



T.C.

KAHRAMANMARAŞ SÜTÇÜ İMAM ÜNİVERSİTESİ

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**B28×KUNDURU-1149 RESİPROKAL MELEZ
POPULASYONDAN ELDE EDİLEN F₅
BİREYLERİNİN FONKSİYONEL MARKÖRLERLE
DEĞERLENDİRİLMESİ**

GÜLAN AYDEMİR

YÜKSEK LİSANS TEZİ

TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI

KAHRAMANMARAŞ 2019

T.C.
KAHRAMANMARAŞ SÜTÇÜ İMAM ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**B28×KUNDURU-1149 RESİPROKAL MELEZ
POPULASYONDAN ELDE EDİLEN F₅
BİREYLERİNİN FONKSİYONEL MARKÖRLERLE
DEĞERLENDİRİLMESİ**

GÜLAN AYDEMİR

Bu tez,
Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalında
YÜKSEK LİSANS
derecesi için hazırlanmıştır.

KAHRAMANMARAŞ 2019

Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü öğrencisi Gülan Aydemir tarafından hazırlanan “B28×KUNDURU-1149 RESİPROKAL MELEZ POPULASYONDAN ELDE EDİLEN F₅ BİREYLERİNİN FONKSİYONEL MARKÖRLERLE DEĞERLENDİRİLMESİ” adlı bu tez, jürimiz tarafından 13 / 06//2019 tarihinde oy birliği / oy çokluğu ile Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı’nda Yüksek Lisans tezi olarak kabul edilmiştir.

Doç. Dr. Ziya DUMLUPINAR (DANIŞMAN)

Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı,

Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi, Kahramanmaraş

Dr.Öğr.Üyesi Hüseyin GÜNGÖR (II. DANIŞMAN)

Tarla Bitkileri Anabilim Dalı,

Düzce Üniversitesi, Düzce

Doç. Dr. Mustafa YILDIRIM (ÜYE)

Tarla Bitkileri Anabilim Dalı,

Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi, Kahramanmaraş

Dr. Öğr. Üyesi Alihan ÇOKKIZGIN (ÜYE)

Bitkisel ve Hayvansal Üretim Bölümü,

Gaziantep Üniversitesi, Gaziantep

Dr. Öğr. Üyesi Adem BARDAK (ÜYE)

Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı,

Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi, Kahramanmaraş

Yukarıdaki imzaların adı geçen öğretim üyelerine ait olduğunu onaylarım.

Prof. Dr. Mustafa YAZICI

Fen Bilimleri Enstitüsü Müdürü

TEZ BİLDİRİMİ

Tez içindeki bütün bilgilerin etik davranış ve akademik kurallar çerçevesinde elde edilerek sunulduğunu, ayrıca tez yazım kurallarına uygun olarak hazırlanan bu çalışmada, alıntı yapılan her türlü kaynağa eksiksiz atıf yapıldığını bildiririm.

Gölan AYDEMİR

Not: Bu tezde kullanılan özgün ve başka kaynaktan yapılan bildirişlerin, çizelge, şekil ve fotoğrafların kaynak gösterilmeden kullanımı, 5846 sayılı Fikir ve Sanat Eserleri Kanunundaki hükümlere tabidir.

**B28×KUNDURU-1149 RESİPROKAL MELEZ POPULASYONUNDAN ELDE
EDİLEN F₅ BİREYLERİNİN FONKSİYONEL MARKÖRLERLE
DEĞERLENDİRİLMESİ
(YÜKSEK LİSANS TEZİ)**

Gülan AYDEMİR

ÖZET

B28 ve Kunderu-1149 makarnalık buğday çeşitlerinin 2012-2013 üretim sezonunda resiprokal melezleme yöntemiyle elde edilen 13 adet F₅ kademesindeki B28/Kunderu-1149, Kunderu-1149/B28 bireylerinin ve ebeveynlerinin materyal olarak kullanıldığı çalışmada, çeşitli kalite ve hastalıklara dayanıklılık allellerinin tespit edilmesi amacı ile 10 DNA belirteci kullanılarak moleküler ölçümler yapılmıştır.

Çalışmada ortalama polimorfizm içeriği (PIC) değeri 0.98 olarak hesaplanırken, en düşük PIC değeri 0.96 ve en yüksek PIC değeri 0.99 olarak hesaplanmıştır. En düşük genetik benzerlik Kunderu-1149 ile B28/Kunderu_F₅_7, Kunderu-1149 ile Kunderu/B28_F₅_1, Kunderu-1149 ile Kunderu/B28_F₅_3, B28 ile Kunderu/B28_F₅_4, B28 ile Kunderu/B28_F₅_5, B28 ile Kunderu/B28_F₅_6, B28/Kunderu_F₅_1 ile B28/Kunderu_F₅_4, B28/Kunderu_F₅_1 ile B28/Kunderu_F₅_6, B28/Kunderu_F₅_1 ile B28/Kunderu_F₅_7, B28/Kunderu_F₅_1 ile Kunderu/B28_F₅_2, B28/Kunderu_F₅_1 ile Kunderu/B28_F₅_4, B28/Kunderu_F₅_2 ile B28/Kunderu_F₅_6, B28/Kunderu_F₅_2 ile B28/Kunderu_F₅_7, B28/Kunderu_F₅_2 ile Kunderu/B28_F₅_1, B28/Kunderu_F₅_2 ile Kunderu/B28_F₅_2, B28/Kunderu_F₅_2 ile Kunderu/B28_F₅_3, B28/Kunderu_F₅_2 ile Kunderu/B28_F₅_4, B28/Kunderu_F₅_2 ile Kunderu/B28_F₅_5, B28/Kunderu_F₅_2 ile Kunderu/B28_F₅_6, B28/Kunderu_F₅_3 ile Kunderu/B28_F₅_1, B28/Kunderu_F₅_3 ile Kunderu/B28_F₅_4, B28/Kunderu_F₅_4 ile Kunderu/B28_F₅_3, B28/Kunderu_F₅_4 ile Kunderu/B28_F₅_4, B28/Kunderu_F₅_4 ile Kunderu/B28_F₅_5, B28/Kunderu_F₅_4 ile Kunderu/B28_F₅_6, B28/Kunderu_F₅_5 ile Kunderu/B28_F₅_3, B28/Kunderu_F₅_5 ile Kunderu/B28_F₅_4, B28/Kunderu_F₅_5 ile Kunderu/B28_F₅_5, B28/Kunderu_F₅_5 ile Kunderu/B28_F₅_6, B28/Kunderu_F₅_6 ile Kunderu/B28_F₅_3, B28/Kunderu_F₅_7 ile Kunderu/B28_F₅_3, B28/Kunderu_F₅_7 ile Kunderu/B28_F₅_5, Kunderu/B28_F₅_2 ile Kunderu/B28_F₅_3, Kunderu/B28_F₅_2 ile Kunderu/B28_F₅_4, Kunderu/B28_F₅_2 ile Kunderu/B28_F₅_5, Kunderu/B28_F₅_3 ile Kunderu/B28_F₅_4, Kunderu/B28_F₅_3 ile Kunderu/B28_F₅_6 genotipleri arasında olurken, en fazla genetik benzerlik gösteren genotipler ise 0.714 genetik benzerlik ile Kunderu-1149/B28_F₅_2 ile B28/Kunderu-

1149_F5_6 kombinasyonları arasında gözlemlenmiştir. Kunduru-1149/B28 ve B28/Kunduru-1149 melezlerinin F5 kademesindeki genotiplerinin ortalama genetik benzerlik oranı 0.163 olarak tespit edilmiştir.

Yapılan analizlerde kullanılan genotiplerden kara pas geni SUN479' da B28/Kunduru-1149_F5_4 genotipinde, SUN209' da B28/Kunduru-1149_F5_1 genotipinde tespit edilmiştir. Sarı pas geni XGWM18' de B28/Kunduru-1149_F5_2, B28/Kunduru-1149_F5_3 genotiplerinde, SUN104' de B28/Kunduru-1149_F5_3, B28/Kunduru-1149_F5_6, B28/Kunduru-1149_F5_7, Kunduru-1149/B28_F5_2, Kunduru-1149/B28_F5_6 genotiplerinde belirlenmiştir.

Anahtar Kelimeler: Makarnalık buğday, Fonksiyonel markör, DNA primeri

Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi

Fen Bilimleri Enstitüsü

Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı, Haziran / 2019

Danışman: Doç. Dr. Ziya DUMLUPINAR

İkinci Danışman: Dr. Öğr. Üyesi Hüseyin GÜNGÖR

Sayfa sayısı: 43

**EVALUATION INDIVIDUALS OBTAINED FROM B28/KUNDURU-1149
RESIPROKAL HYBRID POPULATION BY FUNCTIONAL MARKERS
(MSc Thesis)**

GÜLAN AYDEMİR

ABSTRACT

In the study, B28 and Kunderu-1149 durum wheat varieties were crossed as reciprocal in 2012-2013 cropping season and 13 B28/Kunderu-1149, Kunderu-1149/B28 genotypes obtained and evaluated at F₅ stage were used as material. Molecular analysis were made using 10 DNA markers with the aim of detecting alleles of various quality and disease resistance.

In the study, the average polymorphism content (PIC) was calculated as 0.98 and the lowest PIC value was 0.96 while, the highest PIC value was 0.99. The lower genetic similarities were determined from Kunderu-1149 and B28/Kunderu_F₅_7, Kunderu-1149 and Kunderu/B28_F₅_1, Kunderu-1149 and Kunderu/B28_F₅_3, B28 and Kunderu/B28_F₅_4, B28 and Kunderu/B28_F₅_5, B28 and Kunderu/B28_F₅_6, B28/Kunderu_F₅_1 and B28/Kunderu_F₅_4, B28/Kunderu_F₅_1 and B28/Kunderu_F₅_6, B28/Kunderu_F₅_1 and B28/Kunderu_F₅_7, B28/Kunderu_F₅_1 and Kunderu/B28_F₅_2, B28/Kunderu_F₅_1 and Kunderu/B28_F₅_4, B28/Kunderu_F₅_2 and B28/Kunderu_F₅_6, B28/Kunderu_F₅_2 and B28/Kunderu_F₅_7, B28/Kunderu_F₅_2 and Kunderu/B28_F₅_1, B28/Kunderu_F₅_2 and Kunderu/B28_F₅_2, B28/Kunderu_F₅_2 and Kunderu/B28_F₅_3, B28/Kunderu_F₅_2 and Kunderu/B28_F₅_4, B28/Kunderu_F₅_2 and Kunderu/B28_F₅_5, B28/Kunderu_F₅_2 and Kunderu/B28_F₅_6, B28/Kunderu_F₅_3 and Kunderu/B28_F₅_1, B28/Kunderu_F₅_3 and Kunderu/B28_F₅_4, B28/Kunderu_F₅_4 and Kunderu/B28_F₅_3, B28/Kunderu_F₅_4 and Kunderu/B28_F₅_4, B28/Kunderu_F₅_4 and Kunderu/B28_F₅_5, B28/Kunderu_F₅_4 and Kunderu/B28_F₅_6, B28/Kunderu_F₅_5 and Kunderu/B28_F₅_3, B28/Kunderu_F₅_5 and Kunderu/B28_F₅_4, B28/Kunderu_F₅_5 and Kunderu/B28_F₅_5, B28/Kunderu_F₅_5 and Kunderu/B28_F₅_6, B28/Kunderu_F₅_6 and Kunderu/B28_F₅_3, B28/Kunderu_F₅_7 and Kunderu/B28_F₅_3, B28/Kunderu_F₅_7 and Kunderu/B28_F₅_5, Kunderu/B28_F₅_2 and Kunderu/B28_F₅_3, Kunderu/B28_F₅_2 and Kunderu/B28_F₅_4, Kunderu/B28_F₅_2 and Kunderu/B28_F₅_5, Kunderu/B28_F₅_3 and Kunderu/B28_F₅_4, Kunderu/B28_F₅_3 and Kunderu/B28_F₅_6 genotypes. The highest genetic similarity was observed between Kunderu-1149 / B28_F₅_2 and B28 / Kunderu-1149_F₅_6 combination

with 0.714 genetic similarity. The mean genetic similarity rate of the genotypes and combinations in the F₅ stage was found to be 0.163.

Among the genotypes used in the analysis, stem rust gene (SUN479) was detected in B28/Kunduru-1149_F₅_4 genotype, stem rust gene (SUN209) was detected in B28/Kunduru-1149_F₅_1 combination. Yellow rust gene XGWM18 in the B28/Kunduru-1149_F₅_2, B28/Kunduru-1149_F₅_3 genotypes, the stripe rust gene SUN104 was identified in the genotypes B28/Kunduru-1149_F₅_3, B28/Kunduru-1149_F₅_6, B28/Kunduru-1149_F₅_7, Kunduru-1149/B28_F₅_2 and Kunduru-1149/B28_F₅_6.

KeyWords: Durum wheat, Functional marker, DNA primer

Kahramanmaraş Sütçü İmam University
Institute for Graduate Studies in Science and Technology
Department of Agricultural Biotechnology, June / 2019

Supervisor: Assoc. Prof. Dr. Ziya DUMLUPINAR

Co-supervisor: Dr. Hüseyin GÜNGÖR

Page numbers: 43

TEŐEKKÜR

Yükseklisans öğrenimim boyunca sayın Doç. Dr. Ziya DUMLUPINAR ve Dr. Öğr. Üyesi Hüseyin GÜNGÖR hocalarıma her türlü yardımlarından dolayı teşekkür ederim. Tez hazırlama sürecinde desteğini esirgemeyen, Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü Doktora öğrencisi Ziraat Yüksek Mühendisi İlker YÜCE arkadaşşıma da teşekkürü borç bilirim.

Tüm eğitim ve öğrenim hayatım boyunca maddi ve manevi varlıklarını her an hissettiğim annem Tuna AYDEMİR, babam Ferhat AYDEMİR başta olmak üzere kardeşlerim ve nişanlım Fatih EGEMEN 'e teşekkür eder, sevgilerimi sunarım.



İÇİNDEKİLER

Sayfa No

ÖZET	i
ABSTRACT	iii
TEŞEKKÜR	v
İÇİNDEKİLER	vi
SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ	vii
ŞEKİLLER DİZİNİ	vii
ÇİZELGELER DİZİNİ	ix
1. GİRİŞ	1
2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR/LİTERATÜR ÖZETİ	4
3. MATERYAL ve METOT	13
3.1. Materyal	13
3.1.1. Bitki materyali	13
3.2. Metot	13
3.2.1. Moleküler çalışmalar	13
3.2.1.1. Yaprak örneklerinin alınması	13
3.2.1.2. DNA izolasyonu	13
3.2.1.3. İzole edilen DNA konsantrasyonları ölçümü	14
3.2.2. DNA primerleri	14
3.2.3. Polimeraz zincir reaksiyonları (PZR) ve fragment analizleri	15
3.3. İstatistiksel Analizler	16
3.3.1. Moleküler verilerin değerlendirilmesi	16
3.3.1.1. DNA bantlarının skorlanması	16
3.3.1.2. Veri analizi	16
3.4. Polimorfizm Bilgi İçeriklerinin Hesaplanması	16
4. BULGULAR ve TARTIŞMA	17
4.1. Kullanılan Markörlerin Polimorfizm Bilgi İçerikleri(PIC) ve Allel Sayıları	17
4.2. Taranan Primerlere Ait Jel Görüntüleri	18
4.3. Genotiplerin Durumuna Göre Oluşturulmuş Filogenetik Ağaç ve Genotiplerin arasındaki Genetik Benzerlikler	29
5. SONUÇ VE ÖNERİLER	33
KAYNAKLAR	35
ÖZGEÇMİŞ	42

SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

NaOH	: Sodyum hidroksit
HCl	: Hidroklorik asit
F₁	: İki homojen yapıda materyalin melezlenmesi sonucu elde edilen bitkiler
Kg	: Kilogram
Rpm	: Dakikadaki devir sayısı
DNA	: Deoksiribonükleik asit
SSR	: Basit dizi tekrarı (Simple Sequence Repeats)
AFLP	: Amplified fragment length polymorphisms
RAPD	: Rastgele çoğaltılmış polimorfik DNA (Random Amplified Polymorphic DNA)
UPGMA	: Unweighted Pair Group Method Arithmetic Average
PZR	: Polimeraz zincir reaksiyonu
Ng	: Nanogram
µl	: Mikrolitre
ml	: Mililitre
%	: Yüzde
MgCl₂	: Magnezyum klorür
A	: Adenin
T	: Timin
G	: Guanin
C	: Sitozin
Dntp	: Dinükleotittrifosfat
QTL	: Kantitatif Özellik Lokusu (Quantitative trait loci)
CTAB	: Cetyltrimethylammoniumbromide
EDTA	: Etilendiamintetraasetik asit
dH₂O	: Saf su
Tris-HCl	: Trishydrochloride
PIC	: Polimorfizm bilgi içeriği (Polymorphism information content)

ŞEKİLLER DİZİNİ

	<u>Sayfa No</u>
Şekil 4.1. SUN104 markörüne ait jel görüntüsü.....	18
Şekil 4.2. Bx7 ^{OE} markörüne ait jel görüntüsü	19
Şekil 4.3. SUN209 markörüne ait jel görüntüsü	20
Şekil 4.4. UHW89 markörüne ait jel görüntüsü	21
Şekil 4.5. SUN479 markörüne ait jel görüntüsü	22
Şekil 4.6. XWGP115 markörüne ait jel görüntüsü	23
Şekil 4.7. XGWM18 markörüne ait jel görüntüsü.....	24
Şekil 4.8. XGWM130 markörüne ait jel görüntüsü.....	25
Şekil 4.9. XGWM66 markörüne ait jel görüntüsü	26
Şekil 4.10. XGWM47 markörüne ait jel görüntüsü.....	27
Şekil 4.11. Genotiplere göre oluşturulmuş filogenetik ağaç	30

ÇİZELGELER DİZİNİ

	<u>Sayfa No</u>
Çizelge 3.1. Nanodropspektrofotometre analiz sonuçlarına ait veriler.....	14
Çizelge 3.2. Moleküler karakterizasyon çalışmasında kullanılan DNA primerleri.....	15
Çizelge 4.1. Genotiplerin taranmasında kullanılan SSR markörlerinin nükleotit dizilimleri, allel sayıları ve polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değerleri.....	17
Çizelge 4.2. B28, Kunduru-1149, Kunduru-1149/B28 ve B28/Kunduru-1149 melez kombinasyonlarının allellik varyasyonları.....	28
Çizelge 4.3. Genotipler arası benzerlik şeması.....	32



1.GİRİŞ

Buğday (*Triticum* spp.) çok eski zamanlardan günümüze kadar tarımı yapılan ve öncül besin kaynağı olarak tüketilen, tek yıllık otsu bir tahıl grubu bitkisidir (Sevinç, 2010). Dünya’ da yaygın olarak yetiştirilen buğdayın ilk kültüre Güneydoğu Anadolu Bölgesi’nde Karacadağ yakınlarında alındığı bilinmekle birlikte ülkemiz gen merkezi konumundadır (Anonim, 2016). İnsanlar ve hayvanlar tarafından yaygın olarak tüketilir ve yıllık protein miktarının hemen hemen % 50’lik kısmını tahıllar karşılar (Çölkesen, 1995).

Dünya’ da buğday ekilen alan 2017-2018 üretim yılında 219.3 milyon ha, üretim miktarı 757.7 milyon ton olarak gerçekleşmiştir. TÜİK 2018 istatistiklerine göre ülkemizde tarla ziraatine ayrılan alan 15,5 milyon ha olup bu alanın yaklaşık 11.1 milyon ha alanı hububat ekiminde kullanılmaktadır. Hububat ekim alanı içerisinde % 69’luk pay ile buğday ilk sıradadır. Makarnalık buğday üretimi, Dünya’ da 40 milyon 200 bin ton, ülkemizde ise üretim 3 milyon 600 bin ton’ dur (Anonim, 2018a). Ayrıca verilere bakıldığında buğday Dünya’ da ve ülkemizde beslenmenin hammaddesini oluşturması ve oldukça geniş üretici kitlesinin geçim kaynağı olması sebebiyle üzerinde durulması gereken bir bitkidir.

Durum (makarnalık) buğdayları tetraploid ($2n=4x=28, AABB$) bitkiler olup, kalite özellikleri ve kullanım alanları açısından hexaploid ($2n=6x=42, AABBDD$) *aestivum* buğday türünden oldukça farklıdır. Ayrıca Türkiye, Kuzey Afrika ve Orta Doğu ülkelerini kapsayan diğer bölgelerde ise makarna üretimiyle beraber bulgur, kuskus ve farklı ekmek çeşitlerinin üretiminde de kullanılmaktadır (Güleç, 2010). Özellikle ülkemizin Güneydoğu Anadolu Bölgesi kaliteli makarnalık buğday üretimi açısından en iyi bölgemizdir. Ancak bu lokasyonda makarnalık buğday üretimi oldukça düşük seviyelerde yapılmaktadır (Ayçiçek ve Yürür, 1997).

Dünya’ nın 2015 yılı toplam nüfusu 7 milyar iken, 2025 yılında toplam nüfusun 8 milyar olması tahmin edilmektedir (Anonymous, 2017). TÜİK verilerine göre ise ülkemizde 2017 yılı toplam nüfusu 80 milyon iken 2023 yılında 86 milyon kişi olması beklenmektedir (Anonim, 2018b). Hızla artan nüfusu beslemek için üretim alanının arttırılmasından ziyade birim alandan alınan verim arttırılmalıdır. Verim artışının yanı sıra değişen iklim ile çevre koşulları ve buna bağlı oluşan yeni hastalıklar da göz önüne alınarak ürünün stres koşullarına dayanıklı olması ve kalite kriterlerine uygun olması gerekmektedir. Makarnalık buğdayın kalitesi çevre koşullarından fazlaca etkilenmektedir.

Bu sebeple farklı ekolojik ortamlara adapte olabilen, verimi yüksek ve kaliteli çeşitlerin geliştirilmesi, ülkemizin eksik olan kaliteli buğday üretim gereksinimini karşılama ve mevcut ihracat imkanlarını arttırma anlamında önemli katkılar sağlayacaktır (Değirmenci, 2017).

Dünya’da kullanılabilir tarım alanları sınıflandırmaya tabi tutulduğunda çevresel bir stres etmeni olan kuraklık stresi % 26’lık oran ile en büyük etmeni oluşturmakla birlikte, bunu % 20 ile mineral, % 15 ile soğuk ve don stresinin takip ettiği bildirilmektedir (Blum, 1986). Çevresel ve diğer stres faktörlerinin oluşturduğu genetik yapı farklılıklarının ortaya çıkarılmasında moleküler belirteçler büyük bir değere sahiptir (Jump ve Puenuelas, 2005).

Makarnalık buğdayda verimde yükselmeyi sağlamak amacıyla üç önemli hususta yoğunlaşmıştır. İlk olarak genetik değeri yüksek ve verimli genotiplerin geliştirilmesi üzerinde durulmuş daha sonra birçok karakter özellikleri açısından istenen kriterlere sahip ama bir karakter bakımından zayıf olan çeşidin bu zayıflığının azaltılması veya yok edilmesi üzerinde durulmuş, son olarak özel karakterler taşıyan (aşırı kurak ve sıcak gibi çevrelere uyum gösteren) çeşitlerin geliştirilmesi amaç edinilmiştir (Özberk, 1997).

Son yıllarda artan bitki ıslah çalışmaları fazla iş gücü ve uzun yıllar alabilmektedir. Bu sebeplerden dolayı moleküler yöntemler, klasik bitki ıslahı süresini kısaltmak ve arzu edilen özellikteki çeşitlerin geliştirilmesi amacıyla kullanılmaktadır. Geleneksel tarımda morfolojik teknikleri kullanarak bitki hastalıklarını tanımlamak tek başına yeterli olmamaktadır (Majumder ve ark. 2003). Üretimin arttırılmasında farklı agronomik kaynakları optimize etmeye yarayan tekniklerden moleküler markör yöntemleri büyük önem arz etmektedir (Garrido ve ark., 2017).

DNA temelli moleküler belirteçlerin fizyoloji, taksonomi, genetik mühendisliği gibi alanlarda çok yönlü kullanım alanları olmakta (Schlotterer, 2004), bireyler arasındaki farklı DNA dizilimlerini tespit etmek amacıyla kullanılan ve son yıllarda devrim etkisi yaratmış bir uygulamalardır (Filiz ve Koç, 2011).

Buğday bitkisi için yaygın olarak kullanılan başlıca moleküler DNA primerleri SSR yada mikrosatelitler (Basit Dizi Tekrarları) (Hamada ve ark.1982; Wang ve ark. 2002), RAPD (Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA) (Dweikat ve ark. 1997; Shi ve ark.

1996), RFLP (Restiriksiyon Parça Uzunluđu Polimorfizmi) (Nelson ve ark. 1997) ve AFLP (Çođaltmış Parça Uzunluđu Polimorfizmi) (Vos ve ark. 1995)'dir.

Moleküler markör tekniklerinden kodominant kalıtım, yüksek polimorfizm, genom içerisinde sık dağılım gösterme, kolay, hızlı, tekrarlanabilir ve az maliyetli olması gibi özellikler beklenmektedir. Moleküler markör yöntemlerinden SSR primerleri az miktarda DNA'nın yeterli olması, kodominant olması, yüksek polimorfizm içeriđine sahip olması, genomda dađınık ve çok miktarda bulunması sebebiyle popülasyon genetiđi çalışmalarında yaygın kullanılır (Powell ve ark., 1996).

Kunduru-1149 makarnalık buđday çeşidi Geçit Kuşadı Tarımsal Araştırma Enstitüsü tarafından geliştirilen, seleksiyon yoluyla ıslah edilen ve 1967 yılında tescil edilen, başak tipi kılçıklı ve rengi kahverengi olan, geniş adaptasyon yeteneđi, verim stabilitesine sahip ve günümüzde de kullanılan eski bir çeşittir.

Bu araştırmada, Kunduru-1149 ile B28 makarnalık buđday çeşidi ve bu çeşitlerin resiprokal melezlemesi sonucu elde edilen 13 adet F₅ kademesindeki hatların çeşitli hastalık ve kalite özellikleri ile ilgili genlerin allele özel markörler ile bakılarak sonuçların daha kısa sürede belirlenmesi ve ümitvar hatların ıslah programlarına dahil edilmesi amaçlanmıştır.

2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

Plaschke ve ark. (1995), 40 adet tarımı yapılan buğday çeşidini 23 SSR primeri kullanılarak taradıkları çalışmada, toplam 142 allel, primer başına ise 6.2 allel hesaplanmıştır. Genetik benzerlik değerini 0.44 olarak elde etmiş, dendogram verileri sonucunda da genotiplerden iki tanesinin diğer genotiplerden daha farklı olduğunu bildirmişlerdir.

Jones ve ark. (1997), PCR tekniğine dayalı markörler içerisinde yer alan SSR primerleri, genomda basit sekans tekrarlarından faydalanarak, bir lokusta iki allel tekrarlarının sayısındaki değişikliğe bağlı polimorfizm belirlediği bildirilmektedir.

Cabane ve ark. (1999), AFLP primerlerini kullanarak yürüttükleri çalışmada Suriye'nin güneyi (Swedia) ve kuzeyi (Aleppo) lokasyonlarından toplanmış 6 adet *Triticum urartu* genotipi ile diğer lokasyonlarından toplanmış 12 adet *Triticum urartu* genotipi arasındaki genetik varyasyonları araştırdıkları çalışmada, AFLP markörlerinin toplamda 176 bant meydana getirdiği, bant uzunluklarının ise 50 - 300 baz çifti (bç) arasında değişim gösterdiğini, AFLP verilerine göre yapılan dendogram analizinde güney ve kuzey lokasyonlarından 6 genotipin diğerlerinden ayrı bir grup oluşturduğunu saptayarak, *Triticum urartu*'daki genetik çeşitliliğin lokasyonlara göre farklılık gösterdiğini bildirmişlerdir.

Doğrar ve ark. (2000), 5 adet kışlık makarnalık buğday çeşidi ile 7 ileri hat arasında genetik çeşitliliği tespit etmek amacı ile 7 SSR primeri kullanılarak yaptıkları araştırmada, allel sayısını en düşük 5 en yüksek 13 arasında olduğunu, polimorfizm bilgi içeriği değerini 0.609 - 0.872 arası olarak belirlemişlerdir. WMS26, WMS30 ve WMS120 markörlerinin tüm genotipleri birbirinden ayırt edebildiği bildirilmiştir.

Garg ve ark. (2001), makarnalık, ekmeçlik buğday ve tritikale çeşitlerinde genetik benzerliği saptamak ve DNA parmakizinin tespiti amacıyla SSR, AFLP ve RAPD belirleyici sistemleri uygulanmış; en polimorfik bantlar sırası ile AFLP (% 39,7), RAPD (% 12.7) ve SSR (% 4.0)' dan elde edilmiştir. Araştırmada, genetik benzerlik baz alındığında SSR' dan elde edilen verilerin AFLP ve RAPD' den daha reel sonuçlar verdiği ve genotiplerin çoğunun SSR belirleyici ile tanımlanabildiği tespit edilmiştir.

İncirli ve Akaya (2001), 9 adet kışlık ve 6 adet yazlık Türkiye orijinli makarnalık buğday çeşitlerinde AFLP DNA primerleriyle genetik çeşitlilik tespiti amacıyla yaptıkları araştırmada, 18 adet AFLP markörü kombinasyonunun toplam 189 adet polimorfik bant ürettiğini, her bir markör kombinasyon başına bant sayısının en düşük 4, en yüksek 24 arasında olduğunu belirlenmiştir. Ayrıca Nei' ye göre AFLP verileri baz alınarak hesaplanan genetik benzerlik değerlerine göre birbirine en yakın çeşitler Selçuklu-97 ve Sofu, en uzak çeşitler Berkmen-476 ve Diyarbakır-81 olarak bildirilmiştir.

Pujar ve ark. (2002), ISSR DNA belirteci ile 63 tetraploid buğday genotipinin moleküler analizi için yaptıkları araştırmada, ilk olarak 100 ISSR belirteci seçim yapılan 7 genotip üzerinde bir ön tarama yapılmış daha sonra bu ön tarama sonucunda 15 ISSR belirteci toplam olarak 134, primer başına 8.93 bant ürettiği belirlenmiştir. Üretilen toplam bandın 129'u polimorfik olmak üzere, primer başına polimorfik bant sayısı 8.60 olarak bildirilmiştir. ISSR verileri doğrultusunda yapılan analizlerde 4 farklı grup oluştuğunu belirterek, makarnalık buğdayda genetik varyasyonu tespit etmede ISSR primerlerinin başarılı olduğu belirtilmiştir.

Akar (2002), ülkemizin farklı lokasyonlarından toplanmış 10 adet yerel makarnalık buğday hattı ile 3 adet tescil edilmiş makarnalık buğday çeşidi arasında genetik varyasyonu RAPD işaretleyicileri kullanarak yürütmüş olduğu çalışmada, 10 baz dizilimi olan 15 RAPD markörü kullandıklarını, kullanılan primerlerin toplamda 92 adet DNA bandı oluşturduğunu, yerel çeşitler arasında genetik çeşitliliğin tescilli çeşitler arasındaki genetik çeşitliliğe nazaran yüksek olduğunu, genetik benzerlik katsayısının en düşük 0.74 en yüksek 0.99 arasında değiştiğini bildirmiştir.

Huang ve ark. (2002), 68 farklı ülkeye ait 998 adet ekmeklik buğday çeşidi arasındaki genetik çeşitlilik 24 SSR primeri ile araştırılmış, elde edilen sonuçlar doğrultusunda SSR markörlerinin genetik çeşitliliğin hızlı ve yüksek seviyede etkili olduğunu bildirmişlerdir.

Stojalowski ve Gorai (2002), *Triticum timophevi* sitoplazmasına ait sitoplazmik erkek kısır 5 tritikale çeşidinde RAPD ve ISSR işaretleyicilerini kullanarak genetik çeşitliliği tespit etmek amacıyla yürüttüğü araştırmada, 34 adet RAPD ve 10 adet ISSR belirteci kullandıklarını, iki DNA belirtecinin de az oranda polimorfizm saptayarak, araştırılan genotipler için genetik çeşitliliğinin zayıf olduğunu bildirmişlerdir.

Mukhtar ve ark. (2002), 20 ekmeklik buğday çeşidi RAPD markörü ile taranmış, toplam 445 DNA bandından % 64.38'ünün polimorfik olduğu saptanmıştır. Genetik benzerlik değeri en düşük % 75.60, en yüksek % 92.74 olarak bildirilmiştir.

Alamerew ve ark. (2004), Etiyopya tetraploid ve heksaploid buğday genotiplerindeki genetik varyasyonun araştırılması amacı ile yaptıkları çalışmada, 69 *Triticum aestivum*, 54 *Triticum aethiopicum* ve 12 *Triticum durum* Desf. 22 SSR belirteci ile taranmış, toplam 286 allel olmak üzere ortalama allel *Triticum aestivum* genotipi için 9.9, *Triticum aethiopicum* genotipi için 7.9 ve *Triticum durum* Desf. genotipi için 7.9 olarak bildirilmiştir.

Roy ve ark. (2004), AFLP markörleri ile 14 adet morfolojik özelliği kullanarak 55 elit ekmeklik buğday genotipinde genetik çeşitliliğin araştırıldığı çalışmada, toplam 615 bant elde edilip bunlardan 287 tanesinin polimorfik olduğu, AFLP ve morfolojik verilere göre yapılan kümeleme analizi sonucu DNA işaretleyicilerinin genetik çeşitliliği tespit etmede daha iyi olduğu bildirilmiştir.

El-Maati ve ark. (2004), 28 buğday çeşidi üzerinde ISSR kullanılarak genetik çeşitliliği araştırmış oldukları çalışmada; 6 adet di-nükleotid tekrarda ISSR primeri kullanarak, bu kullanılan primerlerin içerisinde SN39-F2 markörünün en yüksek düzeyde polimorfik bant meydana getirdiğini, ISSR verileri ışığında yapılan dendogram analizi sonucuna göre çeşitlerin bölgelere göre gruplandıklarını saptayarak, ISSR markörünün buğdayda yürütülen genetik çeşitlilik tespit araştırmalarında rahatlıkla kullanılabileceğini saptamışlardır.

Dreisigacker ve ark. (2005), SSR markörünün 36 farklı ülkeye ait ekmeklik buğday çeşidi üzerinde taranması ile aralarındaki genetik ilişkinin belirlenmesi sonucunda, SSR markörünün genetik varyasyonları belirlemede kullanılacak faydalı bir araç olduğu bildirilmiştir.

Wei ve ark. (2005), fusarium yanıklığına yüksek seviyede dayanıklı 20 Çin yerel buğday çeşidi ile yüksek seviyede duyarlı 4 buğday hattı arasında gen haritalama çalışmalarında kullanılmak üzere uygun bireyleri seçmek amacıyla SSR markörlerini kullanarak genetik benzerlikleri incelenmiş ve 40 SSR markörü arasından 39 tanesi buğday genotipleri arasında polimorfik çıktığı bildirilmiştir.

Yalim (2005), 28 arpa çeşidi arasında 10 ISSR belirteci kullanarak yaptığı genetik varyasyon tespit çalışmasında, toplam 75 adet bant üretilip bunlar içerisinde 51 tanesi polimorfik özellik göstermiştir. PIC değeri en düşük 0.354, en yüksek 0.844 olmak üzere ortalama 0.611 olarak bildirilmiştir. Genetik benzerlik katsayısının 0.05 - 0.37 arasında değiştiğini bildirmiştir.

Medini ve ark. (2005), SSR ve AFLP markörlerini kullanarak 34 Tunus makarnalık buğdayı ve buğdayla akraba 7 yabancı çeşit ile genetik farklılık üzerine çalışma yürütmüşlerdir. 15 tane SSR markörü tüm genotipler üzerinde yüksek seviyeli polimorfizm tespit etmiştir. Bu çalışmada, 156 tane AFLP primeri kullanılmış ve 10.4 ortalama ile 3-24 arasında değişim gösteren alleller saptamıştır. AFLP primerlerinden 5 tanesi 293 bant vermiş, polimorfizm oranını da % 31 olarak bildirilmiştir. Kullanılan makarnalık buğday genotiplerinde genetik benzerlik değerleri SSR marköründe % 3.6 ile % 72.7 arasında değişim gösterirken, AFLP marköründe ise % 31.3 ile % 81 arasında değişim göstermiştir. AFLP ve SSR verileri UPGMA Cluster analizine bağlı olarak makarnalık buğday türleri ile yabancı türlerini birbirinden ayırt ettiği bildirilmiştir.

Pirsevedi ve ark. (2006), İran'da 'Sardari' çeşidinden elde edilmiş 35 adet genotipte SSR primerleri yardımı ile morfolojik karakterler arasındaki ilişkiyi araştırdıkları çalışmada, 60 SSR primerini moleküler analiz için, 7 morfolojik özelliği ise morfolojik analizler için kullandıklarını, allel sayısının primer başına 2 ile 6 arasında değişim gösterdiğini, polimorfik bilgi içeriğinin primer başına 0.11 ile 0.83 arasında tespit edildiğini, SSR ve morfolojik veriler baz alınarak yapılan dendrogram analizinin 35 buğday hattını 5 ayrı gruba ayırdığını belirleyerek, SSR verileri ile yapılan kümeleme analizindeki grupların morfolojik verilere dayanarak yapılan kümeleme analizindeki gruplara göre daha benzeşik (homojen) olduğunu saptamışlardır.

Shoab and Arabi (2006), Suriye'de kültürü yapılan 5 adet *Triticum aestivum* ve *Triticum turgidum* ssp. *durum* çeşitlerinde 11 *EcoRI-MseI* belirteç kombinasyonunu test ederek AFLP primerleri ile bu çeşitler arasındaki genetik varyasyonunu belirlemeyi amaçlamışlardır. Seçmiş oldukları 525 adet AFLP primerinden % 46.67'si polimorfik bant vermiş, tüm çeşitler arasında genetik benzerlik değeri 0.884 olarak bildirmişlerdir. AFLP verileri doğrultusunda yaptıkları Cluster analizinde çeşitlerin iki gruba ayrılmış olduğunu belirtmişlerdir.

Aktaş (2007), 51 adet yabancı kaplıca (*Triticum monococcum* ssp. *boeoticum*), 2 adet *Triticum urartu* ve 2 adet kaplıca (*Triticum monococcum* ssp. *monococcum*) genotipi arasındaki morfolojik, tarımsal ve moleküler düzeyde varyasyonların tespiti amacıyla, ISSR DNA belirteci kullanılarak yapılan çalışmada, en yüksek polimorfik ISSR belirtecini bulmak için, 35 ISSR markörü 7 kaplıca genotipi üzerinde ön taramaya tabi tutulmuş seçilen en polimorfik 16 ISSR markörü toplam 79 adet polimorfik bant üretmiştir. Jaccard's benzerlik katsayısına göre çalışan genotipler arası benzerlik en düşük 0.43 ve en yüksek 0.95 arasında olmak üzere, ortalama 0.73 olarak bildirilmiştir. Dendogram verilerine bakılarak genotiplerin iki ana gruba ayrıldığı belirlenmiştir.

Dede (2007), Türkiye' de farklı bölgelerden alınan 20 tane ekmeçlik buğday genotipinin moleküler tanımlamasını yapmak amacıyla 7 SSR primeri kullanılarak analiz yapılmış, lokus başına allel sayısı en düşük 7, en yüksek 11, primer başına ortalama allel sayısı ise 9 olarak belirlenmiştir. En az allel oluşturan XGWM18 primerinin genotipler için elde edilen bant büyüklüğü 180 - 210, en çok allel oluşturan XGWM95 ve XGWM295 primerleri için ise sırasıyla 105 - 136 ve 195 - 250 olarak belirlenmiş, dendogram verilerine göre yerel çeşitlerin iki ana gruba ayrıldığı, genetik olarak birbirine en yakın akraba çeşitlerin 63445 ve 63886, en uzak akraba olan çeşitlerin ise 37179 ve 3608 olduğu bildirilmiştir.

Motawei ve ark. (2007), ISSR ve RAPD DNA belirtecini kullanarak 12 ekmeçlik buğday hattı ve 2 ekmeçlik buğday çeşidinde genetik çeşitliliğin araştırıldığı çalışmada, ISSR analizinde polimorfik bant sayısı 19, RAPD analizi sonucunda ise polimorfik bant sayısı 31 olarak belirlenmiştir. ISSR ve RAPD verileri baz alınarak yapılmış olan kümeleme analizinde, ekmeçlik buğday hat ve çeşitlerinin pedigrilerine göre kümelendiği saptamışlardır. Bu iki DNA markörünün buğday ıslahında kullanılabilir olduğu sonucunu bildirmişlerdir.

Kesen (2007), gen merkezi Anadolu olan buğday çeşitlerinin kültür formlarının sınırlı bir genetik çeşitliliğe sahip olması nedeniyle, Anadolu' nun oldukça zengin olan yabancı buğday biyoçeşitliliğinden faydalanılması amacıyla bu hatların genetik varyasyon ve benzerliklerinin RAPD-PCR metodu ile tespit edilmesi için yapılan çalışmada, 63 adet yabancı buğday, 3 adet kültür buğday genotipi olmak üzere toplam 66 buğday genotipi ve 16 DNA belirteci kullanılmıştır. Toplam bant sayısı 282 olarak belirlenirken, polimorfik bant sayısı 269 olarak görülmüştür. En düşük polimorfizm değeri % 75, en yüksek

polimorfizm değeri % 100 olurken, ortalama polimorfizm değeri (PIC) % 95.3 olarak bildirilmiştir.

Furan ve Yüce (2008), 3 adet sarı pasa dayanıklı ve 3 adet sarı pasa duyarlı genotiplerin melezlenmesi ile oluşan toplamda 23 genotipte sarı pas geninin DNA markörleri ile tespiti amacıyla yapılan çalışmada, 5 adet SSR primeri kullanılarak genotipler F1 ve F2 kademesinde incelenmiştir. Polimorfizm içeriği en az % 66.7, en fazla % 100 olmak üzere ortalama polimorfizm içeriği (PIC) % 83.35 olarak tespit edilmiştir. Toplam 441 bant değerlendirmeye alınmış ve en fazla bant veren markör WMC-27 olurken, en az bant veren primer WMC-25 olarak belirlenmiştir. Dendogram verilerine bakıldığında ise hatların başlıca iki gruba ayrıldığı belirlenmiştir. Bu çalışma ile moleküler düzeyde primer kullanımının özellikle mukavemet ıslahı açısından öneminin bir kez daha vurgulandığı bildirilmiştir

Salem ve ark. (2008), 7 adet buğday çeşidi üzerinde genetik varyasyonun tespiti amacı ile 48 SSR primerikullanarak yaptıkları araştırmada, her bir lokus için ortalama olarak 3.2 allel olmak üzere toplamda 48 allel oluşmuş, lokus başına allel sayısı 2 ile 7 arasında değişmiştir. PIC (Polimorfizm Bilgi İçeriği) değeri XGWM95 ve XGWM437 için sırası ile % 27.8 ve % 81.6 arasında değişerek ortalama PIC değeri % 54.6 olduğu bildirilmiştir.

Abdul ve Tahir. (2008), tarafından 11 adet makarnalık ve ekmeklik buğday varyetelerinde SSR markörleri vasıtası ile çimlenme durumları ve moleküler özelliklerinin tespiti amacıyla farklı orijinlerden 11 adet SSR markörü kullanılarak 11 buğday varyetesi analiz edilmiş ve çalışma sonucunda 20 makarnalık ve 18 ekmeklik buğdayda polimorfikallel varyasyonları belirlenmiş ve genetik benzerlik oranı ekmeklik buğdayda 0.2860 - 1 arasında iken makarnalık buğdayda 0.333 - 0.818 arasında gözlenmiş ve tüm genotipler arasında geniş genetik varyasyon olduğu tespit edilmiştir.

Ijaz ve ark. (2009), 63 ekmeklik buğday genotipi üzerinde genetik farklılıkları belirlemek için 56 SSR primeri ile yaptıkları çalışmada, 186 lokus ve lokus başına allel sayısı 131.26 olarak belirlenmiştir. ISSR verileri ile yapılan dendogram analizinde, genetik benzerlik oranı 0.4198 ile Kohistan-97 ve 011512 genotipleri arasında, 0.9589 ile 011484 ve 011356 genotipleri olduğu saptanmıştır. SSR primerlerinin tüm genotipleri karakterize edebilir ve farklılıkları belirleyebilir özellikte olduğu bildirilmiştir.

Kesawat ve Das (2009), optimum bir moleküler markör yönteminin; çok sayıda bağımsız ve güvenilir primer üretmesi, polimorfik olması ve tüm genomda kullanılabilmesi, basit, hızlı ve düşük maliyetli olması, az miktarda DNA gerektirmesi ve farklı fenotiplerle bağlantı kurması gibi özelliklerin avantaj olduğu fakat kullanılan markör tekniklerinin bu avantajların tümüne birden sahip olmadığını bildirmişlerdir.

Prasad ve ark. (2009), ABD Great Plains lokasyonlarında daha önceden piyasaya sürülen sert kırmızı kış buğdayında (*HRWW, Triticum aestivum* L.) mevcut genetik varyasyonu belirlemek amacıyla yaptıkları çalışmada, 60 genotip 62 SSR primeri ile taratılarak elde edilen veriler moleküler varyans ve mesafeye dayalı analize tabi tutulmuştur. Toplam polimorfik bant sayısı 341, lokus başına düşen allel sayısı 2 ile 12 arası olduğu belirlenmiştir. 1990 yıllarında yayınlanan çeşitler 0.56 ile en yüksek polimorfizm içeriğine, 4.79 en yüksek allel miktarına sahip olduğu belirlenmiştir. Elde edilen veriler doğrultusunda yapılan kümeleme analizlerinde 8 küme sonucuna ulaşıldığı, moleküler varyans analizleri kümeler arasında gerçek bir genetik varyasyon olduğunu, kümelerdeki çeşitlilik ve kümelenme arasında belirlenen genetik çeşitliliğin yüksek bulunduğunu bildirmişlerdir.

Sevinç (2010), ekmeklik buğdayda sarı pas hastalığına dayanıklılık ile genetik olarak bağlantı sağlayan moleküler markörlerin bulunması amacı ile PZR yöntemine dayalı SSR, ISSR ve SRAP olmak üzere 3 farklı çeşitte moleküler markör tekniği kullanmıştır. Çalışmada 3 adet hastalığa dayanıklı ve 3 adet hastalığa duyarlı ekmeklik buğday çeşidini materyal olarak çalışmaya almış ve bunlardan F₂ kademesinde çeşitli kombinasyonlar elde etmiştir. SSR markörlerini kullanarak gerçekleştirdiği analizde genetik benzerlik oranının 0.2552 - 0.4285 arasında olduğunu saptamıştır. SRAP markörlerini kullanarak yaptığı analiz sonucunda ise genetik benzerlik oranının 0.1924 - 0.3631 arasında olduğunu belirlemiştir.

Çiftci ve Yağdı (2011), Türkiye’de tescil edilmiş ve kültürü yapılan makarnalık buğday (*Triticum durum* Desf.) çeşitleri arasında genetik çeşitliliği RAPD markörü ile belirlemek amacı ile 14 adet makarnalık (*Triticum durum* Desf.) buğday genotipi kullanmışlardır. İncelemesi yapılan buğday genotiplerinde ortalama polimorfizmi bilgi içeriğini % 66.7 olarak bulmuşlardır. Kullanılan genotipler arasında genetik benzerlik indeksi % 43.4 ve % 87.4 arasında varyasyon gösterdiğini saptamışlardır. Yapılan bu çalışmada ülkemizde tescil edilmiş ve üretimi yapılan buğday genotipleri arasında genetik

temelin oldukça dar olduğu belirlenmiş ve bitki ıslahı çalışmalarında donör ebeveynlerin seçiminde genotiplerin benzerliklerinin belirlenebilmesi amacı ile RAPD markörlerinden fayda sağlanılabileceği bildirilmiştir.

Demirel (2013), Kastamonu yöresinden alınan 9 tetraploid (*Triticum dicoccum*) ve 14 diploid (*Triticum monococcum*) genotiplerle ISSR işaretleyicileri kullanarak yaptığı çalışmada moleküler karakterizasyon analizi gerçekleştirmiş ve uygun bulunduğu istatistiksel programla akrabalık ilişkilerinin incelenmesi sonucunda Dice benzerlik katsayısı 0.553 olarak bulmuştur. Kullanılan 14 ISSR markörü ile ortalama polimorfik bant sayısı 10.21, ortalama polimorfizm oranını ise % 95.42 olarak elde etmiştir.

Umay ve ark. (2015), 18 farklı ekmeklik buğday türünü kullandıkları araştırmada, sürme hastalığı bulaşmış tohumların tespiti için *T. foetida*' ya özgü ISSR markörünün geliştirilmesi amaçlanmış, 25 farklı ISSR primeri denendiği, denenen ISSR markörler içinden ISSR-847 kodlu belirtecin spesifik 3 bant verdiği bildirilmiştir.

Yakışır (2015), 38 adet ekmeklik buğday genotipi kullanarak yürütmüş olduğu çalışmada, 10 adet SSR primeri kullanılarak genotiplerin kuraklık genlerinin varlığını tespit etmek amacıyla yapılan çalışmada, 10 SSR primerinden 7 tanesinin polimorfik özellik gösterdiği belirtilmiştir. Toplam 37 adet allel üretilmiş, lokus başına allel sayısı 1 - 7 arasında veriler alınmış, ortalama her SSR lokusu başına 3.7 allel hesap edilmiştir. Polimorfizm bilgi içeriği değeri 0.038 - 0.980 arasında değişiklik göstermiş, ortalama polimorfizm bilgi içeriği değeri 0.460 olarak bildirilmiştir. UPGMA analizi ile elde edilen dendogram verilerine göre genetik uzaklık değeri en düşük 0.67, en yüksek 1.00 arasında değişmiş ve ortalama genetik uzaklık oranının 0.84 olduğunu bildirmişlerdir.

Yorgancılar ve ark. (2015), moleküler markörlerin klasik ıslahta başarının artmasında rol oynayan tamamlayıcı ve destekleyici yöntemler olduğunu, gelişen moleküler markör teknolojisi ve markör destekli seleksiyon teknikleri sayesinde ıslah araştırmalarının daha sağlam bir biçimde yürütülebileceğini ve klasik ıslaha oranla daha kısa zamanda, başarılı ve güvenilir sonuçlara varılacağı bildirilmiştir.

Tekin ve ark. (2016), Türkiye orijinli 384 adet yulaf genotipi 40 SSR primeri ile taranarak genetik varyasyon belirleme amacıyla yaptıkları araştırmada, 130 allel elde edilmiş, dendogram verilerine bakıldığında yerel yulafların oldukça geniş varyasyonlar

gösterdiği bildirilmiştir. Çalışmada yulaf çeşitleri arasında genetik benzerlik oranı temelde % 51 olarak elde edildiği belirlenmiştir.

Furan ve ark. (2017), Van ve çevresinde kültürü yapılan lokal bir genotip olan Tir buğdayının sarı pasa dayanıklılığın moleküler düzeyde belirlenmesi üzerine yapılan araştırmada, SSR primeri toplam 221 polimorfik bant vermiş, primer başına ortalama polimorfik bant sayısı 5.2 olurken değerlendirmeye alınmış primerlerin polimorfik bilgi içerikleri 0.37 ile 0.41 arasında değişmiş olduğu bildirilmiştir. Lokal Tir genotipinin sarı pas dayanıklılık geni taşıdığı bilinen genotiplerle yakın ilgisi olduğu bildirilmiştir.

Geboloğlu ve Furan (2017), Türkiye’ de farklı lokasyonlardan toplanan 23 tane ekmeklik buğday çeşidinin 32 SSR markörü kullanılarak moleküler karakterizasyon tespiti amacıyla yaptıkları araştırmada, toplamda 174 polimorfik bant elde edilmiş, polimorfik bant sayısı 1 ile 12 arasında değişmiş ve ortalama polimorfik bant sayısı primer başına 5.43 olarak elde edilmiştir. Polimorfizmoranın en düşük % 60, en yüksek % 100 olduğunu ve ortalama polimorfizm değerinin % 96.07 olduğunu belirlemişlerdir. SSR markörü ile yapılan dendogram verilerine bakıldığında ise genotiplerin iki ana gruba ayrıldığı görülmüştür. Araştırma sonucunda SSR markörlerinin ekmeklik buğday çeşitlerini sınıflandırma ve tanımlamada yararlı ve kullanışlı olduğunu bildirmişlerdir.

Örs (2018), 2016-2017 üretim sezonunda tesadüf blokları deneme desenine göre yürütülen çalışmada, 20 adet ekmeklik buğday F₂ hatlarının kahverengi pasa dayanıklılık geninin tespiti amacıyla 6 SSR primeri kullanılarak taranmış ve F₂ genotiplerinin tümünün Lr 9, Lr 14, Lr 19, Lr 24, Lr 34 ve Lr 35 genleri yönünden incelendiği bildirilmiştir. Çalışma sonucunda, 14 genotipin Lr 35 genini, 16 genotipin Lr 14 genini, 3 genotipin Lr 19 genini ve 5 genotipin ise Lr 34 genini taşıdığı belirlenmiştir.

Güngör (2019), 14 adet makarnalık buğday çeşidiyle Kahramanmaraş lokasyonunda agronomik özellikler, kalite ve verim açısından 11 adet spesifik DNA primeri kullanarak yaptığı çalışmada, 20 lokusta sorgulamış ve primer başına allel sayısını 1.8 olarak bulmuştur. Ortalama polimorfizm içeriğini (PIC) 72,5 olarak belirlemiş, XGWM 47 markörü ve XGWM68 markörü % 27 ile en düşük polimorfizm içeriği (PIC) oranına sahip, XGWM18 markörü % 99 polimorfizm içeriği ile en yüksek (PIC) oranına sahip olmuştur. Dendogram verileri ışığında bakıldığında çeşitler arasından en benzer çeşitler Karakılçık ve Burgosolarak, en uzak çeşitler Dumlupınar ve Sarıbaşak olarak bulunmuştur.

3. MATERYAL VE YÖNTEM

3.1. Materyal

3.1.1.Bitki Materyali

Bu çalışmada, B28 ile Kunduru-1149 yerel makarnalık buğday genotipleri ve bu genotiplerin resiprokal melezlemesi sonucu elde edilen 13 adet F₅ kademesindeki bireyler kullanılmıştır. Melez popülasyonuna ait bireyler DNA elde edilebilmesi için genotiplere ait tek tohumlar toprak (1/2) ve torf (1/2) karışımı bulunan pet bardaklara ekilmiştir. Bitkiler 25 °C sıcaklığındaki çimlenme kabiniinde 2 yapraklı döneme geçene kadar yetiştirilmiştir.

3.2. Metot

3.2.1. Moleküler Çalışmalar

3.2.1.1. Yaprak örneklerinin alınması

B28 ile Kunduru-1149 makarnalık buğday genotipi ve bu ebeveynlerin resiprokal melezlemesi sonucu elde edilen 13 adet F₅ bireylerinden alınan yaprak numuneleri uygun laboratuvar koşullarında 2 ml' lik ependorf tüpler içerisine yerleştirilmiştir. Alınan numuneler sıvı azot aracılığı ile öğütülmüş ve arkasından DNA izolasyonu yapılmıştır.

3.2.1.2. DNA izolasyonu

DNA izolasyonu cetyltrimethylammoniumbromide (CTAB) yöntemi ile (Oliver ve ark. 2010) aşağıda belirtilen şekilde yapılmıştır.

Her bir örnekten 2 adet genç yaprak alınmış ve alınan yapraklar sıvı azot ile 2 ml'lik ependorf tüpler içerisinde ezilmiştir. Tüplerin 1 ml izolasyon solüsyonu (0.5 M EDTA (pH:8), 5M NaCl, 1 M Tris-HCl (pH:8), % 2 w/v CTAB, % 2 polyvinylpyrrolidone40, % 5 sarcosyl) eklenmiştir. Yavaşça alt üst edilen tüpler 1 saat boyunca 65°C sıcaklıktaki su banyosunda bekletilmiştir. Örnekler su banyosunda bekletildikten sonra alınarak üzerine 1 ml chloroform:isoamil alkol (24:1) eklenerek 10000 (rpm) devirde 20 dakika santrifüj edilmiştir. Santrifüj işlemi bittikten sonra üst katmanda kalan sıvı yaprak parçacıkları ile karıştırılmadan steril olan yeni tüplere konulmuştur. Bu yeni tüplere, koymuş olduğumuz sıvı miktarı kadar isopropanol (-20°C) eklenerek 10000 (rpm) devirde 30 dakika santrifüj işlemi yapılarak mevcut DNA'ların tüpün dip kısmına çökmesi sağlanarak sıvı kısım DNA'dan uzaklaştırılmıştır.

Çöken DNA'ların üzerine 1 ml % 70' lik etanol eklenerek 13000 (rpm) devir ile 2 dakika boyunca santrifüj yapılmış ve tekrar sıvı kısım uzaklaştırılarak işlem tekrar edilmiştir. Santrifüj işlemi bittikten sonra 1 ml % 96' lik etanol eklenerek 13000 (rpm) devir ile yine 2 dakika boyunca santrifüj yapılarak DNA'lar temizlenmiş ve ardından kurumaya bırakılmıştır. Kurumuş olan DNA'lara 250 µl RNAse solüsyonu (10 mMTris-HCl (pH7-7.5), toz RNAse) eklenmiş ve bu şekilde DNA izolasyonu tamamlanmıştır.

3.2.1.3. İzole edilen DNA konsantrasyonları ölçümü

İzole edilen DNA'ların konsantrasyon ve saflıklarını belirlemek için Nanodropspektrofotometre (ThermoNanodrop 2000 spektrofotometre) cihazı ile ölçüm yapılmıştır. Ardından markör çalışmalarında kullanılmak amacı ile DNA konsantrasyonları 50 ng/µl olacak şekilde seyreltilmiştir. Nanodropspektrofotometre (ThermoNanodrop 2000 spektrofotometre) analizi sonuçlarına ait veriler Çizelge 3.1.'de gösterilmiştir.

Çizelge 3.1. Nanodropspektrofotometre analiz sonuçlarına ait veriler

Genotipler	Nükleik Asit Kon.	Birim	260/280
Kunduru-1149	107.3	ng/µl	1.86
B28	197.3	ng/µl	1.92
B28×Kunduru-1149_F5_1	112.8	ng/µl	1.88
B28×Kunduru-1149_F5_2	145.2	ng/µl	1.88
B28×Kunduru-1149_F5_3	9	ng/µl	1.8
B28×Kunduru-1149_F5_4	161.3	ng/µl	1.89
B28×Kunduru-1149_F5_5	95.8	ng/µl	1.84
B28×Kunduru-1149_F5_6	155.7	ng/µl	1.81
B28×Kunduru-1149_F5_7	221.9	ng/µl	1.88
Kunduru-1149×B28_F5_1	215.8	ng/µl	1.9
Kunduru-1149×B28_F5_2	200.9	ng/µl	1.9
Kunduru-1149×B28_F5_3	124.5	ng/µl	2.03
Kunduru-1149×B28_F5_4	192.7	ng/µl	1.9
Kunduru-1149×B28_F5_5	167.2	ng/µl	1.9
Kunduru-1149×B28_F5_6	258.5	ng/µl	1.92

3.2.2. DNA primerleri

Çalışmada 10 adet allel spesifik DNA markörü kullanılmıştır. Tüm genotiplerde yapılan taramalarda kalite ve bazı hastalıklar dikkate alınmış ve DNA markörleri bu kriterler göz önünde bulundurularak seçilmiştir. Çizelge 3.2.'de çalışmada kullanılan DNA markörlerine ait primer adı, primer dizisi (5'-3'), gen bölgesi, beklenen bant uzunluğu (bç) ve markör verileri belirtilmiştir.

Çizelge 3.2. Moleküler karakterizasyon çalışmasında kullanılan DNA primerleri

No	Primer Adı	Primer Dizisi(5'-3')	Referans	Gen Bölgesi	Beklenen Bant Uzunluğu (bp)	Markör
1	Bx7 ^{OE} _F Bx7 ^{OE} _R	CCTCAGCATGCAAACATGCAGC CTGAAACCTTTGGCCAGTCATGTC	Butow ve ark., 2003	Glüten Mukavemeti	563	Eş-Baskın
2	SUN104_F SUN104_R	TGCTATGTGCGTGATGATGA TTACATGCTCCAGCGACTTG	Randhawa ve ark., 2014	Sarı Pas Yr51	225	Baskın
3	SUN209_F SUN209_R	AG CTATGAGCTTCGCTATTG GTGATTGGTTCGGATTACTTA	Bansal ve ark., 2015	Kara Pas Sr49	148	Eş-Baskın
4	SUN479_F SUN479_R	CAAATGAAATGTGATCCTGTT TCATCTAACCAGCAATGGTAT	Bansal ve ark., 2015	Kara Pas Sr49	200	Eş-Baskın
5	UHW89_BF UHW89_R	TCTCCAAGAGGGGAGAGACA TTCTCTACCCATGAATCTAGCA	Distelfeld ve ark., 2006	Yüksek Protein Gpc-B1	122	Eş-Baskın
6	XGWM18_F XGWM18_R	TTGCTACCATGCATGACCAT TTCACCTCGATTGAGGTCCT	Roder ve ark., 1998	Sarı Pas	186,190	Eş-Baskın
7	XGWM47_F XGWM47_R	TTGCTACCATGCATGACCAT TTCACCTCGATTGAGGTCCT	Roder ve ark., 1998	Sarı Pas	190	Eş-Baskın
8	XGWM66_F XGWM66_R	TTGCTACCATGCATGACCAT TTCACCTCGATTGAGGTCCT	Roder ve ark., 1998	Külleme	137	Eş-Baskın
9	XGWM130_F XGWM130_R	AGCTCTGCTTCACGAGGAAG CTCTCTTTATATCGCGTCCC	Roder ve ark., 1998	Kahverengi pas Lr34	121,126	Eş-Baskın
10	XWGP115_F XWGP115_R	AGTGTCTTGTAGGGTATC TCAGGCCGTGAAAAATAT	Roder ve ark., 1998	Sarı Pas Yr45	492	Eş-Baskın

3.2.3. Polimeraz zincir reaksiyonları (PZR) ve fragment analizleri

PZR; 0.02 ml hacminde 96' lık PZR platelerine; 3 µl 10x buffer, 1.2 µl MgCl₂, 1 µl dNTP karışımı (10 mM karışım (A+T+G+C)), DNA primer çifti (1 µl F ve 1 µl R), 9.5 µl ddH₂O, ve 0.3 µl Taq DNA polimeraz (5U/µl, Fermantes), 3 µl (50 ng) genomik DNA, olacak şekilde toplamda 20 µl PZR solüsyonu hazırlanmıştır.

PZR reaksiyonları; 95 °C sıcaklıkta 5 dakika süre ile işlem uyguladıktan sonrasında 95°C' de 1 dakika (DNA iplikçiklerinin birbirinden ayrışması), 55 °C' de 1 dakika (tavlama-primerlerin yapışması) ve 72 °C' de 1 dakika (DNA'nın eşleşmesi) işlem uygulanarak, 95 °C – 72 °C arasında 35 döngü yapılması sağlanarak son adımda 72 °C' de 5 dakika çalıştırılarak işlemin tamamlanması sağlanmıştır. Bitirilmiş olan PZR örnekleri kullanıma hazır olacak şekilde -20 °C' de beklemeye alınmıştır.

Uygulanan PZR işleminden sonra elde edilen örneklerinin fragment analizleri Qiagen firmasına ait 'QIAxcel Advanced System' fragment analiz cihazında yapılmış ve sonuç olarak genotiplere ait DNA bantlarına ulaşılmıştır.

3.3. İstatistiksel Analizler

3.3.1. Moleküler verilerin değerlendirilmesi

3.3.1.1. DNA bantlarının skorlanması

15 adet makarnalık buğday genotipinin uygulanan fragment analiz sonucu değerlendirilerek okuma aralığı 15 tane baz çifti ile 5000 tane baz çifti arasında seçilmiştir. Skorlama işlemi aşamasında hassasiyet ± 3 baz çifti olarak kabul edilmiş ve bu parametrelere göre alleller değerlendirmeye alınmıştır.

3.3.1.2. Veri analizi

Çalışmanın sonucunda elde edilen genetik veriler ile çalışmada kullanılan makarnalık buğday genotipleri arasında benzerlik ve genotiplere ait olan alleller hakkında bilgi sağlanmıştır. Genotiplerin genetik benzerlikleri NTSYSpc 2.21q (Rohlf, 2005) programı üzerinden Dice indeks (Dice, 1945) kullanılarak hesaplama yapılmıştır. Aynı ayrı her bir genotipe ait DNA bantları ‘0’ veya ‘1’ olarak kodlanarak binary (ikili) veri matrisi oluşturulmuş ve bu matris yardımıyla da UPGMA (Unweighted Pair Group Method Arithmetic Average) kullanılarak, genotiplerin birbiri ile benzerlik durumlarını gösteren dendogram oluşturulmuştur.

3.4. Polimorfizm Bilgi İçeriklerinin Hesaplanması

Moleküler ölçümlerde kullanılan her bir DNA için polimorfizm bilgi içerikleri Weir (1996) ‘e göre aşağıdaki formül yardımı ile hesaplanmıştır.

$$PIC=1-\sum P_i^2$$

P_i ; çalışmada araştırılan 15 makarnalık buğday genotipinde (Kunduru-1149, B28, B28/Kunduru_F5_1, B28/Kunduru_F5_2, B28/Kunduru_F5_3, B28/Kunduru_F5_4, B28/Kunduru_F5_5, B28/Kunduru_F5_6, B28/Kunduru_F5_7, Kunduru/B28_F5_1, Kunduru/B28_F5_2, Kunduru/B28_F5_3, Kunduru/B28_F5_4, Kunduru/B28_F5_5, Kunduru/B28_F5_6) i’ ninci allelin frekansdır.

4. BULGULAR VE TARTIŞMA

4.1. Kullanılan Markörlerin Polimorfizmi Bilgi İçerikleri (PIC) ve Allel Sayıları

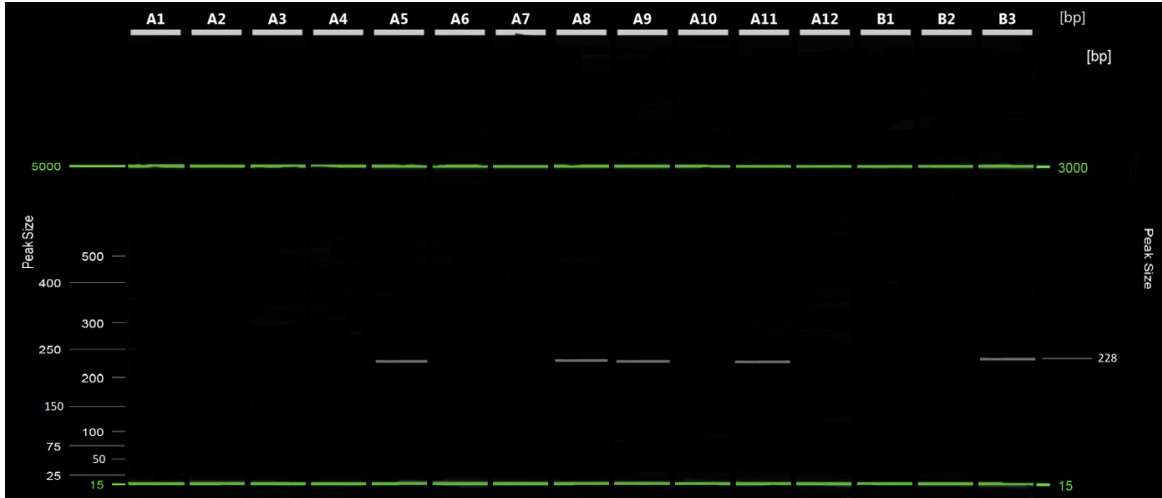
Çalışmada kullanılan B28 ve Kunduru-1149 ile 13 adet F₅ kademesindeki B28/Kunduru-1149, Kunduru-1149/B28 melez makarnalık buğday genotiplerinin arasındaki benzerlik ilişkisi, 10 adet DNA markörü ile taranmıştır. Çalışmada polimorfik bant veren 10 adet DNA markörü ile 15 adet makarnalık buğday genotipi taranmıştır. Toplam allel sayısı 50, ortalama allel sayısı 5 olarak hesaplanmıştır. En fazla bant üreten 563 bç ile Bx7^{0E} markörü olurken, en az bant üreten 122 bç ile UHW89 ve 121-126 bç arası bant üreten XGWM130 markörü olmuştur.

Çalışmada ortalama polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değeri ortalama olarak 0.98 olarak hesaplanmıştır. En yüksek PIC (polimorfizm bilgi içeriği) değeri 0.99, en düşük PIC değeri de 0.96 olarak hesaplanmıştır. Genotiplerin taranmasında kullanılan DNA markörlerinin nükleotit sıralanışı, allel sayıları ve polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değerleri Çizelge 4.1’ de gösterilmiştir.

Çizelge 4.1. Genotiplerin taranmasında kullanılan SSR markörlerinin nükleotit dizilimleri, allel sayıları ve polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değerleri

No	Primer Adı	Allel Sayısı	PIC Değeri
1	Bx7 ^{0E} _F Bx7 ^{0E} _R	5	0.99
2	SUN104_F SUN104_R	6	0.99
3	SUN209_F SUN209_R	6	0.99
4	SUN479_F SUN479_R	4	0.99
5	UHW89_BF UHW89_R	5	0.99
6	Xgwm18_F Xgwm18_R	5	0.99
7	Xgwm47_F Xgwm47_R	4	0.99
8	Xgwm66_F Xgwm66_R	4	0.99
9	Xgwm130_F Xgwm130_R	6	0.99
10	Xwgp115_F Xwgp115_R	5	0.96

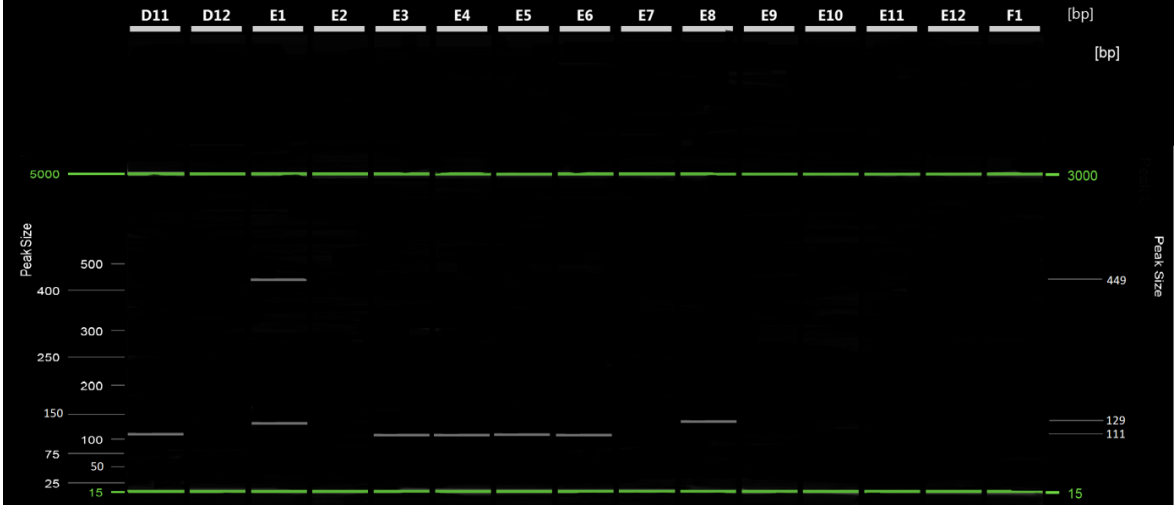
4.2. Taranan Primerlere Ait Jel Görüntüleri



Şekil 4.1. SUN104 markörüne ait jel görüntüsü (A1:Kunduru-1149, A2:B28, A3: B28/Kunduru-1149_F5_1, A4:B28/Kunduru-1149_F5_2, A5:B28/Kunduru-1149_F5_3, A6:B28/Kunduru-1149_F5_4, A7:B28/Kunduru-1149_F5_5, A8:B28/Kunduru-1149_F5_6, A9:B28/Kunduru-1149_F5_7, A10:Kunduru-1149/B28_F5_1, A11:Kunduru-1149/B28_F5_2, A12:Kunduru-1149/B28_F5_3, B1:Kunduru-1149/B28_F5_4, B2:Kunduru-1149/B28_F5_5, B3:Kunduru-1149/B28_F5_6)

SUN104 primeri, sarı pas *Yr51* hastalığına dayanıklılık genlerini belirlemede kullanılan bir primerdir. Genotipler arasında B28/Kunduru-1149_F5_3, B28/Kunduru-1149_F5_6, B28/Kunduru-1149_F5_7, Kunduru-1149/B28_F5_2 ve Kunduru-1149/B28_F5_6 hatlarında sarı pas *Yr51* geni bulunduğu anlaşılmıştır (Şekil4.1).

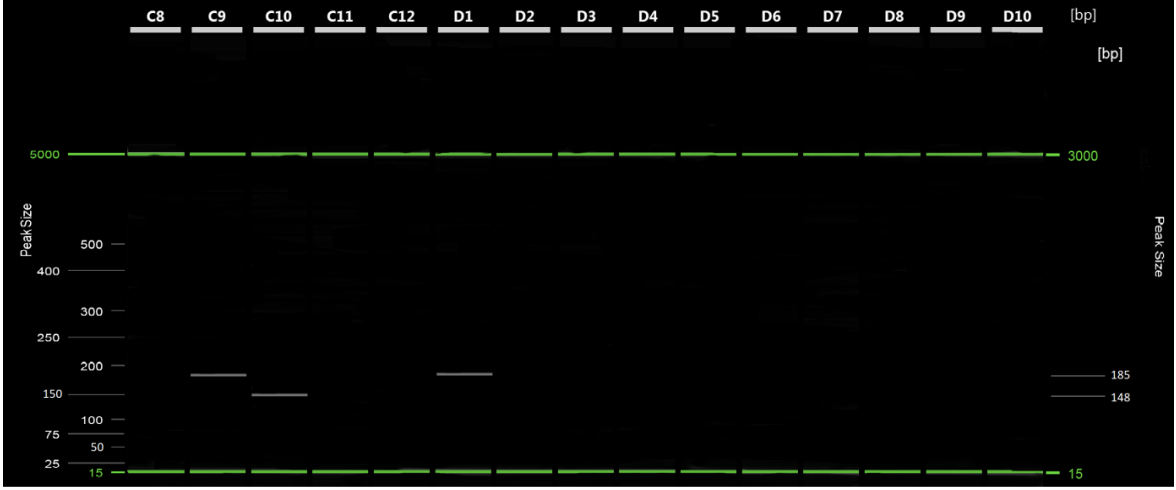
Randhawa ve ark. (2014) tarafından yapılan ölçümler neticesinde SUN104 primerinin çoğalttığı 225 bç DNA bandının sarı pas *Yr51* hastalığı ile bağlantılı olduğu belirlenmiştir.



Şekil 4.2. Bx7^{OE} markörüne ait jel görüntüsü (D11:Kunduru-1149, D12:B28, E1:B28/Kunduru-1149_F5_1, E2:B28/Kunduru-1149_F5_2, E3:B28/Kunduru-1149_F5_3, E4:B28/Kunduru-1149_F5_4, E5:B28/Kunduru-1149_F5_5, E6:B28/Kunduru-1149_F5_6, E7:B28/Kunduru-1149_F5_7, E8: Kunduru-1149/B28_F5_1, E9:Kunduru-1149/B28_F5_2, E10:Kunduru-1149/B28_F5_3, E11: Kunduru-1149/B28_F5_4, E12: Kunduru-1149xB28_F5_5, F1:Kunduru-1149/B28_F5_6)

Bx7^{OE} markörü, gluten mukavetine ait genleri belirlemek için kullanılan bir belirteç olmakla birlikte taranan genotipler arasında beklenen bant uzunluğunu veren genotip bulunamamıştır. Fakat Kunduru-1149, B28/Kunduru-1149_F5_3, B28/Kunduru-1149_F5_4, B28/Kunduru-1149_F5_5 ve B28/Kunduru-1149_F5_6 genotipleri 111 bant uzunluğu, B28/Kunduru-1149_F5_1 genotipi 129 ve 449 bant uzunluğu, Kunduru-1149/B28_F5_1 genotipi de 129 bant uzunluğu vermiştir (Şekil 4.2).

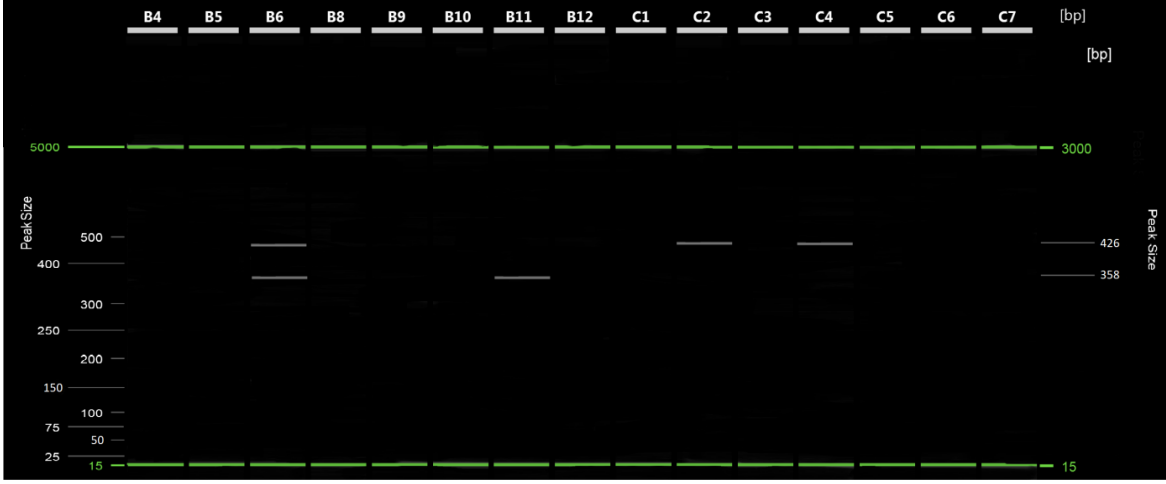
Butow ve ark. (2003), yaptıkları araştırmalar sonucunda, Bx7^{OE} primerinin 563 bp DNA bandının gluten mukavemeti geni ile bağlantılı olduğu tespit edilmiştir.



Şekil 4.3. SUN209 markörüne ait jel görüntüsü (C8:Kunduru-1149, C9:B28, C10:B28/Kunduru-1149_F5_1, C11:B28/Kunduru-1149_F5_2, C12:B28/Kunduru-1149_F5_3, D1:B28/Kunduru-1149_F5_4, D2:B28/Kunduru-1149_F5_5, D3:B28/Kunduru-1149_F5_6, D4:B28/Kunduru-1149_F5_7, D5:Kunduru-1149/B28_F5_1, D6:Kunduru-1149/B28_F5_2, D7:Kunduru-1149/B28_F5_3, D8:Kunduru-1149/B28_F5_4, D9:Kunduru-1149/B28_F5_5, D10:Kunduru-1149/B28_F5_6)

SUN209 markörü, kara pas *Sr49* hastalığına dayanıklılık genlerinin varlığını tayin etmede kullanılan bir belirteçtir. Taranan genotipler arasından B28/Kunduru-1149_F5_1 genotipinde kara pas geni *Sr49* bulunduğu tespit edilmiştir. B28 ve B28/Kunduru-1149_F5_4 genotipleri ise 185 bant uzunluğu göstermiştir (Şekil 4.3).

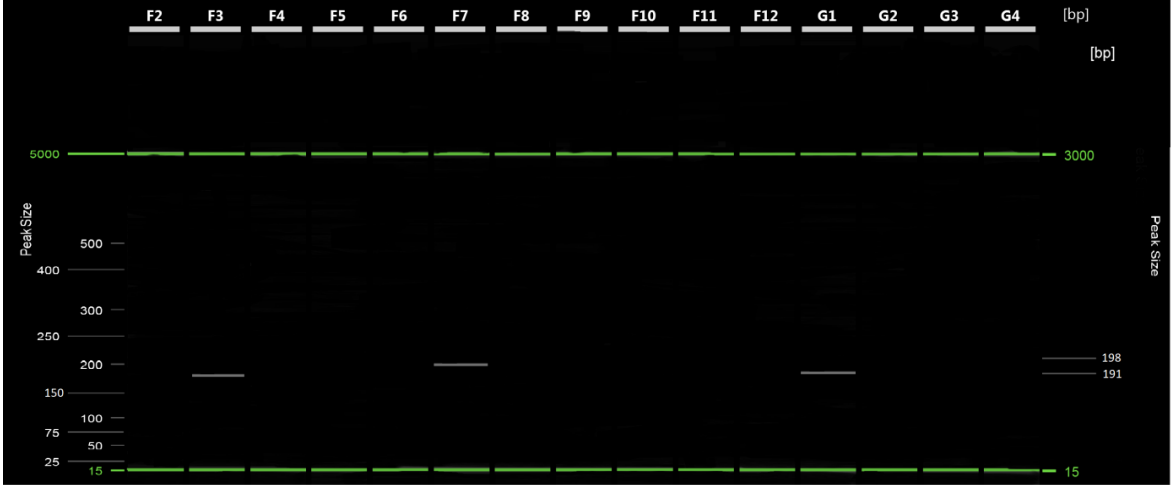
Bansal ve ark. (2015), yapmış olduğu araştırmada, SUN209 primerinin meydana getirdiği 148 bp DNA bant uzunluğunun kara pas *Sr49* hastalığına dayanıklılık geniyle bağlantılı olduğu bildirilmiştir.



Şekil 4.4. UHW89 markörüne ait jel görüntüsü (B4:Kunduru-1149, B5:B28, B6: B28/Kunduru-1149_F5_1, B8: B28/Kunduru-1149_F5_2, B9: B28/Kunduru-1149_F5_3, B10: B28/Kunduru-1149_F5_4, B11: B28/Kunduru-1149_F5_5, B12:B28/Kunduru-1149_F5_6, C1: B28/Kunduru-1149_F5_7, C2: Kunduru-1149/B28_F5_1, C3: Kunduru-1149/B28_F5_2, C4: Kunduru-1149/B28_F5_3, C5: Kunduru-1149/B28_F5_4, C6: Kunduru-1149/B28_F5_5, C7: Kunduru-1149/B28_F5_6)

UHW89 markörü, yüksek protein *Gpc-B1* içeren genlerin varlığını tespit etmede kullanılan bir belirteçdir. Taranan genotipler içerisinde beklenen bant uzunluğunu gösteren hat bulunamamıştır. B28/Kunduru-1149_F5_1 genotipi 358 ve 426 bant uzunluğu gösterirken, B28/Kunduru-1149_F5_5 genotipi 358 bant uzunluğu, Kunduru-1149/B28_F5_1 ve Kunduru-1149/B28_F5_3 genotipleri 426 bant uzunluğu göstermiştir (Şekil 4.4).

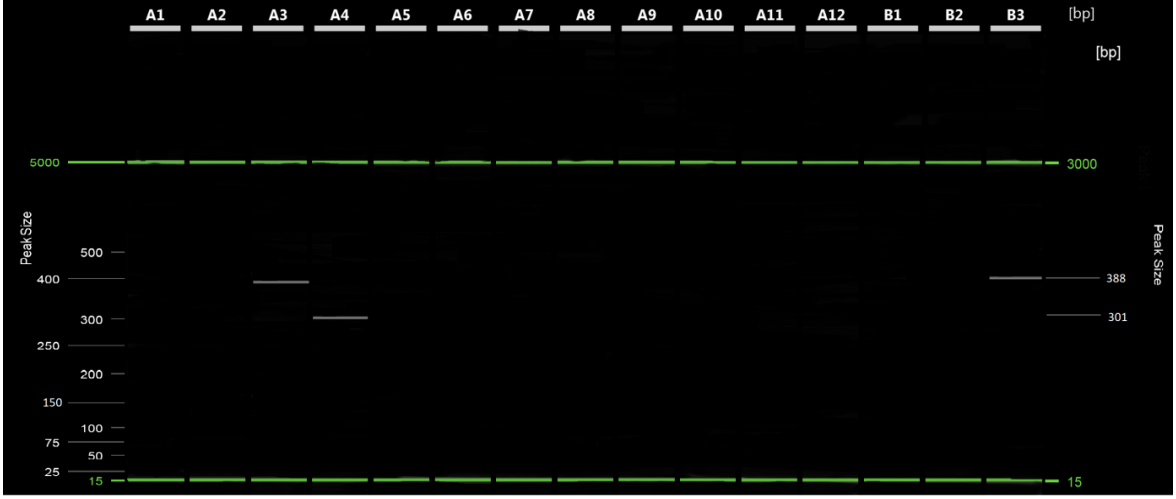
Distelfeld ve ark. (2006), UHW89 primerini kullanarak yapmış oldukları çalışmalar sonucunda, 122 bç DNA bandının yüksek protein *Gpc-B1* geni ile ilişkili olduğunu bildirmişlerdir.



Şekil 4.5. SUN479 markörüne ait jel görüntüsü (F2:Kunduru-1149, F3:B28, F5:B28/Kunduru-1149_F5_1, F5:B28/Kunduru-1149_F5_2, F6:B28/Kunduru-1149_F5_3, F7:B28/Kunduru-1149_F5_4, F8:B28/Kunduru-1149_F5_5, F9:B28/Kunduru-1149_F5_6, F10:B28/Kunduru-1149_F5_7, F11:Kunduru-1149/B28_F5_1, F12:Kunduru-1149/B28_F5_2, G1:Kunduru-1149/B28_F5_3, G2:Kunduru-1149/B28_F5_4, G3:Kunduru-1149/B28_F5_5, G4:Kunduru-1149/B28_F5_6)

SUN479 markörü, kara pas *Sr49* hastalığına dayanıklılık genlerine tayin etmede kullanılan bir belirteçtir. Taranan genotipler içerisinde B28/Kunduru-1149_F5_4 hattında kahverengi pas *Sr49* hastalığına dayanıklılık geni belirlenmiştir. B28 ve Kunduru-1149/B28_F5_3 genotiplerinde 191 bant uzunluğu belirlenmiştir (Şekil4.5).

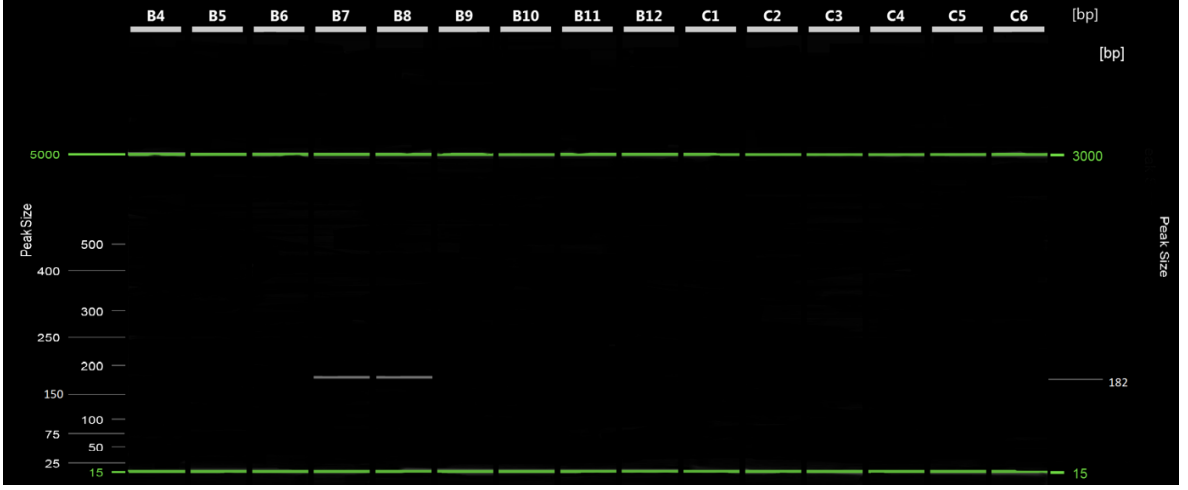
Bansal ve ark. (2015), SUN479 primerini kullanarak yaptıkları araştırmada, 200 bç DNA uzunluğunun kahverengi pas *Sr49* geni ile ilişkili olduğu tespit edilmiştir.



Şekil 4.6. XWGP115 markörüne ait jel görüntüsü (A1:Kunduru-1149, A2:B28, A3:B28/Kunduru-1149_F5_1, A4:B28/Kunduru-1149_F5_2, A5:B28/Kunduru-1149_F5_3, A6:B28/Kunduru-1149_F5_4, A7:B28/Kunduru-1149_F5_5, A8:B28/Kunduru-1149_F5_6, A9:B28/Kunduru-1149_F5_7, A10:Kunduru-1149/B28_F5_1, A11:Kunduru-1149/B28_F5_2, A12:Kunduru-1149/B28_F5_3, B1:Kunduru-1149/B28_F5_4, B2:Kunduru-1149/B28_F5_5, B3:Kunduru-1149/B28_F5_6)

XWGP115 markörü, sarı pas *Yr45* hastalığına dayanıklılık genini belirlemek amacıyla kullanılan bir belirteçdir. Taranan genotipler içerisinde beklenen bant değerine ulaşan hat tespit edilememiştir. B28/Kunduru-1149_F5_1 ve Kunduru-1149/B28_F5_6 genotipinde 388 bant uzunluğu, B28/Kunduru-1149_F5_2 genotipinde ise 301 bant uzunluğu belirlenmiştir (Şekil4.6).

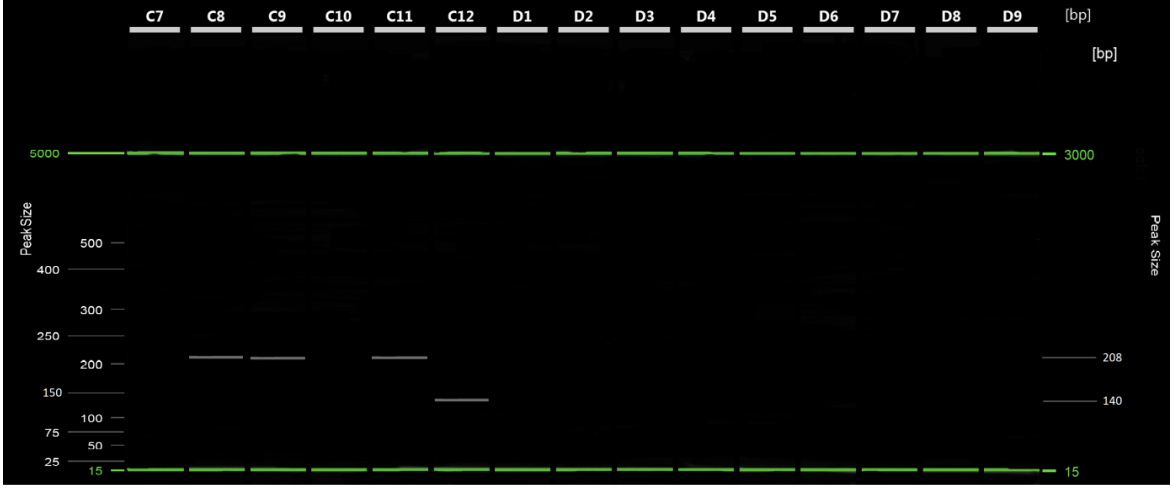
Roder ve ark. (1998), XGWP115 primerini kullanarak yaptıkları çalışmada, 492 bç DNA uzunluğunun sarı pas *Yr45* geni ile bağlantılı olduğunu belirlemişlerdir.



Şekil 4.7. XGWM18 markörüne ait jel görüntüsü (B4:Kunduru-1149, B5:B28, B6:B28/Kunduru-1149_F5_1, B7:B28 ×Kunduru-1149_F5_2, B8:B28/Kunduru-1149_F5_3, B9:B28/Kunduru-1149_F5_4, B10:B28/Kunduru-1149_F5_5, B11:B28/Kunduru-1149_F5_6, B12:B28/Kunduru-1149_F5_7, C1:Kunduru-1149/B28_F5_1, C2:Kunduru-1149/B28_F5_2, C3:Kunduru-1149/B28_F5_3, C4:Kunduru-1149/B28_F5_4, C5:Kunduru-1149/B28_F5_5, C6: Kunduru-1149/B28_F5_6)

XGWM18 markörü sarı pas dayanıklılık genini belirlemek amacıyla kullanılan bir belirteçtir. Taranan genotipler içerisinde B28/Kunduru-1149_F5_2 ve B28/Kunduru-1149_F5_3 genotiplerinde sarı pas dayanıklılık geni belirlenmiştir (Şekil4.7).

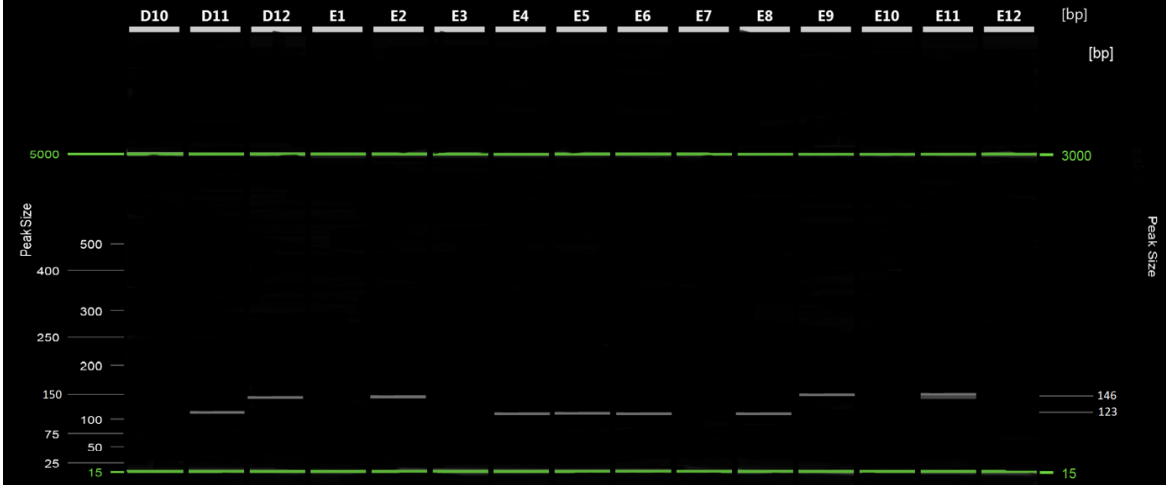
Roder ve ark. (1998), XGWM18 primerini kullanarak yaptıkları araştırmada, 186 ve 190 bp DNA uzunluğunun sarı pas geni ile bağlantılı olduğunu bildirmişlerdir.



Şekil 4.8. XGWM130 markörüne ait jel görüntüsü (C7:Kunduru-1149, C8: B28, C9:B28/Kunduru-1149_F5_1, C10:B28/Kunduru-1149_F5_2, C11:B28/Kunduru-1149_F5_3, C12:B28/Kunduru-1149_F5_4, D1:B28/Kunduru-1149_F5_5, D2:B28/Kunduru-1149_F5_6, D3:B28/Kunduru-1149_F5_7, D4:Kunduru-1149/B28_F5_1, D5:Kunduru-1149/B28_F5_2, D6:Kunduru-1149/B28_F5_3, D7:Kunduru-1149/B28_F5_4, D8:Kunduru-1149/B28_F5_5, D9:Kunduru-1149/B28_F5_6)

XGWM130 markörü kahverengi pas *Lr34* genini belirlemek amacıyla kullanılan bir belirteçtir. Taranan genotipler içerisinde beklenen bant uzunluğunu gösteren hatta rastlanmamıştır. B28/Kunduru-1149_F5_4 genotipinin 140 bant uzunluğu, B28, B28/Kunduru-1149_F5_1 ve B28/Kunduru-1149_F5_3 genotiplerinin ise 208 bant uzunluğu gösterdiği belirlenmiştir (Şekil 4.8).

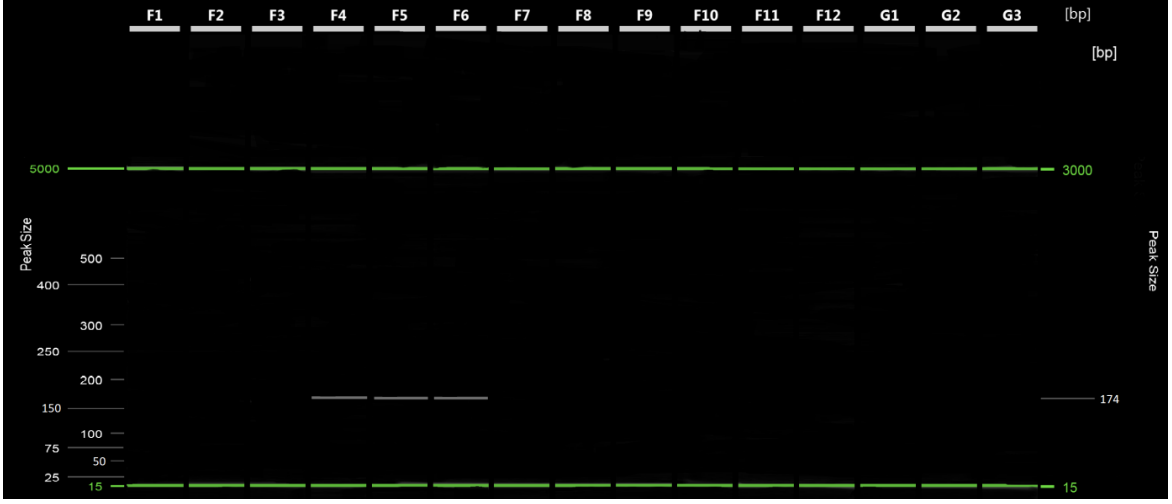
Roder ve ark. (1998), XGWM130 markörünü kullanarak yaptıkları çalışmada 121 ve 126 bç DNA bant uzunluğunun kahverengi pas *Lr34* geniyle bağlantılı olduğunu bildirmişlerdir.



Şekil 4.9. XGWM66 markörüne ait jel görüntüsü (D10:Kunduru-1149, D11:B28, D12: B28/Kunduru-1149_F5_1, E1:B28/Kunduru-1149_F5_2, E2:B28/Kunduru-1149_F5_3, E3:B28/Kunduru-1149_F5_4, E4:B28/Kunduru-1149_F5_5, E5:B28/Kunduru-1149_F5_6, E6: B28/Kunduru-1149_F5_7, E7:Kunduru-1149/B28_F5_1, E8:Kunduru-1149/B28_F5_2, E9:Kunduru-1149/B28_F5_3, E10:Kunduru-1149/B28_F5_4, E11:Kunduru-1149/B28_F5_5, E12:Kunduru-1149/B28_F5_6)

XGWM66 markörü kütleme geninin tespiti amacıyla kullanılan bir belirteçtir. Taranan genotipler içerisinde beklenen bant uzunluğunu gösteren hatta rastlanılmamıştır. B28, B28/Kunduru-1149_F5_5, B28/Kunduru-1149_F5_6, B28/Kunduru-1149_F5_7 ve Kunduru-1149/B28_F5_2 genotipleri 123 bant uzunluğu, B28/Kunduru-1149_F5_1, B28/Kunduru-1149_F5_3, Kunduru-1149/B28_F5_3 ve Kunduru-1149/B28_F5_5 genotipleri ise 146 bant uzunluğu göstermiştir (Şekil4.9).

Roder ve ark. (1998), XGWM66 primerini kullanarak yaptıkları çalışmalar sonucunda 137 bç DNA uzunluğunun kütleme hastalığı geni ile bağlantılı olduğu belirlenmiştir.



Şekil 4.10. XGWM47 markörüne ait jel görüntüsü (F1:Kunduru-1149, F2:B28, F3:B28/Kunduru-1149_F5_1, F5:B28/Kunduru-1149_F5_2, F5:B28/Kunduru-1149_F5_3, F6:B28/Kunduru-1149_F5_4, F7:B28/Kunduru-1149_F5_5, F8:B28/Kunduru-1149_F5_6, F9:B28/Kunduru-1149_F5_7, F10:Kunduru-1149/B28_F5_1, F11:Kunduru-1149/B28_F5_2, F12:Kunduru-1149/B28_F5_3, G1:Kunduru-1149/B28_F5_4, G2:Kunduru-1149/B28_F5_5, G3:Kunduru-1149/B28_F5_6)

XGWM47 markörü sarı pas geninin varlığını belirlemek amaçlı kullanılan bir belirteçdir. Taranan genotipler içerisinde sarı pas genini içeren hat görülmemiştir. B28/Kunduru-1149_F5_2, B28/Kunduru-1149_F5_3 ve B28/Kunduru-1149_F5_4 hatları 174 bant uzunluğu göstermiştir (Şekil 4.10).

Roder ve ark. (1998), XGWM47 primerini kullanarak yaptıkları çalışmalar neticesinde 190 bp DNA uzunluğunun sarı pas geni ile bağlantılı olduğu bildirilmiştir.

DNA primerleri ile taranan hatlardan elde edilen veriler Çizelge 4.2 'de gösterilmiştir.

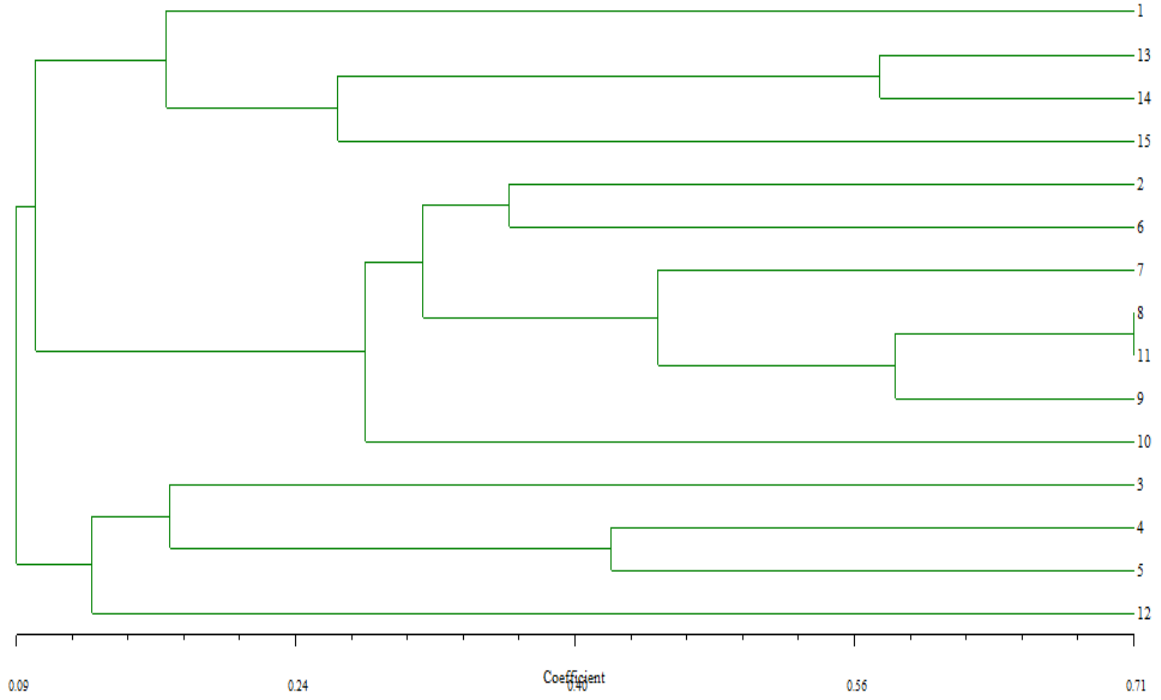
Çizelge 4.2. B28, Kunduru-1149, Kunduru-1149/B28 ve B28/Kunduru-1149 melez kombinasyonlarının allellik varyasyonları

Markörler Genotipler	SUN 104	UHW89	SUN209	BX7 ^{OE}	SUN479	XWGP115	XGWM18	XGWM130	XGWM66	XGWM47
Kunduru-1149	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
B28	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
B28/Kunduru-1149 F ₅ 1	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-
B28/Kunduru-1149 F ₅ 2	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-
B28/Kunduru-1149 F ₅ 3	+	-	-	-	-	-	+	-	-	-
B28/Kunduru-1149 F ₅ 4	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-
B28/Kunduru-1149 F ₅ 5	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
B28/Kunduru-1149 F ₅ 6	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-
B28/Kunduru-1149 F ₅ 7	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Kunduru-1149/B28 F ₅ 1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Kunduru-1149/B28 F ₅ 2	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Kunduru-1149/B28 F ₅ 3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Kunduru-1149/B28 F ₅ 4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Kunduru-1149/B28 F ₅ 5	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Kunduru-1149/B28 F ₅ 6	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-

4.3.Genotiplerin Durumuna Göre Oluşturulmuş Filogenetik Ağaç ve Genotipler Arasındaki Genetik Benzerlikler

15 adet makarnalık buğday genotipleri 10 adet DNA primeri ile tarama yapıldıktan sonra ulaşılan veriler UPGMA (Unweighed Pair Group Method of Arithmetic Averages) metodu kullanılarak, Weir (1996), genetik mesafe makriksibaz alınarak genotiplere ait filogenetik ağaç oluşturulmuştur (Şekil 4.11).

Yapılan taramalarda ‘Sarı Pas, Kahverengi Pas, Kara Pas ve Külleme ’ gibi hastalık türleri ile ‘Glüten Mukavemeti, Yüksek Protein Gpc-B1 içeriği’ gibi kalite özelliklerine ilişkin veriler ışığında belirlenen filogenetik ağaç ilk olarak iki temel gruba ayrılmıştır. İlk grup kendi içerisinde iki alt gruba, ikinci grup da aynı şekilde kendi içerisinde iki alt gruba ayrılmıştır. Grup 1 ‘B28/Kunduru-1149_F5_1, B28/Kunduru-1149_F5_2, B28/Kunduru-1149_F5_3 ve Kunduru-1149/B28_F5_3’ genotiplerini içeren iki alt gruba (Alt Grup 1-1 ve Alt Grup 1-2) ayrılır iken , Grup 2 Kunduru-1149, Kunduru-1149/B28_F5_4, Kunduru-1149/B28_F5_5, Kunduru-1149/B28_F5_6, B28, B28/Kunduru-1149_F5_4, B28/Kunduru-1149_F5_5, B28/Kunduru-1149_F5_6, Kunduru-1149/B28_F5_2,B28/Kunduru-1149_F5_7 ve Kunduru-1149/B28_F5_1’ genotiplerini içeren iki alt gruba (Alt Grup 2-1 ve Alt Grup 2-2) ayrılmıştır.



Şekil 4.11. Genotiplere göre oluşturulmuş filogenetik ağaç (1:Kunduru-1149, 2:B28, 3:B28/Kunduru-1149_F5_1, 4:B28/Kunduru-1149_F5_2, 5:B28/Kunduru-1149_F5_3, 6:B28/Kunduru-1149_F5_4, 7:B28/Kunduru-1149_F5_5, 8:B28/Kunduru-1149_F5_6, 9:B28/Kunduru-1149_F5_7, 10:Kunduru-1149/B28_F5_1, 11:Kunduru-1149/B28_F5_2, 12:Kunduru-1149×B28_F5_3, 13:Kunduru-1149/B28_F5_4, 14:Kunduru-1149/B28_F5_5, 15:Kunduru-1149/B28_F5_6)

Weir (1996) göre hesaplanan genetik benzerlik, hatlar arasında benzerlik katsayısı yüzde (%) şeklinde hesaplanmıştır (Çizelge 4.12). Çizelge incelendiğinde tüm genotiplerde genetik benzerlik oranı 0 - 0.714 arasında değişmiş, ortalama genetik benzerlik oranı ise 0.163 olarak tespit edilmiştir. En az genetik benzerlik gösteren hatlar Kunduru-1149 ile B28/Kunduru_F5_7, Kunduru-1149 ile Kunduru/B28_F5_1, Kunduru-1149 ile Kunduru/B28_F5_3, B28 ile Kunduru/B28_F5_4, B28 ile Kunduru/B28_F5_5, B28 ile Kunduru/B28_F5_6, B28/Kunduru_F5_1 ile B28/Kunduru_F5_4, B28/Kunduru_F5_1 ile B28/Kunduru_F5_6, B28/Kunduru_F5_1 ile B28/Kunduru_F5_7, B28/Kunduru_F5_1 ile Kunduru/B28_F5_2, B28/Kunduru_F5_1 ile Kunduru/B28_F5_4, B28/Kunduru_F5_2 ile B28/Kunduru_F5_6, B28/Kunduru_F5_2 ile B28/Kunduru_F5_7, B28/Kunduru_F5_2 ile Kunduru/B28_F5_1, B28/Kunduru_F5_2 ile Kunduru/B28_F5_2, B28/Kunduru_F5_2 ile Kunduru/B28_F5_3, B28/Kunduru_F5_2 ile Kunduru/B28_F5_4, B28/Kunduru_F5_2 ile Kunduru/B28_F5_5, B28/Kunduru_F5_2 ile Kunduru/B28_F5_6, B28/Kunduru_F5_3 ile Kunduru/B28_F5_1, B28/Kunduru_F5_3 ile Kunduru/B28_F5_4, B28/Kunduru_F5_4 ile Kunduru/B28_F5_3, B28/Kunduru_F5_4 ile Kunduru/B28_F5_4, B28/Kunduru_F5_4 ile

Kunduru/B28_F5_5, B28/Kunduru_F5_4 ile Kunduru/B28_F5_6, B28/Kunduru_F5_5 ile Kunduru/B28_F5_3, B28/Kunduru_F5_5 ile Kunduru/B28_F5_4, B28/Kunduru_F5_5 ile Kunduru/B28_F5_5, B28/Kunduru_F5_5 ile Kunduru/B28_F5_6, B28/Kunduru_F5_6 ile Kunduru/B28_F5_3, B28/Kunduru_F5_7 ile Kunduru/B28_F5_3, B28/Kunduru_F5_7 ile Kunduru/B28_F5_5, Kunduru/B28_F5_2 ile Kunduru/B28_F5_3, Kunduru/B28_F5_2 ile Kunduru/B28_F5_4, Kunduru/B28_F5_2 ile Kunduru/B28_F5_5, Kunduru/B28_F5_3 ile Kunduru/B28_F5_4, Kunduru/B28_F5_3 ile Kunduru/B28_F5_6 arasında olurken, en fazla genetik benzerlik gösteren genotipler Kunduru-1149/B28_F5_2 ile B28/Kunduru-1149_F5_6 olarak gözlemlenmiştir.

Abdul ve Tahir (2008), tarafından 11 adet makarnalık ve ekmeklik buğday varyetelerinde SSR markörleri vasıtası ile çimlenme durumları ve moleküler karakteristiklerinin tespiti amacıyla farklı orijinlerden 11 adet SSR markörü kullanılarak 11 buğday varyetesi analiz edilmiş ve çalışmada genetik benzerlik oranını makarnalık buğdayda 0.333 - 0.818 arasında, ekmeklik buğdayda ise 0.2861 - 1 olarak saptamışlardır. Medini ve ark. (2005), buğdayla akraba 7 yabancı çeşit ve 34 Tunus makarnalık buğdayı ile genetik farklılıkları belirlemek üzere SSR ve AFLP belirteçlerini kullanarak yaptıkları çalışmada, SSR belirteci için genetik benzerlik oranını 0.036 - 0.727 arasında, AFLP belirteci için genetik benzerlik oranını 0.313 - 0.81 arasında olduğunu bildirmişlerdir.

Sevinç (2010), sarı pas genini tespit etmek amacıyla yapmış olduğu çalışmada 3 adet hastalığa dayanıklı ve 3 adet hastalığa duyarlı ekmeklik buğday çeşidini materyal olarak çalışmaya almış ve bunlardan F₂ kademesinde çeşitli kombinasyonlar elde ederek, SSR, ISSR ve SRAP olmak üzere 3 adet farklı moleküler belirteç kullanmıştır. SSR markörleri analizi sonucunda genetik benzerlik oranının 0.2552 - 0.4285, SRAP markörleri analizi sonucunda ise genetik benzerlik oranının 0.1924 - 0.331 aralığında bulunduğunu bildirmiştir.

Çizelge 4.3. Genotipler arası benzerlik şeması (Weir, 1996) (1:Kunduru-1149, 2:B28, 3:B28/Kunduru-1149_F5_1, 4:B28/Kunduru-1149_F5_2, 5:B28/Kunduru-1149_F5_3, 6:B28/Kunduru-1149_F5_4, 7:B28/Kunduru-1149_F5_5, 8:B28/Kunduru-1149_F5_6, 9:B28/Kunduru-1149_F5_7, 10:Kunduru-1149/B28_F5_1, 11:Kunduru-1149/B28_F5_2, 12:Kunduru-1149/B28_F5_3, 13:Kunduru-1149/B28_F5_4, 14:Kunduru-1149/B28_F5_5, 15:Kunduru-1149/B28_F5_6)

Geno tip	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
1	1.000														
2	0.095	1.000													
3	0.077	0.194	1.000												
4	0.133	0.100	0.080	1.000											
5	0.200	0.240	0.267	0.421	1.000										
6	0.235	0.364	0.000	0.250	0.286	1.000									
7	0.133	0.300	0.160	0.143	0.211	0.375	1.000								
8	0.125	0.286	0.000	0.000	0.300	0.471	0.533	1.000							
9	0.000	0.222	0.000	0.000	0.118	0.286	0.500	0.615	1.000						
10	0.000	0.222	0.174	0.000	0.000	0.286	0.167	0.462	0.200	1.000					
11	0.143	0.316	0.000	0.000	0.222	0.267	0.308	0.714	0.545	0.364	1.000				
12	0.000	0.105	0.167	0.000	0.222	0.000	0.000	0.000	0.000	0.182	0.000	1.000			
13	0.167	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.167	0.222	0.222	0.000	0.000	1.000		
14	0.182	0.000	0.095	0.000	0.133	0.000	0.000	0.182	0.000	0.250	0.000	0.222	0.571	1.000	
15	0.167	0.000	0.182	0.000	0.125	0.000	0.000	0.333	0.222	0.222	0.200	0.000	0.250	0.286	1.000

5. SONUÇ VE ÖNERİLER

Çalışmada B28, Kunduru-1149 makarnalık buğday çeşitleri ve bu çeşitlerin resiprokal melezleme yöntemiyle elde edilen 13 adet F₅ kademesindeki melez genotipleri (B28/Kunduru-1149, Kunduru-1149/B28) 10 adet belirteç kullanılarak çeşitli hastalık ve kalite parametreleri ile ilişkisi bulunan alleler tespit edilmiştir.

Yapılan analizlerde 15 adet makarnalık buğday genotipi (B28, Kunduru-1149, B28/Kunduru-1149_F₅_1, B28/Kunduru-1149_F₅_2, B28/Kunduru-1149_F₅_3, B28/Kunduru-1149_F₅_4, B28/Kunduru-1149_F₅_5, B28/Kunduru-1149_F₅_6, B28/Kunduru-1149_F₅_7, Kunduru-1149/B28_F₅_1, Kunduru-1149/B28_F₅_2, Kunduru-1149/B28_F₅_3, Kunduru-1149/B28_F₅_4, Kunduru-1149/B28_F₅_5, Kunduru-1149/B28_F₅_6), 10 adet DNA markör ile taranmıştır. En fazla bant üreten markör 563 bç ile Bx7^{OE} markörü olurken, en az bant üreten 122 bç ile UHW89 ve 121 - 126 bç arası bant üreten XGWM130 markörü olmuştur. Toplam allel sayısı 50, ortalama allel sayısı 5 olarak hesaplanmıştır. En yüksek PIC (polimorfizm bilgi içeriği) değeri 0.99, en düşük PIC değeri 0.96 ve ortalama PIC değeri 0.98 olarak elde edilmiştir.

Bütün genotiplere bakıldığında B28, Kunduru-1149, Kunduru-1149/B28 ve B28/Kunduru-1149 melezlerinin F₅ kademesindeki genotiplerinin ortalama genetik benzerlik oranı 0.163 olarak tespit edilmiş ve tüm hatlar arasında genetik benzerlik oranı 0 - 0.714 arasında değişmiştir. En düşük genetik benzerlik Kunduru-1149 ile B28/Kunduru_F₅_7, Kunduru-1149 ile Kunduru/B28_F₅_1, Kunduru-1149 ile Kunduru/B28_F₅_3, B28 ile Kunduru/B28_F₅_4, B28 ile Kunduru/B28_F₅_5, B28 ile Kunduru/B28_F₅_6, B28/Kunduru_F₅_1 ile B28/Kunduru_F₅_4, B28/Kunduru_F₅_1 ile B28/Kunduru_F₅_6, B28/Kunduru_F₅_1 ile B28/Kunduru_F₅_7, B28/Kunduru_F₅_1 ile Kunduru/B28_F₅_2, B28/Kunduru_F₅_1 ile Kunduru/B28_F₅_4, B28/Kunduru_F₅_2 ile B28/Kunduru_F₅_6, B28/Kunduru_F₅_2 ile B28/Kunduru_F₅_7, B28/Kunduru_F₅_2 ile Kunduru/B28_F₅_1, B28/Kunduru_F₅_2 ile Kunduru/B28_F₅_2, B28/Kunduru_F₅_2 ile Kunduru/B28_F₅_3, B28/Kunduru_F₅_2 ile Kunduru/B28_F₅_4, B28/Kunduru_F₅_2 ile Kunduru/B28_F₅_5, B28/Kunduru_F₅_2 ile Kunduru/B28_F₅_6, B28/Kunduru_F₅_3 ile Kunduru/B28_F₅_1, B28/Kunduru_F₅_3 ile Kunduru/B28_F₅_4, B28/Kunduru_F₅_4 ile Kunduru/B28_F₅_3, B28/Kunduru_F₅_4 ile Kunduru/B28_F₅_4, B28/Kunduru_F₅_4 ile Kunduru/B28_F₅_5, B28/Kunduru_F₅_4 ile Kunduru/B28_F₅_6, B28/Kunduru_F₅_5 ile Kunduru/B28_F₅_3, B28/Kunduru_F₅_5 ile Kunduru/B28_F₅_4, B28/Kunduru_F₅_5 ile

Kunduru/B28_F5_5, B28/Kunduru_F5_5 ile Kunduru/B28_F5_6, B28/Kunduru_F5_6 ile Kunduru/B28_F5_3, B28/Kunduru_F5_7 ile Kunduru/B28_F5_3, B28/Kunduru_F5_7 ile Kunduru/B28_F5_5, Kunduru/B28_F5_2 ile Kunduru/B28_F5_3, Kunduru/B28_F5_2 ile xKunduru/B28_F5_4, Kunduru/B28_F5_2 ile Kunduru/B28_F5_5, Kunduru/B28_F5_3 ile Kunduru/B28_F5_4, Kunduru/B28_F5_3 ile Kunduru/B28_F5_6 genotipleri arasında olurken, en yüksek genetik benzerlik gösteren genotipler Kunduru-1149/B28_F5_2 ile B28/Kunduru-1149_F5_6 olarak gözlemlenmiştir.

Yapılan analizlerde kullanılan genotiplerden kara pas geni SUN479' da B28/Kunduru-1149_F5_4 genotipinde, SUN209' da B28/Kunduru-1149_F5_1 genotipinde tespit edilmiştir. Sarı pas geni XGWM18' de B28/Kunduru-1149_F5_2, B28/Kunduru-1149_F5_3 genotiplerinde, SUN104' de B28/Kunduru-1149_F5_3, B28/Kunduru-1149_F5_6, B28/Kunduru-1149_F5_7, Kunduru-1149/B28_F5_2, Kunduru-1149/B28_F5_6 genotiplerinde belirlenmiştir.

KAYNAKLAR

- Abdul, N., Tahir, R. (2008). Germination characteristics and molecular characterizations of some wheat varieties in sulaimanyah by SSR marker. *Turkish Journal of Biology*, 34: 109-117.
- Akar, T., (2002). *Türkiye’de Yetiştirilen Yerel Makarnalık Buğday Çesitlerinde Genetik Farklılığın Polimorfik DNA Analizi ile Belirlenmesi*. Yayınlanmamış Doktora Tezi. Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Ankara.
- Aktaş, H., (2007). *Türkiye Orjinli Yabani Diploid Buğday (T. Monococcum Spp. Boeoticum) Populasyonlarının Morfolojik ve Moleküler Karakterizasyonu*. Yüksek Lisans Tezi. Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Adana. 58s.
- Anonim, (2016). Türkiye’nin Buğday Atlası, © WWF-Türkiye (Doğal Hayati Koruma Vakfı), http://d2hawiim0tjbd8.cloudfront.net/downloads/turkiye_nin_buday_atlas_web.pdf Erişim Tarihi: 19.05.2019
- Anonim, (2018a). Toprak Mahsülleri Ofisi Genel Müdürlüğü (TMO), 2017 Yılı Hububat Sektör Raporu, Ankara. <http://www.tmo.gov.tr/Upload/Document/hububatsektorraporu2017.pdf> Erişim Tarihi: 23.05.2019
- Anonim, (2018b). Türkiye İstatistik Kurumu (TÜİK) Haber Bülteni, Nüfus Projeksiyonları 2018-2080, Sayı: 30567. 21.02.2018. <http://www.tuik.gov.tr/PdfGetir.do?id=30567> Erişim Tarihi : 05.06.2019
- Anonymous, (2017). United Nations Population Division Department of Economic and Social Affairs Probabilistic Projection of based on the World Population Prospects: The 2017 Revision (1950-2015 years and 2015-2100 years). <https://population.un.org/wpp/> Erişim Tarihi: 06.06.2019
- Ayçiçek, M., Yürür, N. (1997). Türkiye tarımında makarnalık buğday üretimi ve önemi. *Uludağ Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 11: 267-275.
- Bansal, U.K., Muhammad, S., Forrest, K.L., Hayden, M.J., Bariana, H.S. (2015). Mapping of a new stem rust resistance gene Sr49 in chromosome 5B of wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 128 (10): 2113-2119.
- Blum, A., (1986). Breeding Crop Varieties for Stress Environments. *Critical Reviews in Plant Sciences*, 2: 199-237.
- Butow, B.J., Ma, W., Gale, K.R., Cornish, G.B., Rampling, L., Larroque and O., Bekes, F. (2003). Molecular discrimination of Bx7^{OE} alleles demonstrates that a highly expressed high-molecular-weight glutenin allele has a major impact on wheat flour dough strength. *Theoretical and Applied Genetics*, 107(8), 1524–1532.

- Chabane, K., Barker, J.H.A., Karp, A., Valkoun, J. (1999). Evaluation of genetic diversity in diploid wheat: *Triticum urartu* using AFLP markers. *Al Awamia*, 100: 9–18.
- Chebotar, S.A., Huang, X., Röder, M., Börner, A. (2004). Genetic diversity in Ethiopian hexaploid and tetraploid wheat germplasm assessed by microsatellite markers. *Genetic Resources Crop Evolution*, 51 : 559 – 567.
- Çifci, A.E., Yağdı, K. (2011). Türkiye’de yetiştirilen bazı makarnalık buğday çeşitlerinde genetik farklılıkların belirlenmesi. *Uludağ Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 25 (2): 7-18.
- Çölkesen, M., (1995). Harran Ovası'nda buğday tarımı ve sorunları üzerine yapılan araştırma ve gözlemler. *Harran Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 1: 117-131.
- Dede, B., (2007). *Mikrosatelit DNA Belirleyicileri Kullanılarak Yerel Ekmeklik Buğday Çeşitlerinin Tanımlanması*. Yüksek Lisans Tezi. Gaziosmanpaşa Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Tokat. 68s.
- Değirmenci, G., (2017). *Bazı Makarnalık Buğday (Triticum Durum Desf.) Çeşitlerinin Verim, Kalite ve Antioksidan Aktivite Özelliklerinin Belirlenmesi*. Yüksek Lisans Tezi. Adnan Menderes Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Aydın. 44s.
- Demirel, F., (2013). *Kastamonu’da toplanan diploid (T.monococcum) ve tetraploid (T.dicoccum) kavuzlu buğday çeşitlerinin moleküler ve morfolojik tanımlanması* Yüksek Lisans Tezi. Erciyes Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Kayseri. 72s.
- Dice, L.R., (1945). Measures of the amount of ecologic association between species. *Ecology*, 26: 297–302.
- Distelfeld, A., Uauy, C., Fahimaand, T., Dubcovsky, J. (2006). Physical map of the wheathigh-grain protein content gene Gpc-B1 and development of a high- through put molecular marker. *New Phytologist*, 169: 753–763.
- Dreisigacker, S., Zhang, P., Warburton, M.L., Skovmand, B., Hoisington, D., Melchinger, A.E. (2005). Genetic diversity among and with in CIMMYT wheat landrace accessions investigated with SSRS and implications for plant genetic resources management. *Crop Science*, 45 (1): 65-661.
- Dweikat, I., Ohm, H., Patterson, F., Cambron, S. (1997). Identification of RAPD markers for 11 Hessian fly resistance genes in wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 94: 419–423.
- Doğrar, N., Yalın, A.A., Akkaya, M.S. (2000). Discriminating durum wheat cultivars using highly polymorphic simple sequence repeat DNA markers. *Plant Breeding*, 119: 360-362.

- El-Maati, F.B., Jlibene, M., Moumami, M. (2004). Study of the polymorphism of common wheat using ISSR markers. *Journal of Food, Agriculture & Environment*, 2(3/4): 121–125.
- Filiz, E., Koç, İ. (2011). Bitki biyoteknolojisinde moleküler markörler. *Gaziosmanpaşa Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 28(2): 201-214.
- Furan, M.A., Yüce, S. (2009). Buğdayda sarı pasa dayanıklı ve duyarlı bazı çeşit ve hatların SSR analizleri. *Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 46 (1): 1-8.
- Furan, M.A., Geboloğlu, M.D., Arpalı, D. (2017). Dayanıklı R55 (6AL/6VS) translokasyon hattı ile lokusa özel SSR markerleri kullanılarak endemik Tir buğday (*Triticum aestivum* L. ssp. *vulgare* Vill. v. *Leucospermum* Körn) genotipinin Yr-26 sarı pas hastalık direncinin değerlendirilmesi. *Yüzüncü Yıl Üniversitesi Tarım Bilimleri Dergisi*, 27(4): 521-53.
- Garg, M., Sukhwinder, S., Baldev, S., Kuldeep, S., Dhalıwal, H.S., Singh, S., Singh, B., Singh, K. (2001). Estimates of genetic similarities and DNA finger printing of wheat (*Triticum Species*) and triticale cultivars using molecular markers. *Indian Journal of Agricultural Sciences*, 71: 438-443.
- Garrido, A., Mesa, C., Manzano, F. (2018). Trends in plant research using molecular markers. *Planta*, 247 (3): 543–557.
- Geboloğlu, M.D., Furan, M.A. (2017). Bazı Türk yazlık ekmeklik buğday çeşitleri arasındaki genetik farklılığın SSR markörleriyle belirlenmesi. *Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi Tarım Bilimleri Dergisi*, 27(1): 132-138.
- Güleç, T.E., (2010). *Yerel Makarnalık Buğday Çeşitlerinin Makarna Kalitesini Etkileyen y-gliadin Genleri Bakımından Moleküler ve Biyokimyasal Analizleri*. Yüksek Lisans Tezi. Gaziosmanpaşa Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Tokat. 53s.
- Güngör, H., (2019). Allelic variations and agronomic comparisons of durum wheat cultivars under East-Mediterranean Conditions. *International Journal of Agriculture and Biology*, 21 (4): 891–898.
- Ijaz, S., Khan, I.A. (2009). Molecular characterization of wheat germplasm using microsatellite markers. *Genetics and Molecular Research*, 8 (3): 809-815.
- Hamada, H, Petrino, M.G., Kakunaga, T.A. (1982). Novel repeated element with Z-DNA-forming potential is widely found evolutionary diverse Eucaryotic genomes. *Proceedings of National Academy of Science*, 79: 6465-6469.
- Hamza, S., Medini, M., Rebai, A., Baum, M. (2005). Analysis of genetic diversity in Tunisian durum wheat cultivars and related wild species by SSR and AFLP markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 52: 21–31.

- Huang, X.Q., Börner, M.S., Goral, M.W. (2002). Assessing genetic diversity of wheat (*Triticum aestivum* L.) germplasm using microsatellite markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 105: 699-707.
- İncirli, A., Akkaya, S.M. (2001). Assessment of genetic relationship in durum wheat cultivars using AFLP markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 48: 233-238.
- Jones, N., Ougham, H., Thomas, H. (1997). Markers and mapping: We are all geneticists now. *New Phytologist*, 137: 165–177.
- Jump, A.S., Peñuelas, J. (2005). Running tost and still: Adaptation and there sponse of plant torapid climate change. *Ecology Letters*, 8: 1010–1020.
- Kesawat, M.S., Das, B.K. (2009). Molecular markers: It's application in crop improvement. *Journal of Crop Science and Biotechnology*, 12 (4): 169 -181.
- Kesen, N., (2007). *Anadolu Orijinli Yabani Buğdayların RAPD-PCR Yöntemiyle Genetik Akrabalıklarının Belirlenmesi*. Yüksek Lisans Tezi. Selçuk Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Konya. 66s.
- Maric, S., Bolaric, S., Martincic, J., Pejic, I., Kozumplik, V. (2004). Genetic diversity of hexaploid wheat cultivars estimated by RAPD markers, morphological traits and coefficients of parentage. *Plant Breeding*, 123: 366-369.
- Majumder, D., Rajesh, T., Suting, E.G., Debbarma, A. (2003). Detection of seed borne pathogens in wheat: Recent trends. *Australian journal of Crop Science*, 7(4): 500-507.
- Motawei, M.I., Al-Doss, A.A., Moustafa, K.A. (2007). Genetic diversity among selected wheat lines differing in heat tolerance using molecular markers. *Journal of Food, Agriculture & Environment*, 5(1): 180-183.
- Mukhtar, M.S., Rahman, M., Zafar, Y. (2002). Assessment of genetic diversity among wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars from a range of localities across Pakistan using random amplified polymorphic DNA (RAPD) analysis. *Euphytica*, 128: 417 – 425.
- Mut, Z., Aydın, N., Bayramoğlu, H.O., Özcan, H. (2007). Bazı ekmeklik buğday (*Triticum aestivum* L.) genotiplerinin verim ve başlıca kalite özelliklerinin belirlenmesi. *Ondokuz Mayıs Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 22: 193-201.
- Nelson, J.C, Singh, R.P, Autrique, J.E, Sorrells, M.E. (1997). Mapping genes conferring and suppressing leaf rust resistance in wheat. *Crop Science*, 37:1928–1935.
- Oliver, R.E., Obert, D.E., Hu, G., Bonman, J.M., O’Leary-Jepsen, E., Jackson, E.W. (2010). Development of oat-based markers from barley and wheat microsatellites. *Genome*, 53 (6): 458-471.

- Örs, E., (2018). *Ekmeklik Buğday (Triticum aestivum L.) Genotiplerinin Kahverengi Pas Hastalığına Dayanıklılığının Doğal Koşullarda Morfolojik Belirlenmesi ve Moleküler Karakterizasyonu*. Yüksek Lisans Tezi. Namık Kemal Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Tekirdağ. 48s.
- Özberk, İ., (1997). *Makarnalık buğdayda bazı kantitatif karakterlerdeki genetik ve varyasyon kalıtımın araştırılması*. Doktora Tezi. Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Adana. 93s.
- Pirsevedi, S.M., Mardi, M., Naghavi, M.R., Doost, H.P.I., Sadeghzadeh, D., Mohammadi, S.A., Ghareyazie, B. (2006). Evaluation of genetic diversity and identification informative markers for morphological characters in sardari derivative wheat lines. *Pakistan Journal of Biological Sciences*, 9(13): 2411–2418.
- Plaschke, J., Ganal, M. W., Röder, M.S. (1995). Detection of genetic diversity in closely related bread wheat using microsatellite markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 91:1001-1007.
- Poehlman, J.M., Sleeper, D.A. (1995). Breeding hybrid cultivars. *Breeding Field Crops, USA, Forth Edition*, 200-215.
- Powell, W., Machray, G.C., Provan, J. (1996). Polymorphism revealed by simple sequence repeats. *Trends in Plant Science*, 1 (7): 215-221.
- Prasad, B., Babar, M.A., Xu, X.Y., Bai, G.H., Klatt, A.R. (2009). Genetic diversity in the U.S. hard red winter wheat cultivars as revealed by microsatellite markers. *Crop & Pasture Science*, 60: 16–24.
- Pujar, S., (2002). Diversity analysis of Indian tetraploid wheat using intersimple sequence repeat markers reveals their superiority over random amplified polymorphic DNA markers. *Biochemical Genetics*, 40: 63–69.
- Randhawa, M., Bansal U., Valarik, M., Klocova, B., Dolezeland, J., Bariana, H. (2014). Molecular mapping of stripe rust resistance gene Yr51 in chromosome 4 AL of wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 127: 317–324.
- Roder, M.S., Korzun, V., Wendehake, K., Plaschke, J., Tixier, M., Leroyand, P., Ganal, M.W. (1998). A microsatellite map of wheat. *Genetics*, 149: 2007–2023.
- Rohlf, F.J., (2005). NTSYS-pc: Numerical taxonomy and multivariate analysis system version 2.2. *Setauket, Exeter Publishing, New York, USA*.
- Roy, J.K., Lakshmikumar, M.S., Balyan, H.S., Gupta, P.K. (2004). AFLP-based genetic diversity and its comparison with diversity based on SSR, SAMPL and phenotypic traits in bread wheat. *Biochemical Genetics*, 42(1/2):194-20.
- Salem, K.F.M., El-Zanaty, A.M., Esmail, R.M. (2008). Assessing wheat (*Triticum aestivum* L.) genetic diversity using morphological characters and microsatellite markers. *World Journal of Agricultural Sciences*, 4 (5):538- 544.

- Sevinç, D., (2010). *Sarı Pas Hastalığına Dayanıklı ve Duyarlı Buğday (Triticum aestivum L.) Çeşitlerinin Moleküler Markörler ile İncelenmesi*. Yüksek Lisans Tezi. İstanbul Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji Anabilim Dalı Botanik Programı, İstanbul. 102s.
- Schlotterer, C., (2004). The evolution of molecular markers-just a matter of fashion? *Nature Reviews Genetics*, 5: 63-69.
- Shi, Y. L., Loomis, P., Christian, D., Carris, L., M., Leung, H. (1996). Analysis of the genetic relationships among the wheat bunt fungi using RAPD and ribosomal DNA markers. *Phytopathology*, 86:311-318.
- Shoaib, A., Arabi, M.I.E. (2006). Genetic diversity among Syrian cultivated and landraces wheat revealed by AFLP markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 53: 901-906.
- Stojalowski, S., Goral, H. (2002). The use of RAPD and ISSR markers for differentiation of CMS-lines of winter *Triticale* with *T. Timopheevii* cytoplasm. *Folia Universitatis Agriculturae Stetinensis, Agricultura*, 91: 161-166.
- Tekin, A., Aslan, E., Herek, S., Dokuyucu, T., Gezginç, H., Tekerek, H., Dumlupınar, Z., Akkaya, A. (2016). Türkiye orijinli yulaf genotiplerinin basit dizi tekrarları (SSR) markörleri ile karakterizasyonu. *Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Doğa Bilimleri Dergisi*, 20 (4): 378-384.
- Tonk, F., Akçalı, R.R., Furan, M.A., Yüce, S. (2008). Bazı Makarnalık Buğday Çeşitleri ile Yeni Geliştirilen Hatlarda Genetik İlişkilerin RAPD Markörleriyle İncelenmesi *Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 45 (2): 85-90.
- Umay, A., Poyraz, İ., Palabıyık, G.A., Altay, F. (2015). Buğdaylardaki sürme hastalığı *Tilletia foetida*'nın spesifik ISSR markörler ile erken tespiti. *Bartın Üniversitesi Mühendislik ve Teknoloji Bilimleri Dergisi*, 3 (1): 11-15.
- Vierling, R.A., Nguyen, H.T. (1992). Use of RAPD markers to determine the genetic diversity of diploid wheat genotypes. *Theoretical and Applied Genetics*, 84: 835-838.
- Vos, P., Hogers, R., Bleeker, M., Rejians, M., Van De Lee, T., Hornes, M., Frijters, A., Pot, J., Pelemen, J., Kuiper, M. (1995). AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acid Research*, 23 (21): 4407-4414.
- Wang, L.F., Ma, J.X., Zhou, R.H., Wang, X.M., Jia, J.Z. (2002). Molecular tagging of the yellow rust resistance gene (Yr10) in common wheat, PI1178383 (*Triticum aestivum* L.). *Euphytica*, 124:71-73.
- Wei, Y.M., Hou, Y.C., Yan, Z.H., Wu, W., Zhang, Z.Q., Liu, D.C., Zheng, Y.L. (2005). DNA polymorphism divergence in Chinese wheat (*Triticum aestivum* L.) landraces highly resistant to fusarium head blight. *Journal of Applied Genetics*, 46 (1): 3-9.

- Weir, B.S. (1996). *Genetic Data Analysis II*, 2nd ed. Sinauer Associates Inc. ISBN-13: 978-0878939022 Sunderland, Massachusetts, USA. 437s.
- Yakışır, E., (2015). *Bazı ekmeçlik buğday (Triticum aestivum L.) genotiplerinin kurağa karşı tepkilerinin SSR markörleri ile belirlenmesi*. Yüksek Lisans Tezi. Selçuk Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Konya. 44s.
- Yalım, D., (2005). *Türkiye’de yetişen arpa çeşitlerinde genetik çeşitliliğin ISSR (Basit Dizilim Tekrarları) moleküler markör tekniğı İle saptanması*. Yüksek Lisans Tezi. Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Adana. 39s.
- Yorgancılar, M., Yakışır, E., Erkoyuncu, M.T. (2015). Moleküler markörlerin bitki ıslahında kullanımı. *Journal of Bahri Dağdas Crop Research*, 4 (2):1-12.



ÖZGEÇMİŞ

Kişisel Bilgiler

Adı, soyadı : Gülan AYDEMİR
Uyruğu : T.C.
Doğum tarihi ve yeri : 27.05.1992 İzmir
Medeni hali : Bekar
Telefon : 0 (264) 718 11 68
Faks : 0 (264) 718 11 69
e-posta : gulan.aydemir@tarimorman.gov.tr

Eğitim

Derece	Eğitim Birimi	Mezuniyet tarihi
Yüksek lisans	KSÜ /Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü	2019
Lisans	Ege Üniversitesi/Tarla Bitkileri	2015
Lise	Süleyman Demirel Lisesi	2010

-Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Başarı Bursu

-Türk Eğitim Vakfı Başarı Bursu

-2015 Tarla Bitkileri Bölüm Üçüncülüğü

İş Denevimi

Yıl	Yer	Görev
2016-2017	Özel Sektör	Ar-Ge Sorumlusu
2017-	T.C. Tarım ve Orman Bakanlığı	Ziraat Mühendisi

Yabancı Dil

İngilizce

Yayınlar

GÜNGÖR, H., DURAN, M., AYDEMİR, G., DUMLUPINAR, Z., 2017. Evaluation of Some Chickpea Line and Cultivars for Yield and Yield Components. International Conference on Agriculture, Forest, FoodScienceand Technologies, 15-17 May 2017, Nevşehir, Türkiye.

CURRICULUM VITAE

Personal details

Name&Surname : Gülan AYDEMİR
Nationality : T.C.
Date/place of Birth : 27.05.1992 İzmir
Marital status : Single
Phone number : 0 (264) 718 11 68
Fax : 0 (264) 718 11 69
e-posta : gulan.aydemir@tarimorman.gov.tr

Education Background

Degree	Faculty	Date
Master	KSU / Agricultural Biotechnology	2019
Undergraduate	Ege University/Field Crops	2015
High school	Süleyman Demirel High school	2010

- Ege University Faculty of Agriculture Success Scholarship
- Turkish Education Foundation Success Scholarship
- 2015 Third Place in Field Crops

Work Experience

Year	Employer	Job Title
2016-2017	Private Sector	R&D Responsible
2017-	T. C. Ministry of Agriculture and Forestry	Agricultural Engineer

Language

English

Publications

GÜNGÖR, H., DURAN, M., AYDEMİR, G., DUMLUPINAR, Z., 2017. Evaluation of Some Chickpea Line and Cultivars for Yield and Yield Components. International Conference on Agriculture, Forest, FoodScienceand Technologies, 15-17 May 2017, Nevşehir, Türkiye.