sıralandırma  abalarının planlanmasını ve kalibrasyonunu kolaylařtıracaktır. *Avena* cinsinde  nemli  eřitlilięin pek  ok ulusal germplaz koleksiyonunda korunmuř olması řanslıdır, ancak bazı t rlerin  yelik sayısı olduk a sınırlıdır. *Avena* cinsinde  eřitlilięin daha fazla karakterize edilmesi, gelecekteki verilerin toplanması, korunması ve kullanımı ile ilgili kararlar alınması i in gereklidir. Yan ve ark. (2016) yaptıęı  alıřmada *Avena*'nın 26 t r nden 99 katılımda genom b y kl ę nde kesin tahminlemeler incelenmiřtir.  alıřmada C genom diploid t r nde ($2C = 10.26$ pg) ortalama genom b y kl ę n n A genom t r nden ($2C = 8.95$ pg) %15 daha b y k olduęu ispatlanmıřtır. Bu muhtemel farklılıklar AB <AC<CC (sırasıyla ortalama $2C = 16.76, 18.60$ and 21.78 pg) tetraploid t rler arasındaki b y kl klerin ilerlemesi i in hesaplanmıřtır. ACD genom řekilleri ile 3 hekzaploid t r den t m katılımların ortalama $2C=25.74$ pg genom b y kl ę ne sahip olduęu tespit edilmiřtir. Genom b y kl ę   oęunlukla t rlerde tutarlıdır. Sonu  olarak *Avena*'da poliploid t rlerin  oęu diploid atalarıyla baęlantılı genom k   lmesi olarak tecr be edilmiřtir. Genom b y kl ę   l   m  gen kaynakları koleksiyonlarında t rlerin kimlik saptaması i in ilaveten kalite kontrol saęlayabilir.  zellikle her durumda diploid ve poliploid t rler benzer morfolojilere sahiptir (Yan ve ark. 2016).

3. MATERYAL VE YÖNTEM

3.1. Materyal

3.1.1. Bitkilerin yetiştirilmesi

Dördü Türkiye’de bulunan toplam 13 farklı *Avena* türüne ait tohumlar ABD Tarım Bakanlığı Ulusal Bitki Genetik Kaynaklar Sistemi (USDA-GRIN) koleksiyonundan temin edilmiştir. Tohumlar torf kullanılarak multipodlara ekilmiş ve günlük kontrolleri yapılmıştır. Çalışma kontrolsüz sera (plastik sera) şartlarında yürütülmüştür. Çalışmada kullanılan *Avena* cinsine ait aksesyonların numaraları ve kullanılan bitki sayısı Çizelge 3.1.’de verilmiştir.

Çizelge 3.1. Çalışmada kullanılan *Avena* cinsine ait aksesyonlar

Tur	Aksesyon No	Ploidi seviyesi	2C değeri (pg DNA)	Standart Sapma	T*Sx	Alt Üst Sınır	
						Alt	Ust
<i>A. brevis</i>	PI 83719	2n=2x	12.36	0.13	0.15	12.21	12.49
<i>A. brevis</i>	PI 158204	2n=2x	12.39	0.15	0.18	12.21	12.54
<i>A. brevis</i>	PI 258542	2n=2x	12.41	0.07	0.08	12.33	12.48
<i>A. brevis</i>	PI 266826	2n=2x	12.42	0.14	0.16	12.26	12.56
<i>A. brevis</i>	PI 258544	2n=2x	12.48	0.07	0.08	12.40	12.55
<i>A. brevis</i>	PI 258545	2n=2x	12.48	0.17	0.20	12.28	12.65
<i>A. brevis</i>	PI 258543	2n=2x	12.48	0.17	0.20	12.28	12.65
<i>A. brevis</i>	PI 573533	2n=2x	12.49	0.17	0.19	12.29	12.66
<i>A. brevis</i>	PI 119009	2n=2x	12.53	0.08	0.09	12.44	12.61
<i>A. hirtula</i>	PI 657464	2n=2x	16.16	0.34	0.39	15.77	16.5
<i>A. longiglumis</i>	Clav 9071	2n=2x	8.70	0.28	0.32	8.38	8.97
<i>A. longiglumis</i>	Clav 9087	2n=2x	8.80	0.21	0.24	8.57	9.01
<i>A. longiglumis</i>	PI 282730	2n=2x	8.92	0.27	0.31	8.61	9.19
<i>A. longiglumis</i>	PI 367390	2n=2x	8.96	0.23	0.27	8.69	9.19
<i>A. longiglumis</i>	Clav 9089	2n=2x	9.02	0.1	0.11	8.91	9.11
<i>A. longiglumis</i>	Clav 9088	2n=2x	9.08	0.55	0.63	8.45	9.63
<i>A. nuda</i>	Clav 9008	2n=2x	8.58	0.2	0.23	8.35	8.79
<i>A. nuda</i>	Clav 9010	2n=2x	8.74	0.48	0.55	8.19	9.22

Çizelge 3.2. Çalışmada kullanılan *Avena* cinsine ait aksesyonlar (Devam)

Tur	Aksesyon No	Ploidi seviyesi	2C değeri (pg DNA)	Standart Sapma	T*Sx	Alt Üst Sınır	
						Alt	Üst
<i>A. nuda</i>	Clav 9009	2n=2x	8.78	0.25	0.28	8.50	9.03
<i>A. nuda</i>	Clav 9047	2n=2x	8.93	0.36	0.42	8.51	9.29
<i>A. nuda</i>	PI 401795	2n=2x	9.00	0.36	0.41	8.59	9.36
<i>A. strigosa</i>	Clav 1782	2n=2x	8.61	0.55	0.64	7.97	9.16
<i>A. strigosa</i>	Clav 7280	2n=2x	8.61	0.17	0.19	8.41	8.78
<i>A. strigosa</i>	Clav 2520	2n=2x	8.64	0.36	0.42	8.22	9
<i>A. strigosa</i>	Clav 5082	2n=2x	8.67	0.08	0.09	8.59	8.75
<i>A. strigosa</i>	PI 131695	2n=2x	8.74	0.23	0.27	8.47	8.98
<i>A. strigosa</i>	Clav 2514	2n=2x	8.76	0.03	0.04	8.73	8.79
<i>A. ventricosa</i>	PI 657337	2n=2x	9.76	0.08	0.09	9.67	9.84
<i>A. ventricosa</i>	PI 657338	2n=2x	9.81	0.17	0.20	9.61	9.98
<i>A. abyssinica</i>	PI 411306	2n=4x	16.37	0.24	0.27	16.09	16.61
<i>A. abyssinica</i>	PI 411169	2n=4x	16.41	0.14	0.16	16.26	16.55
<i>A. abyssinica</i>	PI 411313	2n=4x	19.17	4.56	5.25	13.92	23.73
<i>A. abyssinica</i>	PI 411314	2n=4x	24.98	0.25	0.28	24.7	25.23
<i>A. abyssinica</i>	PI 411150	2n=4x	25.48	0.19	0.22	25.27	25.67
<i>A. barbata</i>	PI 377777	2n=4x	12.83	0.06	0.07	12.76	12.89
<i>A. barbata</i>	PI 377779	2n=4x	12.91	0.09	0.10	12.8	13
<i>A. barbata</i>	PI 337774	2n=4x	16.25	0.20	0.23	16.03	16.45
<i>A. barbata</i>	PI 411376	2n=4x	16.55	0.24	0.28	16.27	16.8
<i>A. barbata</i>	PI 411374	2n=4x	16.90	0.13	0.14	16.75	17.02
<i>A. murphyi</i>	PI 657382	2n=4x	18.51	0.43	0.49	18.02	18.94
<i>A. murphyi</i>	PI 657356	2n=4x	18.58	0.12	0.14	18.43	18.7
<i>A. murphyi</i>	PI 657355	2n=4x	18.59	0.04	0.05	18.54	18.63
<i>A. murphyi</i>	PI 657381	2n=4x	18.59	0.28	0.32	18.27	18.87
<i>A. murphyi</i>	PI 657383	2n=4x	18.71	0.08	0.09	18.62	18.78
<i>A. vaviloviana</i>	PI 412733	2n=4x	16.33	0.11	0.12	16.21	16.43
<i>A. vaviloviana</i>	PI 412760	2n=4x	16.43	0.08	0.09	16.34	16.51
<i>A. vaviloviana</i>	PI 412753	2n=4x	16.44	0.03	0.03	16.4	16.47
<i>A. vaviloviana</i>	PI 412761	2n=4x	16.45	0.35	0.41	16.04	16.8
<i>A. vaviloviana</i>	PI 412736	2n=4x	16.69	0.26	0.30	16.4	16.95
<i>A. fatua</i>	PI 411470	2n=6x	25.34	0.26	0.30	25.04	25.6
<i>A. fatua</i>	PI 411471	2n=6x	25.40	0.47	0.54	24.86	25.87
<i>A. fatua</i>	PI 411476	2n=6x	25.95	0.61	0.71	25.25	26.57

Çizelge 3.2. Çalışmada kullanılan *Avena* cinsine ait aksesyonlar (Devam)

Tur	Aksesyon No	Ploidi seviyesi	2C değeri (pg DNA)	Standart Sapma	T*S x	Alt Üst Sınır	
						Alt	Üst
<i>A. fatua</i>	PI 411477	2n=6x	26.09	0.77	0.8	25.2	26.85
<i>A. fatua</i>	PI 411472	2n=6x	26.15	0.76	0.8	25.28	26.91
<i>A. sativa</i>	PI 411402	2n=6x	25.81	0.33	0.3	25.43	26.14
<i>A. sativa</i>	PI 411414	2n=6x	25.86	0.52	0.6	25.26	26.38
<i>A. sativa</i>	PI 411415	2n=6x	25.95	0.17	0.1	25.75	26.12
<i>A. sativa</i>	PI 411401	2n=6x	26.30	0.18	0.2	26.1	26.48
<i>A. sativa</i>	PI 411407	2n=6x	26.40	0.44	0.5	25.9	26.84
<i>A. sterilis</i>	PI 412601	2n=6x	25.76	0.27	0.3	25.44	26.03
<i>A. sterilis</i>	PI 412572	2n=6x	25.93	0.22	0.2	25.68	26.14
<i>A. sterilis</i>	PI 412571	2n=6x	26.14	0.32	0.3	25.77	26.46
<i>A. sterilis</i>	PI 412595	2n=6x	26.31	0.31	0.3	25.95	26.62
<i>A. sterilis</i>	PI 412590	2n=6x	26.54	0.30	0.3	26.2	26.84

3.2. Yöntem

3.2.1. Flow sitometri analizi

Aksesyonların çekirdek DNA içerikleri analizleri, Namık Kemal Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkileri Bölümü Sitogenetik Laboratuvarı'nda bulunan flow sitometri cihazı ve FloMax analiz programı (Partec, Münster, Almanya) kullanılarak yapılmıştır. Çekirdek DNA analizi serada yetişmekte olan (3-4 haftalık) bitkilerden elde edilen taze yaprak dokuları kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Analizler her aksesyon için 3 bitki üzerinde ayrı ayrı yapılmış ve aksesyon ortalaması hesaplanmıştır. Analizlerde $3.65 \text{ pg}2\text{C}^{-1}$ çekirdek DNA içeriğine sahip *Vicia sativa* ve $10.7 \text{ pg}2\text{C}^{-1}$ çekirdek DNA içeriğine sahip *Hordeum vulgare* standart olarak kullanılmıştır. Analizlerde PARTEC firmasının hazır kitleri kullanılmış ve üretici firmanın protokolü takip edilmiştir. Analizlerde şu aşamalar takip edilmiştir;

1-Standart ve örnek bitkiden alınan yaprak dokuları (yaklaşık olarak 0.5 cm^2 büyüklüğünde) petri kabına konularak üzerilerine 500 μl çıkartma tamponu ilave edilmiştir [dokular 1 (örnek)/ 2,5 (*Vicia sativa*) ve 1 (örnek)/ 2 (*Hordeum vulgare*) oranında alınmıştır]

2-Dokular, keskin jilet ile küçük parçalara ayrılana kadar (30-60 saniye) parçalanıp hazırlanan örnek, petri kabı içerisinde 15-20 saniye çalkalandıktan sonra 30-40 saniye petri kabında bekletilmiştir (Şekil 3.1.).



Şekil 3.1. Aksesyonların petri kabında kesilip parçalandıktan sonra bekletilmesi

3-Örnek, 30 µm CellTrics filtre kullanılarak tüp içerisine süzülür ve üzerine önceden hazırlanmış renklendirme solüsyonu (2ml) eklenerek karanlık ortamda 30-60 dakika inkübe edildikten sonra inkübasyon sonunda örnekler flow sitometri cihazında analiz edilmiştir (Şekil 3.2.).



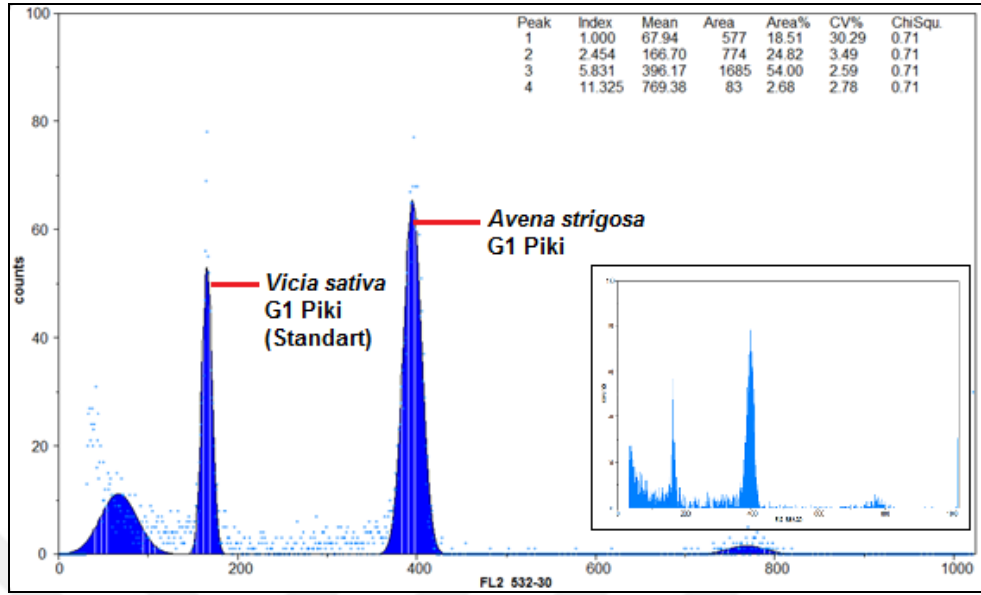
Şekil 3.2. Örneklerin CellTrics filtrelerden süzülmesi renklendirme solüsyonu eklenmesi karanlıkta inkübe edilmesi ve flow sitometride analiz edilmesi

4- Renklendirme solüsyonun hazırlanması: Çalışmaya başlamadan önce her bir örnek için 2 ml renklendirme tamponu, 6µl RNase stok solüsyonu ve 12 µl PI (Propidium Iodide) stok solüsyonu karıştırılarak renklendirme solüsyonu hazırlanmıştır.

3.2.2. Aksesyonların çekirdek DNA içeriklerinin hesaplanması:

Çekirdek DNA içeriği mutlak olarak belirlenmek istendiğinde; örneğin DNA içeriği, DNA içeriği bilinen bir standart bitki ile kıyaslanır. Bu durumda standart bitkinin dokularıda analiz edilecek örneğe ait dokular ile birlikte aynı anda hazırlanır. Bu şekilde hazırlanmış bir örnek analiz edildiğinde elde edilecek olan flow histogramda 4 pik gözlenir. Bu piklerden ikisi analiz edilen örneğe diğer ikisi de standart bitkiye aittir. Piklerin hangilerinin örneğe hangilerinin standarda ait olduğunu saptamak için

örnek ile standardın dokularından hazırlanmış numuneler önce ayrı olarak analiz edilir ve piklerin yerleri gözlenir.



Şekil 3.3. *Avena strigosa* ile standart olarak kullanılan *Vicia sativa* bitkilerine ait G1 piklerinin birbirine göre pozisyonları.

Bir örneğin mutlak çekirdek DNA içeriği, örnek ile seçilen standardın G1 piklerinin floresan yoğunluklarına ait değerler kullanılarak aşağıdaki formül aracılığıyla pikogram olarak hesaplanır.

$$\text{DNA miktarı} = \frac{\text{Örnek bitkinin floresans yoğunluğu}}{\text{Standart bitkinin floresans yoğunluğu}} \times \text{standart bitkinin DNA içeriği}$$

Histogram üzerindeki değerler formülde yerine konduğunda

$$\text{Örnek DNA içeriği (Avena strigosa)} = (396.17 / 166.70) \times 3.65 = 8.67 \text{ pg/2C DNA}$$

3.2.3. İstatistik Analiz

Çalışmada kullanılan *Avena* aksesyonlarına ait elde edilen floresan değerlerinin istatistik analizi Çizelge 3.1.'de verilmiştir.

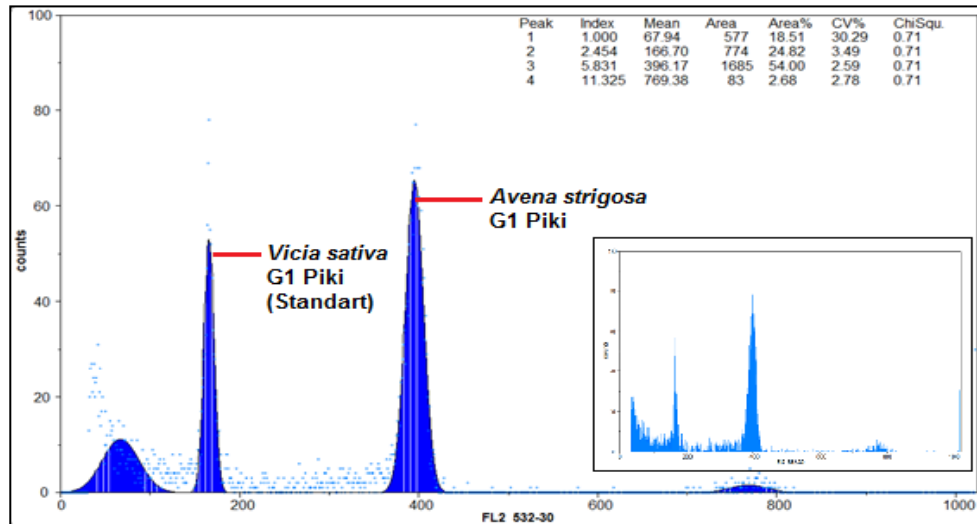
4. BULGULAR VE TARTIŞMA

Flow sitometri analizleri sonucunda; *Avena* cinsinden 13 türe ait olan aksesyonların çekirdek DNA içeriklerinin 8.61 – 26.54 pg/2C arasında değiştiği belirlenmiştir. Türler gere sonular incelendiğinde;

-***Avena strigosa***: alıřmada bu türe ait 6 aksesyonun herbirinden 3'er bitkinin çekirdek DNA içeriğı analiz edilmiř ve ortalaması alınmıřtır. Analiz sonucunda; *A. strigosa* türünün çekirdek DNA içeriğinin 8.61 – 8.76 pg/2C (ort.: 8.68 pg/2C) arasında deėiřtiğı ve türe ait tüm aksesyonların ploidi düzeylerinin diploid (2n= 14) olduėu belirlenmiřtir (izelge 4.1.). Flow sitometri analizlerinde elde edilen pik örneğı řekil 4.1.'de verilmiřtir.

izelge 4.1. *Avena strigosa* aksesyonlarının çekirdek DNA içerikleri (pg/2C) ve ploidi düzeyleri

Sıra No:	ekirdek DNA İeriğı (pg/2c)					Kromozom sayısı	Ortalama ± Standart Sapma
	Akses. No:	1. Bitki	2. Bitki	3. Bitki	Ort.		
1	Clav 1782	7,99	8,78	9,06	8.61	2n=2x=14	8.61±0.55
2	Clav 2514	8,79	8,73	8,77	8,76	2n=14	
3	Clav 2520	8,25	8,96	8,71	8,64	2n=14	
4	PI 131695	8,48	8,93	8,82	8,74	2n=14	
5	Clav 5082	8,67	8,75	8,60	8,67	2n=14	
6	Clav 7280	8,49	8,80	8,53	8,61	2n=14	
Maksimum: 8.76 pg/2C Minimum: 8.61 pg/2C Ortalama: 8.68 pg/2C							

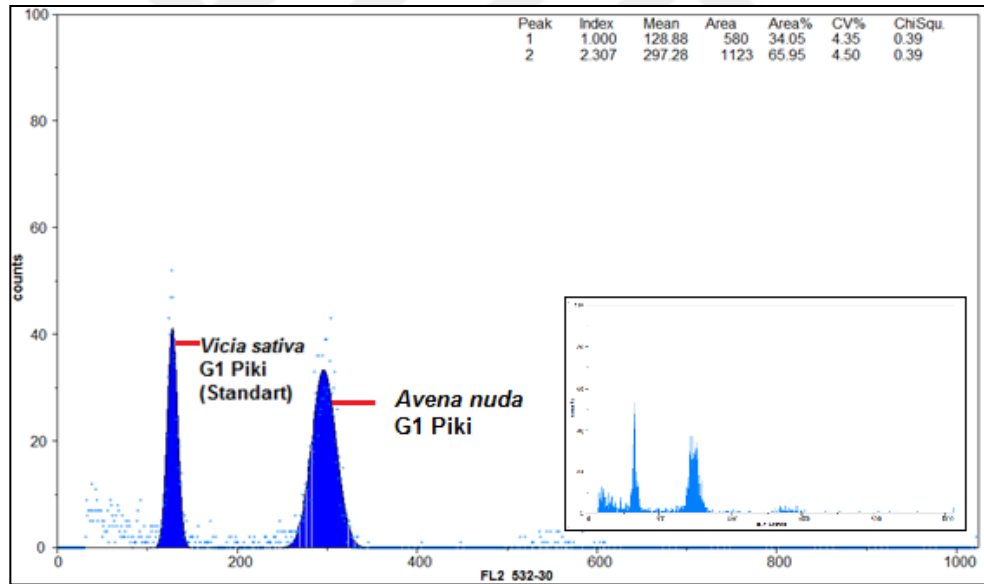


řekil 4.1. *Avena strigosa* ile standart olarak kullanılan *Vicia sativa* bitkilerine ait G1 piklerinin birbirine göre pozisyonları

-Avena nuda: İncelenen 5 aksesyona ait örneklerin (her aksesyondan 3 bitki) çekirdek DNA içeriklerinin 8.58 – 9.00 pg /2C (ort.: 8.80 pg/2C) arasında değiştiği belirlenmiştir (Çizelge 4.2.). Çalışmada materyal olarak kullanılan bu türe ait aksesyonların tümünün ploidi düzeyi diploid ($2n=14$) olarak tespit edilmiştir. Aksesyonlara ait flow sitometri analizlerinde edlde edilen pik örneği Şekil 4.2.’de verilmiştir.

Çizelge 4.2. *Avena nuda* aksesyonlarının çekirdek DNA içerikleri (pg/2C) ve ploidi düzeyleri

Sıra No:	Çekirdek DNA İçeriği (pg/2c)					Kromozom sayısı	Ploidi
	Akses. No:	1. Bitki	2. Bitki	3. Bitki	Ort.		
1	Clav 9008	8,35	8,70	8,70	8,58	$2n=14$	Diploid
2	Clav 9009	8,50	8,96	8,88	8,78	$2n=14$	Diploid
3	Clav 9010	8,27	8,72	9,23	8,74	$2n=14$	Diploid
4	Clav 9047	9,34	8,78	8,66	8,93	$2n=14$	Diploid
5	PI 401795	8,81	9,41	8,78	9,00	$2n=14$	Diploid
Maksimum: 9.00 pg/2C Minimum: 8.58PG/2C Ortalama: 8.80 pg/2C							

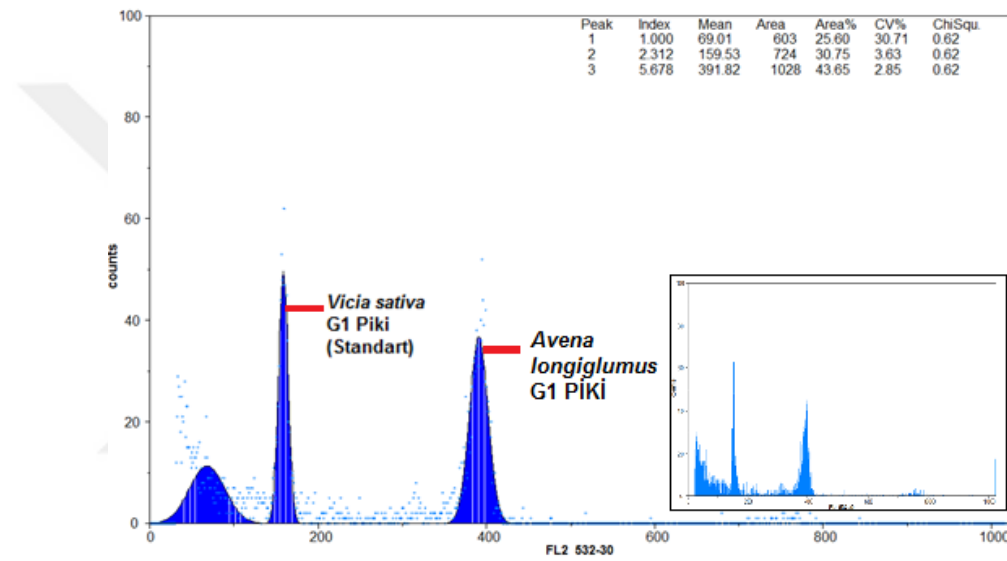


Şekil 4.2. *Avena nuda* ile standart olarak kullanılan *Vicia sativa* bitkilerine ait G1 piklerinin birbirine göre pozisyonları

- Avena longiglumis: Çalışmada türe ait 6 aksesyonun her birinden 3 bitki analiz edilmiş ve ortalaması alınmıştır. Flow sitometri analizleri sonucunda; aksesyonların çekirdek DNA içeriklerinin 8.70 – 9.08 pg/2C (ort.: 8.91 pg/2C) arasında değiştiği ve aksesyonların ploidi düzeylerinin diploid ($2n=14$) olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.3.). Aksesyonlara ait pik örneği Şekil 4.3.’de verilmiştir.

Çizelge 4.3. *Avena longiglumis* aksesyonlarının çekirdek DNA içerikleri (pg/2C) ve ploidi düzeyleri

Sıra No:	Çekirdek DNA İçeriği (pg/2c)					Kromozom sayısı	Ploidi
	Akses. No:	1. Bitki	2. Bitki	3. Bitki	Ort.		
1	Clav 9071	8,42	8,97	8,70	8,70	2n=14	Diploid
2	Clav 9087	9,01	8,80	8,60	8,80	2n=14	Diploid
3	Clav 9088	8,96	9,68	8,60	9,08	2n=14	Diploid
4	Clav 9089	9,11	8,92	9,02	9,02	2n=14	Diploid
5	PI 282730	8,61	9,08	9,08	8,92	2n=14	Diploid
6	PI 367390	8,95	9,19	8,73	8,96	2n=14	Diploid
Maksimum: 9.08 pg/2C Minimum: 8.70 pg/2C Ortalama: 8.91 pg/2C							

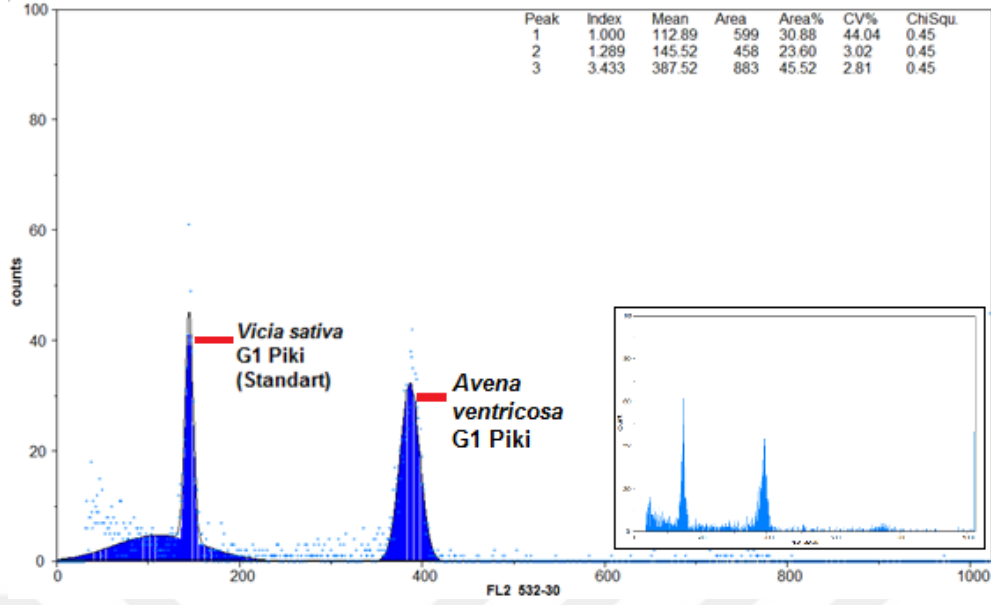


Şekil 4.3. *Avena longiglumis* ile standart olarak kullanılan *Vicia sativa* bitkilerine ait G1 piklerinin birbirine göre pozisyonları

-Avena ventricosa: Bu türe ait 2 aksesyon incelenmiştir. Her aksesyondan 3 bitki flow sitometri ile analiz edilmiş ve çekirdek DNA içeriklerinin 9.76 – 9.81 pg/2C (ort.: 9.79 pg/2C) arasında değiştiği belirlenmiştir (Çizelge 4.4.). Aksesyonların ploidi düzeyleri ise diploiddir (2n=14). Flow sitometri analizlerinde elde edilen piklerden Şekil 4.4.’de bir örnek verilmiştir.

Çizelge 4.4. *Avena ventricosa* aksesyonlarının çekirdek DNA içerikleri (pg/2C) ve ploidi düzeyleri

Sıra No:	Çekirdek DNA İçeriği (pg/2c)					Kromozom sayısı	Ploidi
	Akses. No:	1. Bitki	2. Bitki	3. Bitki	Ort.		
1	PI 657337	9,85	9,71	9,72	9,76	2n=14	Diploid
2	PI 657338	10,00	9,75	9,67	9,81	2n=14	Diploid

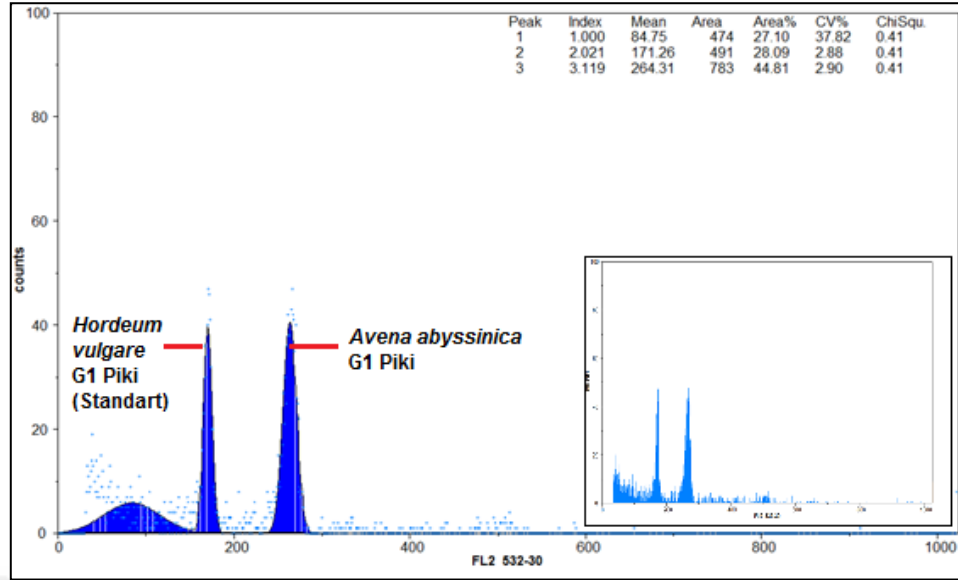


Şekil 4.4. *Avena ventricosa* ile standart olarak kullanılan *Vicia sativa* bitkilerine ait G1 piklerinin birbirine göre pozisyonları

- *Avena abyssinica*: Çalışmada incelenen 5 aksesyonun çekirdek DNA içeriklerinin 16.37 – 25.48 pg/2C arasında değiştiği belirlenmiştir. PI 411169 ve PI 411306 aksesyonlarının çekirdek DNA içeriklerinin 16.37 – 16.41 pg/2C arasında değiştiği ve aksesyonların ploidi düzeylerinin tetraploid ($2n=28$) olduğu belirlenmiştir. PI 411150 ve PI 411314 aksesyonlarının çekirdek DNA içeriklerinin 24.98 – 25.48 pg/2C arasında değiştiği ve ploidi düzeylerinin hekzaploid ($2n=42$) olduğu, PI 411313 no'lu aksesyonun ise ploidi düzeyinin ise karışık (tetraploid ve hekzaploid) olduğu tespit edilmiştir. Türe ait örneklerden elde edilen flow sitometri piklerine Şekil 4.5.'de örnek verilmiştir.

Çizelge 4.5. *Avena abyssinica* aksesyonlarının çekirdek DNA içerikleri (pg/2C) ve ploidi düzeyleri

Sıra No:	Çekirdek DNA İçeriği (pg/2c)					Kromozom sayısı	Ploidi
	Akses. No:	1. Bitki	2. Bitki	3. Bitki	Ort.		
1	PI 411150	25,36	25,70	25,39	25,48	$2n=42$	Hekzaploid
2	PI 411169	16,39	16,29	16,56	16,41	$2n=28$	Tetraploid
3	PI 411306	16,10	16,44	16,56	16,37	$2n=28$	Tetraploid
4	PI 411313	24,43	16,54	16,54	19,17	$2n=42$ $2n=28$	Hekzaploid/ Tetraploid
5	PI 411314	25,15	24,70	25,10	24,98	$2n=42$	Hekzaploid

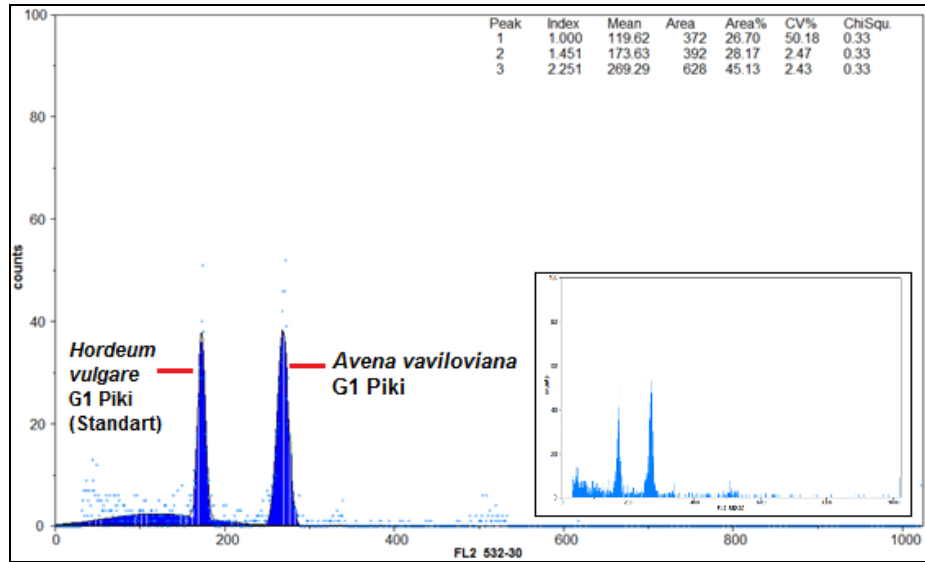


Şekil 4.5. *Avena abyssinica* ile standart olarak kullanılan *Hordeum vulgare* bitkilerine ait G1 piklerinin birbirine göre pozisyonları

-*Avena vaviloviana*: Flow sitometri analizlerinde türe ait 5 aksesyonun her birinden 3'er bitki analiz edilmiş ve ortalamaları alınmıştır. Analizler sonucunda; aksesyonların çekirdek DNA içeriklerinin 16.33- 16.69 pg/2C (ort.: 16.48 pg/2C) arasında değiştiği ve aksesyonların ploidi düzeylerinin tetraploid ($2n= 24$) olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.6.). Analizlerde elde edilen aksesyonlara ait piklere Şekil 4.6.'da örnek verilmiştir.

Çizelge 4.6. *Avena vaviloviana* aksesyonlarının çekirdek DNA içerikleri (pg/2C) ve ploidi düzeyleri

Sıra No:	Çekirdek DNA İçeriği (pg/2c)					Kromozom sayısı	Ploidi
	Akses. No:	1. Bitki	2. Bitki	3. Bitki	Ort.		
1	PI 412733	16,22	16,43	16,33	16,33	2n=28	Tetraploid
2	PI 412736	16,97	16,65	16,46	16,69	2n=28	Tetraploid
3	PI 412753	16,42	16,47	16,42	16,44	2n=28	Tetraploid
4	PI 412760	16,38	16,52	16,39	16,43	2n=28	Tetraploid
5	PI 412761	16,05	16,58	16,72	16,45	2n=28	Tetraploid
Maksimum: 16.69 pg/2C Minimum: 16.33pg/2C Ortalama: 16.48 pg/2C							

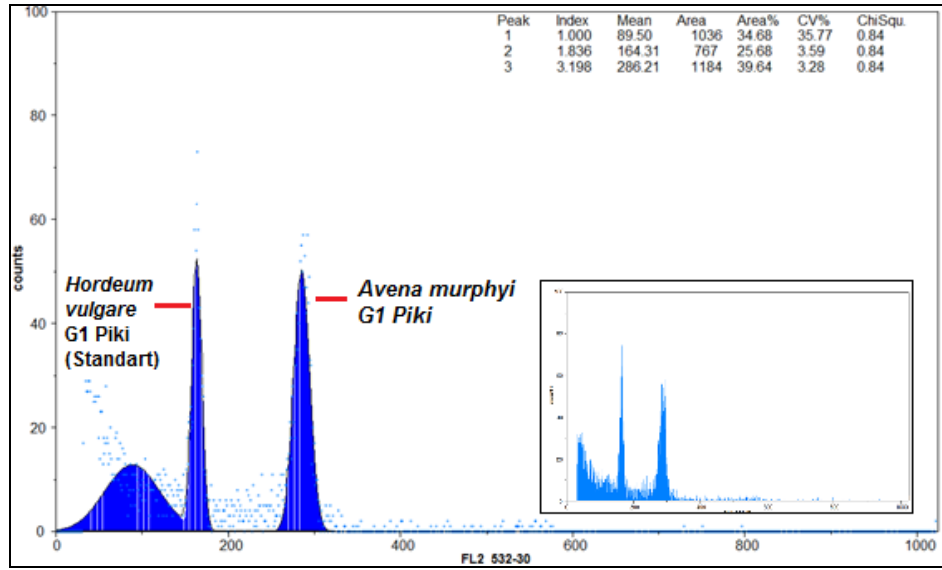


Şekil 4.6. *Avena vaviloviana* ile standart olarak kullanılan *Hordeum vulgare* bitkilerine ait G1 piklerinin birbirine göre pozisyonları

- ***Avena murphyi*:** Çalışmada bu türe ait 5 aksesyon incelenmiştir. Yapılan flow sitometri analizlerinde aksesyonların çekirdek DNA içeriklerinin 18.51 – 18.71 pg/2C (ort.: 18.6 pg/2C) arasında değiştiği ve aksesyonların ploidi düzeylerinin tetraploid ($2n=28$) olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.7.). Aksesyonlara ait flow sitometri piklerine Şekil 4.7.’de örnek verilmiştir.

Çizelge 4.7. *Avena murphyi* aksesyonlarının çekirdek DNA içerikleri (pg/2C) ve ploidi düzeyleri

Sıra No:	Çekirdek DNA İçeriği (pg/2c)					Kromozom sayısı	Ploidi
	Akses. No:	1. Bitki	2. Bitki	3. Bitki	Ort.		
1	PI 657355	18,63	18,55	18,59	18,59	$2n=28$	Tetraploid
2	PI 657356	18,44	18,68	18,61	18,58	$2n=28$	Tetraploid
3	PI 657381	18,47	18,40	18,91	18,59	$2n=28$	Tetraploid
4	PI 657382	18,02	18,69	18,82	18,51	$2n=28$	Tetraploid
5	PI 657383	18,78	18,63	18,71	18,71	$2n=28$	Tetraploid
Maksimum:18.71 pg/2C Minimum: 18.51 pg/2C Ortalama: 18.6 PG/2C							

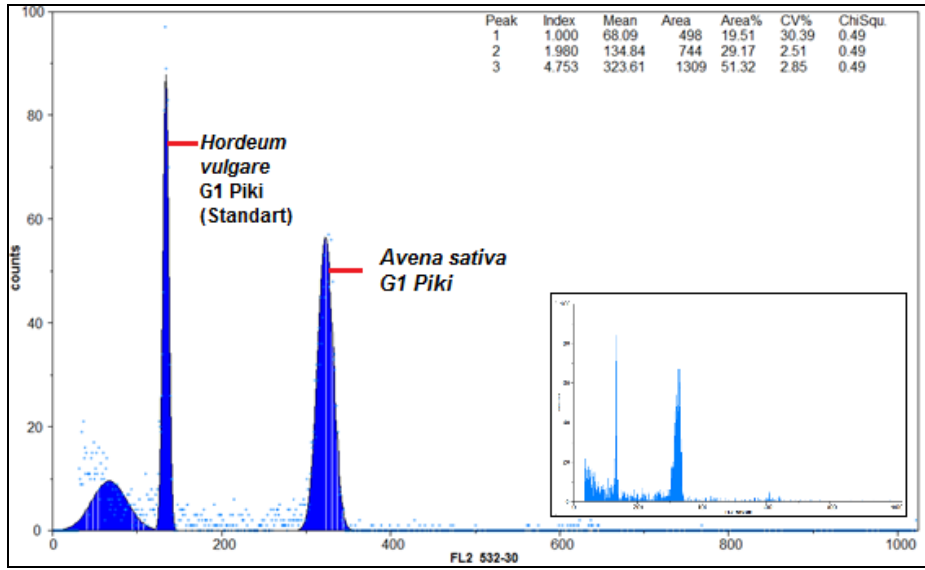


Şekil 4.7. *Avena murphyi* ile standart olarak kullanılan *Hordeum vulgare* bitkilerine ait G1 piklerinin birbirine göre pozisyonları

- ***Avena sativa***: Flow sitometri analizlerinde bu türe ait 5 aksesyon ve her aksesyondan 5 bitki incelenmiştir. Analiz sonucunda; aksesyonların çekirdek DNA içeriklerinin 25.81 – 26.4 pg/2C (26.08 pg/2C) arasında değiştiği ve tüm aksesyonların ploidi düzeylerinin hekzaploid ($2n=42$) olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.8.). Yapılan analizlerde elde edilen piklere Şekil 4.8.'de örnek verilmiştir.

Çizelge 4.8. *Avena sativa* aksesyonlarının çekirdek DNA içerikleri (pg/2C) ve ploidi düzeyleri

No	Aksesyon	Çekirdek DNA İçeriği (pg/2C)						Krom. sayısı	Ploidi
		1. Bitki	2. Bitki	3. Bitki	4. Bitki	5. Bitki	Ort.		
1	PI 411401	26,38	26,18	26,54	26,33	26,09	26,30	$2n=42$	Hekzaploid
2	PI 411402	26,31	25,93	25,63	25,75	25,43	25,81	$2n=42$	Hekzaploid
3	PI 411407	25,87	26,45	26,97	26,65	26,08	26,40	$2n=42$	Hekzaploid
4	PI 411414	25,48	26,03	26,48	26,13	25,18	25,86	$2n=42$	Hekzaploid
5	PI 411415	26,04	26,17	25,84	25,74	25,95	25,95	$2n=42$	Hekzaploid
Maksimum: 26.4pg/2C		Minimum: 25.81pg/2C					Ortalama: 26.08pg/2C		

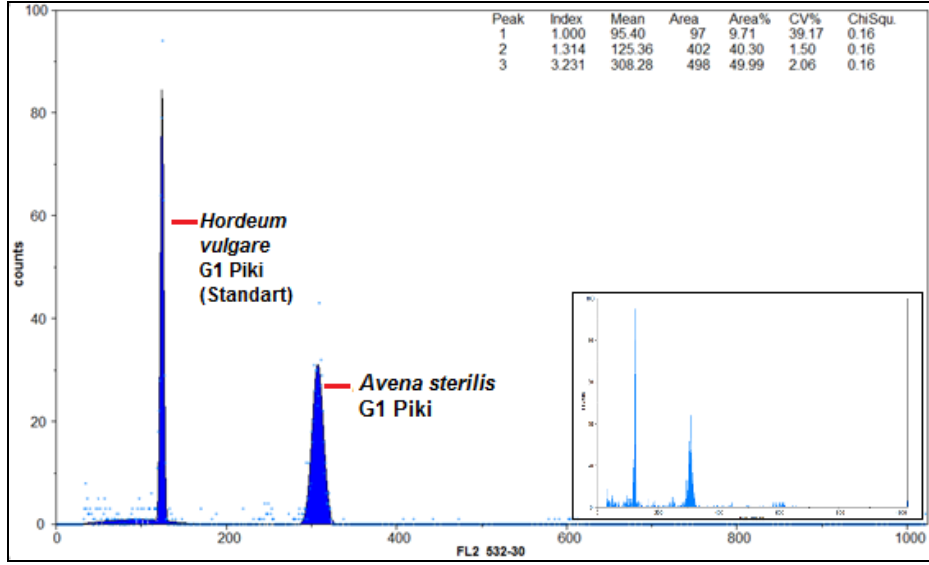


Şekil 4.8. *Avena sativa* ile standart olarak kullanılan *Hordeum vulgare* bitkilerine ait G1 piklerinin birbirine göre pozisyonları

- *Avena sterilis*: Çalışmada bu türe ait 5 aksesyonundan 5'er bitki flow sitometri analizinde kullanılmış ve elde edilen değerlerin ortalaması alınmıştır. Analiz sonucunda aksesyonların çekirdek DNA içeriklerinin 25.62 – 26.54 pg/2C (ort.: 26.10 pg/2C) arasında değiştiği ve tüm aksesyonların ploidi düzeylerinin hekzaploid ($2n=42$) olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.9.). Flow sitometri analizlerinde aksesyonlara ait piklere örnek Şekil 4.9.'da verilmiştir.

Çizelge 4.9. *Avena sterilis* aksesyonlarının çekirdek DNA içerikleri (pg/2C) ve ploidi düzeyleri

No	Aksesyon	Çekirdek DNA İçeriği (pg/2C)						Krom. sayısı	Ploidi
		1. Bitki	2. Bitki	3. Bitki	4. Bitki	5. Bitki	Ort.		
1	PI 412571	26,39	26,43	25,85	26,28	25,74	26,14	$2n=42$	Hekzaploid
2	PI 412572	25,86	26,15	26,1	25,91	25,61	25,93	$2n=42$	Hekzaploid
3	PI 412590	26,64	26,79	26,61	26,64	26,02	26,54	$2n=42$	Hekzaploid
4	PI 412595	26,84	26,16	26,09	26,13	26,31	26,31	$2n=42$	Hekzaploid
5	PI 412601	25,34	25,96	25,95	25,91	25,62	25,62	$2n=42$	Hekzaploid
Maksimum: 26.54 pg/2C		Minimum: 25.62pg /2C					Ortalama: 26.10 pg/2C		

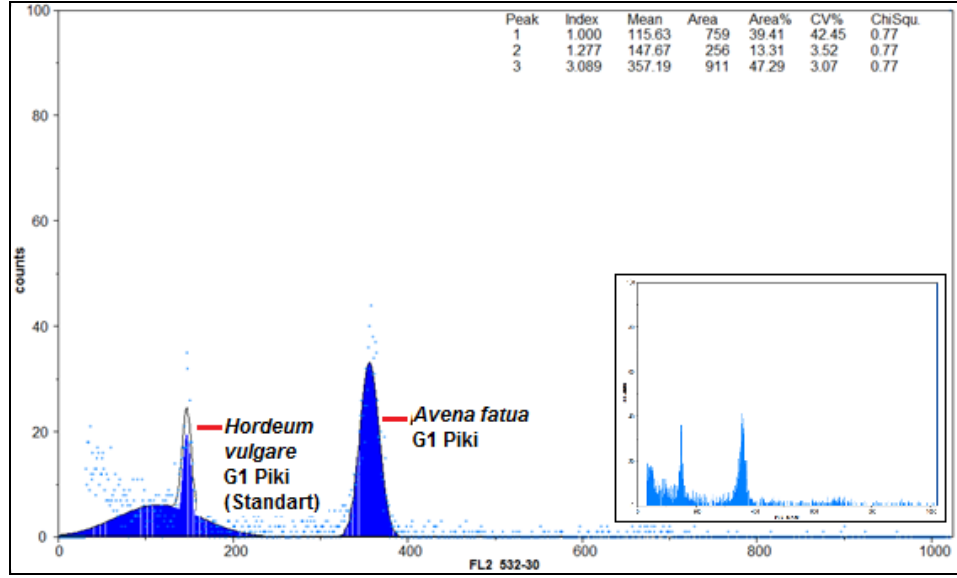


Şekil 4.9. *Avena sterilis* ile standart olarak kullanılan *Hordeum vulgare* bitkilerine ait G1 piklerinin birbirine göre pozisyonları

- ***Avena fatua***: Flow sitometri analizlerinde türe ait 5 aksesyonun her birinden 5'er bitki analiz edilmiş ve ortalamaları alınmıştır. Analizler sonucunda; aksesyonların çekirdek DNA içeriklerinin 25.34- 26.15 pg/2C (ort.: 25.67 pg/2C) arasında değiştiği ve aksesyonların ploidi düzeylerinin hekzaploid ($2n=42$) olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.10.). Analizlerde elde edilen aksesyonlara ait piklere Şekil 4.10.'de örnek verilmiştir.

Çizelge 4.10. *Avena fatua* aksesyonlarının çekirdek DNA içerikleri (pg/2C) ve ploidi düzeyleri

No	Aksesyon	Çekirdek DNA İçeriği (pg/2C)						Krom. sayısı	Ploidi
		1. Bitki	2. Bitki	3. Bitki	4. Bitki	5. Bitki	Ort.		
1	PI 411470	25,42	25,67	24,94	25,36	25,32	25,34	2n=42	Hekzaploid
2	PI 411471	26,05	24,74	25,40	25,50	25,30	25,40	2n=42	Hekzaploid
3	PI 411472	27,05	26,23	24,95	26,38	26,15	26,15	2n=42	Hekzaploid
4	PI 411476	25,87	26,2	25,24	26,85	25,61	25,95	2n=42	Hekzaploid
5	PI 411477	25,57	26,87	25,7	26,96	25,34	25,34	2n=42	Hekzaploid
Maksimum: 26.15 pg/2C		Minimum: 25.34 pg/2C				Ortalama: 25.67 pg/2C			

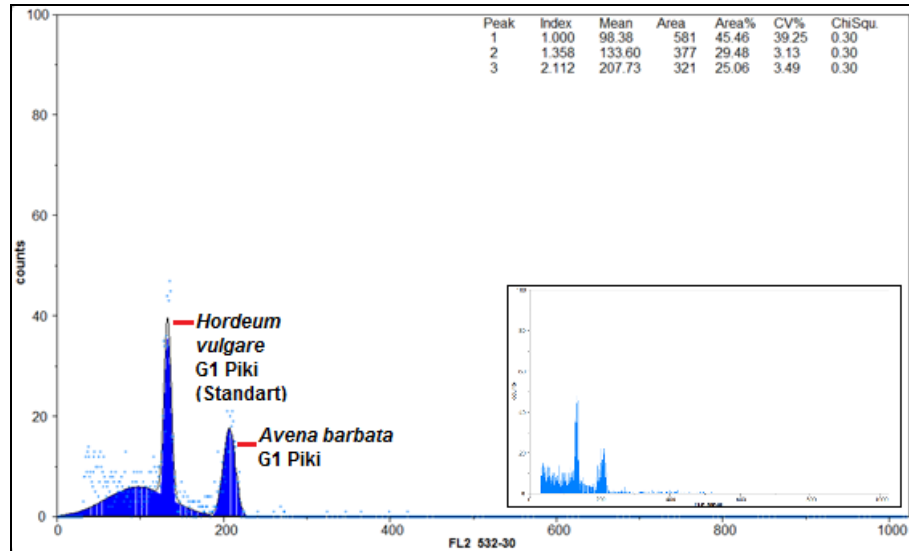


Şekil 4.10. *Avena fatua* ile standart olarak kullanılan *Hordeum vulgare* bitkilerine ait G1 piklerinin birbirine göre pozisyonları

-*Avena barbata*: Çalışmada bu türe ait 5 aksesyon incelenmiştir. Flow sitometri analizleri sonunda; 2 aksesyonun çekirdek DNA içeriklerinin 12.83- 12.91 pg/2C arasında değiştiği ve ploidi düzeylerinin Triploid ($2n=21$) olduğu, diğer aksesyonların çekirdek DNA içeriklerinin ise 16.25- 16.90 pg/2C arasında değiştiği ve ploidi düzeylerinin tetraploid ($2n=28$) olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.11.). Flow sitometri analizlerinde aksesyonlara ait piklere örnek Şekil 4.11.'de verilmiştir.

Çizelge 4.11. *Avena barbata* aksesyonlarının çekirdek DNA içerikleri (pg/2C) ve ploidi düzeyleri

No	Aksesyon	Çekirdek DNA İçeriği (pg/2C)						Krom. sayısı	Ploidi
		1. Bitki	2. Bitki	3. Bitki	4. Bitki	5. Bitki	Ort.		
1	PI 411374	16,76	17,1	16,87	16,85	16,90	16,90	$2n=28$	Tetraploid
2	PI 411376	16,42	16,54	16,95	16,3	16,55	16,55	$2n=28$	Tetraploid
3	PI 337774	16,21	16,6	16,14	16,21	16,11	16,25	$2n=28$	Tetraploid
4	PI 377777	12,9	12,75	12,87	12,83	12,79	12,83	$2n=28$	Tetraploid
5	PI 377779	12,79	12,97	12,83	12,96	12,98	12,91	$2n=28$	Tetraploid

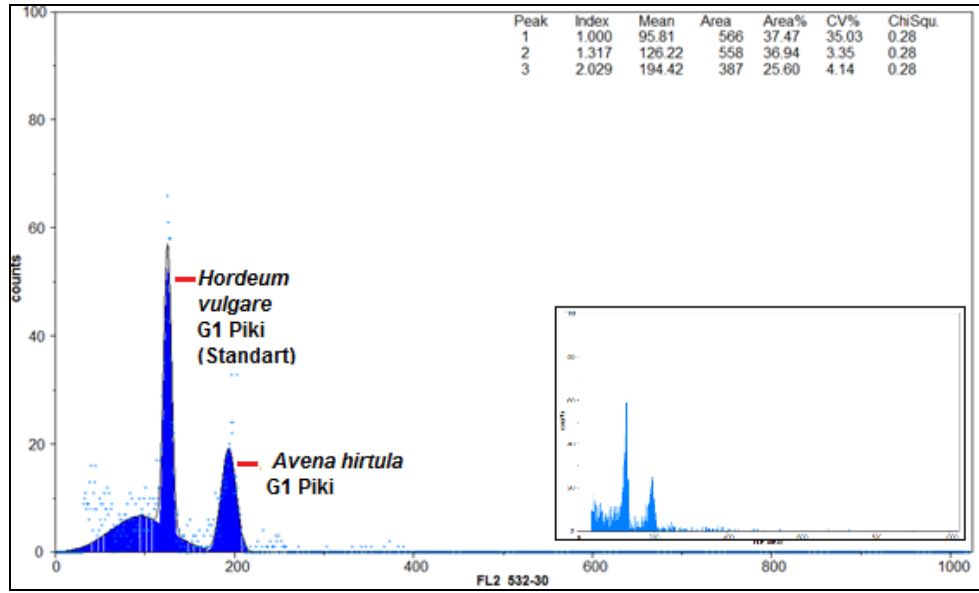


Şekil 4.11. *Avena barbata* ile standart olarak kullanılan *Hordeum vulgare* bitkilerine ait G1 piklerinin birbirine göre pozisyonları

- ***Avena hirtula***: Çalışmada bu türe ait bir aksesyon materyal olarak kullanılmış ve aksesyondan 5 bitki incelenmiştir. Yapılan flow sitometri analizleri sonucunda; aksesyonun çekirdek DNA içeriğinin 15.82 – 16.61 pg/2C (ort.: 16.16 pg/2C) arasında değiştiği ve ploidi düzeyinin tetraploid ($2n=28$) olduğu belirlenmiştir (Çizelge 1.12.). Bu aksesyona ait piklere örnek Şekil 4.12.’de verilmiştir.

Çizelge 4.12. *Avena hirtula* aksesyonlarının çekirdek DNA içerikleri (pg/2C) ve ploidi düzeyleri

No	Aksesyon	Çekirdek DNA İçeriği (pg/2C)						Krom. sayısı	Ploidi
		1. Bitki	2. Bitki	3. Bitki	4. Bitki	5. Bitki	Ort.		
1	PI 657464	16,61	16,4	15,82	16,08	15,88	16,16	$2n=28$	Tetraploid

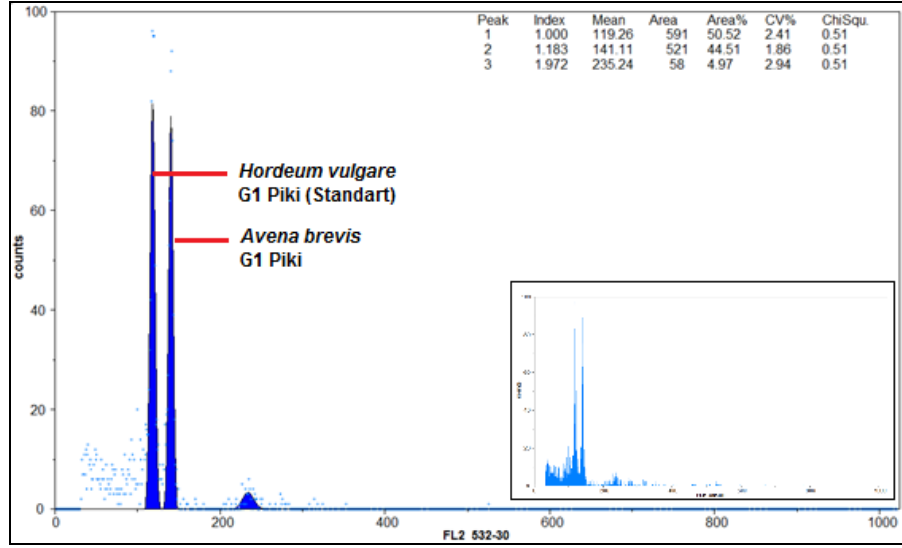


Şekil 4.12. *Avena hirtula* ile standart olarak kullanılan *Hordeum vulgare* bitkilerine ait G1 piklerinin birbirine göre pozisyonları

- *Avena brevis*: Flow sitometri analizlerinde türe ait 9 aksesyonun her birinden 5'er bitki analiz edilmiş ve ortalamaları alınmıştır. Analizler sonucunda; aksesyonların çekirdek DNA içeriklerinin 12.36 – 12.53 pg/2C (ort.:12.45 pg/2C) arasında değiştiği ve aksesyonların ploidi düzeylerinin tetraploid ($2n= 28$) olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.13.). Analizlerde elde edilen aksesyonlara ait piklere Şekil 4.13.'de örnek verilmiştir.

Çizelge 4.13. *Avena brevis* aksesyonlarının çekirdek DNA içerikleri (pg/2C) ve ploidi düzeyleri

No	Aksesyon	Çekirdek DNA İçeriği (pg/2C)						Krom. sayısı	Ploidi
		1. Bitki	2. Bitki	3. Bitki	4. Bitki	5. Bitki	Ort.		
1	PI 83719	12,39	12,16	12,51	12,34	12,39	12,36	2n=28	Tetraploid
2	PI 158204	12,48	12,41	12,53	12,13	12,38	12,39	2n=28	Tetraploid
3	PI 258542	12,46	12,45	12,29	12,43	12,41	12,41	2n=28	Tetraploid
4	PI 266826	12,2	12,54	12,55	12,43	12,39	12,42	2n=28	Tetraploid
5	PI 258544	12,56	12,37	12,51	12,50	12,46	12,48	2n=28	Tetraploid
6	PI 258545	12,64	12,52	12,39	12,22	12,62	12,48	2n=28	Tetraploid
7	PI 258543	12,7	12,38	12,59	12,26	12,48	12,48	2n=28	Tetraploid
8	PI 119009	12,5	12,6	12,42	12,6	12,53	12,53	2n=28	Tetraploid
9	PI 573533	12,62	12,55	12,35	12,27	12,65	12,49	2n=28	Tetraploid
Maksimum:12.53 pg/2C Minimum: 12.36 pg/2C Ortalama: 12.45 pg/2C									



Şekil 4.13. *Avena brevis* ile standart olarak kullanılan *Hordeum vulgare* bitkilerine ait G1 piklerinin birbirine göre pozisyonları

5. SONUÇLAR VE ÖNERİLER

Bitkiler hem çevre koşullarının neden olduğu doğal mutasyonlar sonucunda, hemde çevrede bulunan diğer bitkilerle yabancı tozlanma yolu ile evrimsel gelişim süreçleri boyunca birtakım modifikasyonlara uğramaktadırlar. Toplanan ve genetik bankalarda korunan materyalin genetik yapısının değerlendirilmesi gerekmektedir. Böylece bitki ıslahçıların etkin olarak kullanmaları sağlanmış olacaktır.

Ploidi düzeyi yulafın taksonomik birimlerini birbirinden ayırmada çok önemlidir. ABD Tarım Bakanlığı Ulusal Bitki Genetik Kaynaklar Sistemi (USDA-GRIN) yulafın tüm yabani ve ekilen formlarını içeren genetik koleksiyon oluşturmuştur. Bu koleksiyon *Avena* türlerinin tamamını içerecek kadar geniştir. Bu koleksiyon içerisindeki popülasyonların büyük çoğunluğunun ploidi düzeyi bilinmemektedir. Bu durumda yapılan taksonomik ayrışma ise kesin olamamaktadır. Ploidy düzeyinin katkısı *Avena* türlerinin diploid ve tetraploid olmasının teyid edilmesi ve dolayısıyla ıslah programlarında kullanılabilirmelerinin önü açılması olmuştur.

Çekirdek DNA miktarı tür içinde spesifik ve sabit olduğu için hangi türe ait olduğu bulunabilir. Bunun için aşağıdaki çizelge kullanılabilir.

Çizelge 5.1. *Avena* aksesyonlarının minimum ve maksimum DNA miktarları (pg)

Tür ismi	Min. DNA miktarı (pg)	Maks. DNA miktarı (pg)
<i>Avena strigosaile</i>	8.61	8.76
<i>Avena nuda</i>	8.58	9.00
<i>Avena rongiglumis</i>	8.70	9.08
<i>Avena ventricosa</i>	9.67	9.72
<i>Avena abyssinicaile</i>	16.37	25.48
<i>Avena vaviloviana</i>	16.33	16.69
<i>Avena murphyi</i>	18.51	18.71
<i>Avena sativa</i>	25.81	26.40
<i>Avena sterilis</i>	25.62	26.54
<i>Avena fatua</i>	25.34	26.15
<i>Avena barbata</i>	12.83	16.90
<i>Avena hirtula</i>	16.16	16.16
<i>Avena birevis</i>	12.36	12.53

Bu alıřmada, Trkiye’de ve dnyada bulunan bazı yulaf genomlarının ploidi seviyesi tespit edilmiřtir. alıřmada yulaf aksesyonlarının ekirdek DNA ieriklerinin ve ploidi seviyelerini belirlemek iin flow sitometri kullanılmıřtır. alıřmada 13 farklı *Avena* cinsine ait 64 aksesyon materyal olarak kullanılmıř ve bu aksesyonların ekirdek DNA ierikleri ile ploidi dzeyleri flow sitometri yntemi ile belirlenmiřtir. Yulaf aksesyonlarının ekirdek DNA ierięinin belirlenmesi iin DNA ierięi bilinen *Vicia sativa* (3,65 pg) ve *Hordeum vulgare* (10,7 pg) standart olarak kullanılmıřtır. Diploid yulaf trlerinin (*Avena strigosa*, *Avena nuda*, *Avena longiglumis*, *Avena ventricosa*) ortalama ekirdek DNA miktarları ve tetraploid yulaf trlerinin (*Avena abyssinica*, *Avena vaviloviana*, *Avena murphyi*, *Avena sativa*, *Avena sterilis*, *Avena fatua*, *Avena barbata*, *Avena hirtula* ve *Avena brevis*) ortalama ekirdek DNA miktarları incelenmiřtir. alıřma sonucunda; aynı tre ait aksesyonlar arasında ve aksesyona ait bireyler arasında ekirdek DNA ierięi bakımından farklılıklar grldę belirlenmiřtir. Bu durum *Avena* trleir ierisinde tr ii varyasyonun olduęunu ifade etmektedir. Aynı ploidi dzeyine sahip trler arasında da ekirdek DNA ieriklerinin farklı olduęu dolayısıyla *Avena* cinsine ait trlerde trler arası varyasyonun grldę belirlenmiřtir. Yapılan alıřmada elde edilen verilerin yapılacak ıřlah alıřmaları ve dięer alıřmalarda kullanılabileceęi dřnlmektedir.

KAYNAKLAR

- Erbaş, Ö., D., 2012, Yulaf (*Avena sativa* L.) genotiplerinin tarımsal ve bazı kaliteözelliklerinin belirlenmesi, Yüksek Lisans Tezi, *Bozok Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü*, Yozgat, 1-4
- Hışır, Y., 2009, Türkiye yulaf genotiplerinin fizyolojik, morfolojik ve tarımsal özellikler yönünden genetik farklılıklarının ve ilerlemelerinin belirlenmesi, Doktora Tezi, *Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü*, Kahramanmaraş, 1-3
- <http://www.trakyatarim.com/trakya-tarim/files/Y.pdf>
- Anonim, 2012, 'Serin iklim tahılları yetiştiriciliği 2', Millî Eğitim Bakanlığı Tarım Teknolojileri, Kod:621BHY171, Ankara, 22-27
- Karakuzulu, H., 2015, Yulaf genetik haritalama popülasyonu OGLE1040 / TAM O-301'in yağ içeriği ve yağ asidi kompozisyonlarının belirlenmesi, Yüksek Lisans Tezi, *Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü*, Kahramanmaraş, 1-2
- Aslan, E., 2015, Farklı gen bankalarından elde edilen yulaf hatlarının SSR (Basit Dizi Tekrarları) markörleriyle karakterizasyonu, Yüksek Lisans Tezi, *Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü*, Kahramanmaraş, 1-4
- Topal, A., Sade, B., Soylu, S., Akar, T., Mut, Z., Ayrancı, R., Sayım, İ., Özkan, İ., Yılmazkart, M., 2015, Ulusal hububat konseyi arpa-çavdar-yulaf-tritikale raporu, *Ulusal Hububat Konseyi, Türkiye*, 59-70
- Vural, P., 2009, Türk heksaploid yulaf genotiplerinin mikrosatelit moleküler belirleyiciler kullanılarak genetik analizi, Yüksek Lisans Tezi, *Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü*, Kahramanmaraş, 1-6
- Ladizinsky, G., 2012, Studies in oat evolution, Springer Briefs in Agriculture, DOI: 10.1007/978-3-642-30547-4_1
- Linares, C., Ferrer, E., Fominaya, A., 1998, Discrimination of the closely related A and D genomes of the hexaploid oat *Avena sativa* L., *The National Academy of Sciences*, 95, 12450–12455
- Karagöz, A., Zencirci, N., Tan, A., Taşkın, T., Köksel, H., Sürek, M., Toker, C., Özbek, K., 2010, Bitki genetik kaynaklarının korunması ve kullanımı, *Türkiye Ziraat Mühendisliği VII. Teknik Kongresi*, Ankara, 155-177
- Tiryaki, İ., 2005, Genetik yapısı değiştirilmiş bitkiler: dün, bugün ve geleceği, *OMÜ Ziraat Fakültesi Dergisi*, 20(2), 121-126
- Tan, A., 2010, Türkiye bitki genetik kaynakları ve muhafazası, *Anadolu*, 20(1), 9-37
- Kaya, M., M., 2010, *Medicago sativa* subsp. *Varia* Populasyonlarının Ploidi Seviyesinin Flow Sitometri Yöntemiyle Belirlenmesi, Yüksek Lisans Tezi, *Kafkas Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü*, Kars, 9-11
- Demirözoğlu, O., 2013, *Medicago sativa* L. Çekirdek koleksiyonundaki populasyonların ploidi düzeylerinin flow sitometri yöntemi kullanılarak belirlenmesi, Yüksek Lisans Tezi, *Kafkas Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü*, Kars, 4-6
- Saraymen, B., 2011, Hematolojik malignansilerde P-glikoprotein ekspresyonunun flow (akım) sitometri ile tayin edilmesi, Yüksek Lisans Tezi, *Erciyes Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü*, Kayseri, 23-24
- Demirel, D., 1995, Flow sitometrik DNA analizinin temel prensipleri, *Türk Patoloji Dergisi*, 11-2, 64-65
- Taneli, F., 2007, "Flow" sitometri tekniği ve klinik laboratuvarlarda kullanımı, *Türk Klinik Biyokimya Dergisi*, 5(2), 75-82

- Tuna, G., S., Keleş, H., Göçmen, D., Güleriyüz, V., Nizam, İ., Cabi, E., Yazıcı, A., Çakal, Ş., Tuna, M., 2016, Flow sitometri ile çok yıllık buğdaygil yem bitkisi genetik kaynaklarının karakterizasyonu, *Tarla Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsü Dergisi*, 25 (Ozel sayı-2), 7-12
- Brummer, E. C., P. M. Cazcarro, and D. Luth. 1999. Ploidy determination of alfalfa germplasm accessions using flow cytometry. *Crop sci.* 39:1202-1207.
- Rayburn, A. L., J. A. Auger, E. A. Benzinger, and A. G. Hepburn. 1989. Detection of intraspecific DNA content variation in *Zea mays* L. By flow cytometry. *J. Exp. Bot.* 40:1179-1183.
- Dolezel, J., Greilhuber, J., Suda, J., 2007, Estimation of Nuclear DNA Content in Plants Using Flow Cytometry, *Nature Protocols*, Vol. 2, No.9, 2233-2244
- Bennett, M. D. and I. J. Leitch. 1995. Nuclear DNA amounts in angiosperms. *Ann. Bot.* (London) 76:113-176.
- Dolezel, J., Greilhuber, J., Lucretti, S., Meister, A., Lysak, M., A., Nardi, L., Obermayer, R., 1998, Plant Genome Size Estimation by Flow Cytometry: Inter-laboratory Comparison, *Annals of Botany*, 82 (Supplement A): 17-26
- Özkan, H., Tuna, M., Kilian, B., Mori, N., Ohta, S., 2010, Genome size variation in diploid and tetraploid wild wheats, *AoB Plants*, doi:10.1093/aobpla/plq015
- Yan, H., Martin, S., L., Bekele, W., A., Latta, R., G., Diederichsen, A., Peng, Y., Tinker, N., A., 2016, Genome size variation in the genus *Avena*, *Genome*, Vol. 59, 209–220

ÖZGEÇMİŞ

KİŞİSEL BİLGİLER

Adı Soyadı: Ahmet Paksoy

Uyruğu: T.C

Doğum Yeri ve Tarihi: Kahramanmaraş 01.01.1990

Telefon: 05078903146

e-mail:ahmetpaksoy_46@windowslive.com

Ehliyet: B sınıfı

EĞİTİM

Lise: Kahramanmaraş Kadriye Çalık Anadolu Lisesi 2004-2008

Lisans: İstanbul Üniversitesi

Moleküler Biyoloji ve Genetik Bölümü 2008-2014

Yüksek lisans: Necmettin Erbakan Üniversitesi

Moleküler Biyoloji ve Genetik A.B.D. 2014-

YABANCI DİL

İngilizce: Orta

STAJ

Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Üskim Laboratuvarı 2011