



**ERZURUM İLİ MERKEZ VE İLÇELERİNDEN
TOPLANAN KÜÇÜK ÇAYIR DÜĞMESİ (*Sanguisorba
minor Scop.*) POPÜLASYONLARININ TARIMSAL,
MORFOLOJİK VE MOLEKÜLER ÖZELLİKLERİNİN
BELİRLENMESİ**

Rufayi KARATAŞ

Danışman: Prof. Dr. Mehmet Kerim GÜLLAP

Doktora Tezi

Tarla Bitkileri Ana Bilim Dalı

2024

(Her hakkı saklıdır.)

T.C.
ATATÜRK ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
TARLA BİTKİLERİ ANA BİLİM DALI

**ERZURUM İLİ MERKEZ VE İLÇELERİNDEN TOPLANAN KÜÇÜK ÇAYIR
DÜĞMESİ (*Sanguisorba minor Scop.*) POPÜLASYONLARININ TARIMSAL,
MORFOLOJİK VE MOLEKÜLER ÖZELLİKLERİNİN BELİRLENMESİ**

(Determination of Agricultural, Morphological and Molecular Properties of Lesser Burnet
(*Sanguisorba minor Scop.*) Populations Collected from Centre and Districts Erzurum
Province)

DOKTORA TEZİ

Rufayi KARATAŞ

Danışman: Prof. Dr. Mehmet Kerim GÜLLAP

Erzurum
Ocak, 2025

KABUL VE ONAY TUTANAĞI

Rufayi KARATAŞ tarafından hazırlanan “Erzurum İli Merkez ve İlçelerinden Toplanan Küçük Çayır Düğmesi (*Sanguisorba minor* Scop.) Popülasyonlarının Tarımsal, Morfolojik ve Moleküler Özelliklerinin Belirlenmesi” başlıklı çalışması 26/12/2024 tarihinde yapılan tez savunma sınavı sonucunda başarılı bulunarak jürimiz tarafından Tarla Bitkileri Ana Bilim Dalı, Çayır Mera ve Yem Bitkileri Bilim Dalında Doktora tezi olarak kabul edilmiştir.

Jüri Başkanı:	Prof. Dr. Güleray AĞAR <i>Atatürk Üniversitesi</i>	Aslı Islak İmzalıdır.
Danışman:	Prof. Dr. Mehmet Kerim GÜLLAP <i>Atatürk Üniversitesi</i>	Aslı Islak İmzalıdır.
Jüri Üyesi:	Prof. Dr. Kamil HALILOĞLU <i>Atatürk Üniversitesi</i>	Aslı Islak İmzalıdır.
Jüri Üyesi:	Doç. Dr. Emre İLHAN <i>Erzurum Teknik Üniversitesi</i>	Aslı Islak İmzalıdır.
Jüri Üyesi:	Doç. Dr. İsmail BEZİRĞANOĞLU <i>Erzurum Teknik Üniversitesi</i>	Aslı Islak İmzalıdır.

Enstitü Yönetim Kurulunun/....../.... tarih ve sayılı kararı.

Bu tezin Atatürk Üniversitesi Lisansüstü Eğitim ve Öğretim Yönetmeliği'nin ilgili maddelerinde belirtilen şartları yerine getirdiğini onaylarım.

Prof. Dr. Alper NUHOĞLU

Enstitü Müdürü

Aslı Islak İmzalıdır.

Bu çalışma BAP projesi kapsamında desteklenmiştir.
Proje No: FDK-2021-9268

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

ETİK BİLDİRİM VE İNTİHAL BEYAN FORMU



FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
Graduate School of Natural and
Applied Sciences

T.C.
ATATÜRK ÜNİVERSİTESİ REKTÖRLÜĞÜ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ MÜDÜRLÜĞÜ

ETİK BİLDİRİM VE İNTİHAL BEYAN FORMU

Doktora Tezi olarak *Prof. Dr. Mehmet Kerim GÜLLAP* danışmanlığında sunulan “Erzurum İli Merkez ve İlçelerinden Toplanan Küçük Çayır Dügmesi (*Sanguisorba minor Scop.*) Popülasyonlarının Tarımsal, Morfolojik ve Moleküler Özelliklerinin Belirlenmesi” başlıklı çalışmanın tarafımızdan bilimsel etik ilkelere uyularak yazıldığını, yararlanılan eserlerin kaynakçada gösterildiğini, Fen Bilimleri Enstitüsü tarafından belirlenmiş olan Turnitin Programı benzerlik oranlarının aşılmadığını ve aşağıdaki oranlarda olduğunu beyan ederiz.

Tez Bölümleri	Tezin Benzerlik Oranı (%)	Maksimum Oran (%)
Giriş	17	30
Kuramsal Temeller	17	30
Materyal ve Metot	14	35
Araştırma Bulguları ve Tartışma	7	20
Sonuçlar ve Öneriler	0	20
Tezin Geneli	10	25

Not: Yedi kelimeye kadar benzerlikler ile Başlık, Kaynakça, İçindekiler, Teşekkür, Dizin ve Ekler kısımları tarama dışı bırakılabilir. Yukarıdaki azami benzerlik oranları yanında tek bir kaynaktan olan benzerlik oranlarının %5'den büyük olmaması gerekir.

Sunulan bilgilerin doğru olduğunu, aksi halde doğacak hukuki sorumlulukları kabul ettiğimizi beyan ederiz.

Tez Yazarı (Öğrenci)	Tez Danışmanı
Rufayi KARATAŞ	Prof. Dr. Mehmet Kerim GÜLLAP
9.12.2024	9.12.2024
İmza: Aslı ıslak imzalıdır	İmza: Aslı ıslak imzalıdır

* Tez ile ilgili YÖKTEZ'de yayımlamasına ilişkin bir engelleme var ise aşağıdaki alanı doldurunuz.

- Tezle ilgili patent başvurusu yapılması / patent alma sürecinin devam etmesi sebebiyle Enstitü Yönetim Kurulunun/..... tarih ve sayılı kararı ile teze erişim 2 (iki) yıl süreyle engellenmiştir.
- Enstitü Yönetim Kurulunun/..... tarih ve sayılı kararı ile teze erişim 6 (altı) ay süreyle engellenmiştir.

Not: Bu form, Tezin son şekline uygun olarak bilgisayar ortamında doldurulmalı, çıktısı imzalanıp Tezin sonuna eklenmelidir.

TEŞEKKÜR

Çalışmalarımın her safhasında kıymetli bilgilerini paylaşan, değerli zamanını bana ayıran, sabır ve büyük bir ilgiyle bana faydalı olmak için özverili mesai meftumu gözetmeksizin çalışan, gülyüz ve samimiyetini benden esirgemeyen ve gelecekteki hayatımda da bana yol gösterici olacağını düşündüğüm değerli hocam Sayın Prof. Dr. Mehmet Kerim GÜLLAP'a sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Araştırmamda konu, kaynak ve yöntem açısından bana yardımda bulunarak bana yol gösteren kıymetli hocalarım Sayın Prof. Dr. Binali ÇOMAKLI'ya, Sayın Prof. Dr. Mustafa TAN'a, Sayın Prof. Dr. Ali KOÇ'a, Sayın Doç. Dr. Melih OKCU'ya,

Tez çalışmam süresince yardım ve desteklerini esirgemeyen değerli arkadaşlarım, Dr. Öğr. Üyesi Sedat SEVEROĞLU'na, Halit AKTAŞ'a, Abdullah YAZICI'ya, İbrahim AKDAĞ'a, Faruk BALCI'ya ve Tarık Uzun'a

Çalışmamızı destekleyen BAP birimine, sera ve arazi çalışmalarında desteklerini esirgemeyen Bitkisel Üretim Uygulama ve Araştırma Merkezi Müdürlüğü ve personeline,

Beni bugünlere dek fedakâr bir şekilde yetiştirerek getiren, benden hiçbir zaman desteğini esirgemeyen, bu hayattaki en büyük şansım olan aileme, tezim süresince sabır, anlayış ve fedakârlıkla beni destekleyen sevgili eşim ve çocuklarıma sonsuz minnet ve şükranlarımı sunarım.

Rufayi KARATAŞ

ÖZET

DOKTORA TEZİ

ERZURUM İLİ MERKEZ VE İLÇELERİNDEN TOPLANAN ÇAYIR DÜĞMESİ (*Sanguisorba minor* Scop.) POPÜLASYONLARININ TARIMSAL, MORFOLOJİK VE MOLEKÜLER ÖZELLİKLERİNİN BELİRLENMESİ

Rufayi KARATAŞ

Danışman: Prof. Dr. Mehmet Kerim GÜLLAP

Amaç: Şimdiye kadar genel olarak yem bitkilerinde olduğu gibi söz konusu küçük çayır düğmesi (*Sanguisorba minor* Scop.) çeşitlerin geliştirilmesinde ve tohum üretilmesi konusunda da yeterli ıslah çalışmaları yapılamadığı gibi geliştirilen çeşitlerin morfolojik karakterizasyonu da detaylı olarak tanımlanmamıştır. Bu nedenle gerçekleştirilen bu çalışma doğrultusunda doğal alanlardan toplanan çayır düğmesi genotiplerinin tarımsal ve morfolojik özelliklerinin yanı sıra ISRR yöntemi ile genetik karakterizasyonunun yapılmasına çalışılmıştır.

Yöntem: Çalışmanın ilk yılı olan 2021 yılında toplanan çayır düğmesi popülasyonlarına ait tohumlar 2022 yılında sera şartlarında viyollere ekilmiş ve aynı yıl Atatürk Üniversitesi Bitkisel Üretim Uygulama ve Araştırma Merkezi deneme alanlarında tek sıralı olarak şaşırtılmışlardır. Çalışmada arazi çalışmaları 2022 ve 2023 yıllarında devam edilmiş ve bu süre zarfında küçük çayır düğmesi bitkisinin tarımsal ve morfolojik özellikleri incelenmiştir. Ayrıca çalışmada küçük çayır düğmesi bitkisinden örnekler alınarak genetik karakterizasyon çalışmaları yapılmıştır.

Bulgular: Deneme sonucunda çiçeklenme tarihleri bakımından kontrol çeşitlerinin toplanan çayır düğmesi genotiplerine kıyasla daha erken çiçeklendikleri tespit edilirken bitki boyu 34,07-70,63 cm, sap kalınlığı 2,44-4,51 mm, ana sap sayısı 5,25-13,88 adet/bitki, yaprak boyu 5,54-15,08 cm, yaprakçık boyu 0,95-1,91 mm, yaprakçık eni 0,27-1,68 mm, yaprak sayısı 6,09-14,21 adet, yapraktaki yaprakçık sayısı 10,00-17,00 adet, yeşil bitki ağırlığı 126,79- 533,89 g/bitki, kur bitki ağırlığı 3309 -141,71 g/bitki, ham protein oranı %10,44-%15,38, ADF oranı %19,82-%29,15 ve NDF oranı ise %35,87-%45,89 arasında farklılık gösterdiği kaydedilmiştir. Denemede 42 genotip kullanılarak primerlerden elde edilen toplam bant sayılarında ortalama 245,42 bant sayısı ile toplam 2945 bant elde edilmiştir.

Sonuç: Genel olarak yapılan çalışmada doğal floradan toplanan küçük çayır düğmesi genotiplerinden G1, G4, G6, G8, G19, G21, G22, G35, G37, G41, G44, G45, G49, G50, G55, G56, G58 ve G59 genotiplerinin kaliteli kaba yem ihtiyacının karşılanması açısından ümit var genotipler olarak öne çıktığı belirlenmiştir. Ancak yapılan çalışmada elde edilen toplanan genotipler açısından daha sağlıklı karar vermek için seleksiyon çalışmalarına devam edilmesi uygun görülmektedir. Çayır düğmesi genotipleri arasında genetik çeşitlilik olduğu ve G54 dışındaki tüm genotiplerin ticari çeşit olan G61 ve G62 genotiplerinden farklı olduğu gözlemlenmiştir.

Anahtar Kelimeler: Çayır düğmesi, popülasyon, yem kalitesi, ISRR

Ocak 2025, 94 sayfa

ABSTRACT

DOCTORAL DISSERTATION

DETERMINATION OF AGRICULTURAL, MORPHOLOGICAL AND MOLECULAR PROPERTIES OF GARDEN BURNET (*Sanguisorba minor Scop.*) POPULATIONS COLLECTED FROM THE CENTRE AND DISTRICTS ERZURUM PROVINCE

Rufayi KARATAŞ

Supervisor: Prof. Dr. Mehmet Kerim GULLAP

Purpose: Until now, as in fodder crops in general, sufficient breeding studies have not been carried out in the development of small meadow button (*Sanguisorba minor Scop.*) varieties and seed production, and the morphological characterisation of the developed varieties has not been described in detail. For this reason, in this study, in addition to the agricultural and morphological characteristics of the meadow button genotypes collected from natural areas, genetic characterisation by ISSR method was tried to be carried out.

Method: The seeds of the meadow button populations collected in 2021, the first year of the study, were sown in greenhouse conditions in greenhouses in 2022 and in the same year, they were transplanted in single rows in the trial areas of Atatürk University Crop Production Application and Research Centre. Field studies were continued in 2022 and 2023 and during this period, agronomic and morphological characteristics of small meadow button plant were examined. In addition, genetic characterisation studies were carried out by taking samples from small meadow button plant.

Findings: As a result of the experiment, it was determined that the control varieties flowered earlier than the collected meadow button genotypes in terms of flowering dates, plant height 34.07-70.63 cm, stem thickness 2.44-4.51 mm, number of main stems 5.25-13.88 pcs/plant, leaf length 5.54-15.08 cm, leaflet length 0.95-1.91 mm, leaflet width 0, 27-1,68 mm, number of leaves 6,09-14,21, number of leaflets 10,00-17,00, green plant weight 126,79-533,89 g/plant, dry plant weight 3309 -141,71 g/plant, crude protein ratio 10,44%-15,38%, ADF ratio 19,82%-29,15% and NDF ratio 35,87%-45,89%. A total of 2945 bands were obtained with an average of 245.42 bands in the total number of bands obtained from primers using 42 genotypes in the experiment.

Results: In general, it was determined that G1, G4, G6, G8, G19, G21, G22, G35, G37, G41, G44, G45, G49, G50, G55, G56, G58 and G59 of small meadow button genotypes collected from the natural flora stand out as promising genotypes in terms of meeting the need for quality forage. However, it is deemed appropriate to continue selection studies in order to make a healthier decision in terms of the collected genotypes obtained in this study. It was observed that there was genetic diversity among meadow button genotypes and all genotypes except G54 were different from the commercial varieties G61 and G62.

Keywords: Feed quality, garden burnet, ISSR, population

January 2025, 94 pages

İÇİNDEKİLER

KABUL VE ONAY TUTANAĞI.....	i
ETİK BİLDİRİM VE İNTİHAL BEYAN FORMU	ii
TEŞEKKÜR	iii
ÖZET	iv
ABSTRACT	v
TABLolar DİZİNİ.....	viii
ŞEKİLLER DİZİNİ	x
GİRİŞ.....	1
KURAMSAL TEMELLER.....	5
MATERYAL VE YÖNTEM	9
Materyal	9
Deneme alanının toprak özellikleri	9
Deneme alanının iklim özellikleri.....	10
Yöntem.....	11
Tohum toplama çalışmaları.....	11
Sera çalışmaları	15
Arazi çalışmaları	16
Moleküler karakterizasyon çalışmaları	18
DNA Saflık ve Miktarının Belirlenmesi	21
ISSR primerlerinin sulandırılması	21
PCR analizi	21
Elektroforez İşlemi.....	22
Agaroz jel elektroforezi ile ISSR primer PCR ürünlerinin yürütülmesi	22
PCR ürünlerinin yürütülmesi ve görüntülenmesi.....	22
Moleküler verilerin değerlendirilmesi.....	23
İstatiksel Değerlendirme	23
ARAŞTIRMA BULGULARI VE TARTIŞMA.....	25
Çiçeklenme Tarihi.....	25
Bitki Boyu	26
Sap Kalınlığı	30
Ana Sap Sayısı	32

Yaprak Boyu	35
Yaprakçık Boyu	38
Yaprakçık eni	40
Yaprak Sayısı	42
Yapraktaki Yaprakçık Sayısı.....	45
Yeşil Bitki Ağırlığı.....	47
Kuru Bitki Ağırlığı	50
Ham Protein Oranı	52
Asit eriticilerde çözünmeyen lif (ADF) oranı	55
Doğal eriticilerde çözünmeyen lif (NDF) oranı	57
Moleküler Karakterizasyon Çalışmaları	59
SONUÇ VE ÖNERİLER	67
KAYNAKLAR.....	71
ÖZGEÇMİŞ.....	82

TABLÖLAR DİZİNİ

Tablo 1. Deneme Alanının Toprağının Bazı Fiziksel ve Kimyasal Özellikleri.....	9
Tablo 2. Erzurum İlinin 2022 ile 2023 Yılları ve Uzun Yıllar Ortalamasına (UYO) ait Bazı İklim Değerleri.....	10
Tablo 3. Popülasyonların Toplandığı İlçeler ve Onlara Bağlı Mahalleler.....	12
Tablo 4. Çayır Düğmesi Popülasyonlarının Toplandığı Duraklara ait Bazı Özellikler.....	13
Tablo 5. CTAB Tampon Hazırlığı.....	20
Tablo 6. Çalışmada Kullanılan ISSR Primerleri.....	21
Tablo 7. ISSR Primer PCR Karışımları ve Şartları.....	22
Tablo 8. Toplanan Çayır Düğmesi Genotiplerine ait Çiçeklenme Tarihleri.....	25
Tablo 9. Çayır düğmesi Genotiplerinin Bitki Boyuna ait Varyans Analiz Sonuçları.....	27
Tablo 10. Çayır düğmesi Genotiplerine ait Bitki Boyu Değerleri.....	28
Tablo 11. Çayır düğmesi Genotiplerinin Sap Kalınlığına ait Varyans Analiz Sonuçları.....	30
Tablo 12. Çayır Düğmesi Genotiplerine ait Sap Kalınlığı Değerleri.....	30
Tablo 13. Çayır Düğmesi Genotiplerinin Ana Sap Sayısı ait Varyans Analiz Tablosu.....	33
Tablo 14. Çayır Düğmesi Genotiplerine ait Ana Sap Sayısı Değerleri.....	33
Tablo 15. Çayır Düğmesi Genotiplerinin Yaprak Boyuna ait Varyans Analiz Sonuçları.....	35
Tablo 16. Çayır Düğmesi Genotiplerine ait Yaprak Boyu Değerleri.....	36
Tablo 17. Çayır Düğmesi Genotiplerinin Yaprakçık Boyuna ait Varyans Analiz Sonuçları.....	38
Tablo 18. Çayır Düğmesi Genotiplerine ait Yaprakçık Boyun Değerleri.....	39
Tablo 19. Çayır Düğmesi Genotiplerinin Yaprakçık Enine ait Varyans Analiz Sonuçları.....	40
Tablo 20. Çayır Düğmesi Genotiplerine ait Yaprakçık Eni Değerleri.....	41
Tablo 21. Çayır Düğmesi Genotiplerinin Yaprak Sayısı ait Varyans Analiz Sonuçları.....	43
Tablo 22. Çayır düğmesi Genotiplerine ait Yaprak Sayısı Değerleri.....	43
Tablo 23. Çayır Düğmesi Genotiplerinin Yapraktaki Yaprakçık Sayısına ait Varyans Analiz Sonuçları.....	45
Tablo 24. Çayır Düğmesi Genotiplerine ait Yapraktaki Yaprakçık Sayısı Değerleri.....	46
Tablo 25. Çayır Düğmesi Genotiplerinin Yeşil Bitki Ağırlığına ait Varyans Analiz Sonuçları.....	48
Tablo 26. Çayır Düğmesi Genotiplerine ait Yeşil Bitki Ağırlığı Değerleri.....	48

Tablo 27. Çayır Düğmesi Genotiplerinin Kuru Bitki Ağırlığına ait Varyans Analiz	
Sonuçları	50
Tablo 28. Çayır Düğmesi Genotiplerine ait Kuru Bitki Ağırlığı Değerleri.....	50
Tablo 29. Çayır Düğmesi Genotiplerinin Ham Protein Oranlarına ait Varyans Analiz	
Sonuçları	53
Tablo 30. Çayır Düğmesi Genotiplerine ait Ham Protein Oranları	54
Tablo 31. Çayır Düğmesi Genotiplerinin ADF Oranlarına ait Varyans Analiz Sonuçları	55
Tablo 32. Çayır Düğmesi Genotiplerine ait ADF Oranları	56
Tablo 33. Çayır Düğmesi Genotiplerinin ADF Oranlarına ait Varyans Analiz Sonuçları	57
Tablo 34. Çayır Düğmesi Genotiplerine ait NDF Oranları	58
Tablo 35. Farklı Bölgelerden Toplanan Çayır Düğmesi Aksesyonlarının 12 ISSR	
Primerinin Detaylı Bant Verisi	60
Tablo 36. ISSR Primer Verisine Dayalı GeneAEx Kullanılarak Hesaplanan Popülasyon	
Genetik Yapısı.....	61
Tablo 37. 42 Küçük Çayır Düğmesi Genotipinde 12 ISSR Markör Verisine Dayalı	
Olarak NTSYS-pc Programı Aracılığıyla Elde Edilen Genetik Benzerlik	
Matrisi	62

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 1. Çayır düğmesi toplanan ilçeler.....	15
Şekil 2. Çayır düğmesi popülasyonlarının viyollerde çimlendirilmesi	15
Şekil 3. Çayır düğmesi bitkisinin saksılarda yetiştirilmesi	16
Şekil 4. Çayır düğmesi popülasyonlarının araziye şaşırtılması ve bakım çalışmaları	17
Şekil 5. Çayır düğmesine ait farklı 42 farklı bant deseni	23
Şekil 6. ISSR markörleri kullanarak UPGMA metoduyla oluşturulan kümeleme analizi.....	62
Şekil 7. 12 ISSR belirteciye dayalı 42 küçük çayır düğmesi genotipinin temel koordinat analizi	63
Şekil 8. STRUCTURE kullanılarak elde edilen 42 adet küçük çayır düğmesi Yapı analizlerinden elde edilen delta K (ΔK) değerlerinin grafiği	64
Şekil 9. Yapı v2.3.4 ile elde edilen K=3 grupları için 42 küçük çayır düğmesi genotipinin popülasyon yapısı analizi	64

GİRİŞ

Dünya nüfusunun hızlı bir şekilde artması yetersiz beslenmenin yanı sıra açlıktan ölümleri de beraberinde getirmektedir. Dünyada olduğu gibi ülkemizde de nüfusun hızla artması insanlarımızın karbonhidrat, protein, yağ, vitamin ve mineral maddeler gibi ürünlerle yeterli ve dengeli bir şekilde beslenememesine neden olmaktadır. Ayrıca bununla beraber ülkemizde hayvansal üretimin istenilen düzeyde olmaması, hayvansal orjinli gıda maddeleri ve bu maddeleri üreten hayvan sayısının ihtiyaca cevap veremeyecek kadar az olması yüksek fiyatları da beraberinde getirmektedir (Okcu 2009).

Bu nedenle gerek sosyal ve ekonomik yönden gerekse insanların yeterli ve dengeli beslenebilmesi için uygun tarım politikalarına ihtiyaç duyulmaktadır. Bu tarım politikaları uygulanırken öncelikle ele alınması gereken konuların başında çayır-meralar ve yem bitkileri gelmektedir. Bu alanlar daha etkili kullanılarak, hayvansal üretimin artırılması ile hayvanlara yeterli miktarda ve kalitede yem sağlanması çok büyük önem arz etmektedir. Yem bitkileri ve çayır mera alanları birçok alana göre hem daha fazla verim sağlamakta hemde toplam sindirilebilir besin maddesi oranı daha yüksektir (Graffis *et al.* 1986; Gündüz ve Deniz 2000).

İnsanlık tarihinin ilk yıllarından beri toplumların ekonomisini oluşturan çayır ve meralar biyolojik çeşitlilik, gen kaynaklarının korunması ve kaba yem kaynakları olarak mutlaka korunulması ve geliştirilmesi gereken alanların başında gelmektedir (Özkan ve Demirbağ 2016). Yurdumuzda hayvanlar sadece çayır-meralardan beslenerek ihtiyacı olan proteininin yaklaşık %70'ini, alması gereken enerjisinin de %60'dan fazlasını bu alanlardan karşılamaktadırlar (Gündüz ve Deniz 2000).

Ekonomisi tarım ve hayvancılığa dayanan Ülkemizde 14,6 milyon hektar (ha) çayır-mera arazisi bulunmakta olup Doğu Anadolu ve İç Anadolu bölgesi en fazla mera alanına sahip bölgeler olarak ön plana çıkmaktadır. (Anonim 2019). Ancak kapasitelerinin üzerinde otlatılan meralarımız gittikçe zayıflatmakta ve artan otlatma baskısı ile birlikte meralarımız orijinal bitki örtülerini %90 oranında kaybetmiştir (Gençkan vd 1990). Aşırı mera otlatmalarına bağlı olarak normal otlatma mevsiminde bile hayvanlara ilave yem verilmesi (Gonzalo and Bachiller 2004), hayvancılıkta beklenen verim ve kaliteyi de olumsuz yönde etkilemektedir. Bunun yanı sıra bitkisel ve hayvansal üretimin sigortası konumunda yer alan yem bitkileri yetiştiriciliği de ülkemizde istenen ölçüde değildir (Açıkgöz 2001; Açıkgöz vd 2005; Akman vd 2007). Bunun yanı sıra ülkemizde yaygın olan mono kültür tarım uygulamasının asırlardır süregelen etkisi ile

entansif tarıma önyargılı olunması ve yoğun tarıma geçişin henüz istenilen düzeyde olmayışı da yem bitkileri tarımını sekteye uğratan önemli etkenlerden biridir. (Avcıoğlu 1978).

Yem bitkilerinin ekiliş oranı gelişmiş olan ülkelerde toplam tarla arazinin Almanya'da %36'sını, Hollanda'da %31'sini, İtalya'da %30'unu, Fransa ve İngiltere'de %25'ini kapsarken (Açıkgöz vd 2005) ülkemizde yem bitkileri ekim alanı tarla tarımı içerisindeki oranı %13,65 civarındadır. Bu nedenle ülkemiz hayvancılığı açısından hem çayır mera alanlarımızda uygun ıslah yöntemleri uygulayarak kaliteli ve bol yem sağlanması hemde yem bitkileri yetiştiriciliği ile ilgili ilerlemelerin kaydedilmesi gerekmektedir. Yem bitkileri yetiştiriciliği açısından çayır mera alanlarımız da çok değerli materyaller bulunmaktadır (Davis 1970). Bitkisel gen kaynaklarımız olan çayır mera alanlarından (Genç Lgermi ve Palta 2014) kaliteli ve yüksek verim verebilecek çeşitlerin belirlenmesi yem bitkilerinin ıslahı açısından çok önemlidir. Özellikle bitki ıslahının tek kaynağı olan bitki genetik kaynaklarının uygun bir şekilde korunması, değerlendirilmesi ve kullanılması hayati önem arz etmektedir (Şehirli ve Özgen 1987; Özgen vd 2000; Tan 2009; Tan 2010).

Asya, Avrupa ve Afrika kıtaları arasında köprü konumunda yer alan Türkiye üç farklı bitki alanının kesişme noktasında bulunması nedeni ile bitki çeşitliliği yönünden dünyanın en önemli merkezlerindedir. Ülkemizde 100'den fazla sayıda türün geniş bir yayılım gösterdiği 5 mikron gen merkezi (Demir 1990) konumunda olması ve ayrıca topoğrafya ve iklim yönünden de oldukça çeşitlilik göstermesi bakımından habitat yönünden oldukça zengindir. Günümüz şartlarında geçmişe kıyasla genetik kaynaklara çok daha fazla gereksinim duyulmakta olup bu kaynaklar genellikle (yabani türler, standart çeşitler, ilkel kültür çeşitleri ve kendilenmiş hatlar vs.) ormanlık bölgelerde ve dağlık alanlarda yayılım göstermektedir. Ülkemiz, çeşitli araştırmacıların çalışmalarında tanımlanan hem gen merkezlerinin hemde orijin merkezlerinin tamamında yer almakta olup (Harlan 1951; Zohary 1970; Harlan 1971; Paroda ve Arora 1991) XX. yüzyılın ilk çeyreğinin başında bitki genetik kaynakların toplanması ve değerlendirilmesi çalışmaları başlanmıştır. Büyük genetik çeşitlilik barındıran ve yüksek verimli çeşitlerin kazanımına olanak sağlayan yerel çeşitlerin muhafazası çok büyük önem arz etmektedir (Ertuş vd 2012). Yonca, korunga, yem bezelyesi, çayır düğmesi gibi yem bitkilerinin yabani formları uzun zamandan beri doğal florada (Serin 2006) mevcut olup toplanan hatlardan üstün özelliklere sahip hatlarla ilgili mutlaka ıslah çalışmasının yapılması gereklidir. Özellikle çayır düğmesi (*Poterium sanguisorba*) bitkisi yüksek ve dağlık alanlarda iyi bir adaptasyon kabiliyeti sahip olması (Margaropoulos 1958) nedeniyle Doğu Anadolu Bölgesi için kaba yem açığının kapatılması hususunda önemli bir kaynak olma özelliğine sahip olabilir.

Çayır Dügmesi (*Poterium sanguisorba*) gülgiller (*Rosaceae*) familyasına dahil olup uzun ömürlü, geniş yapraklı bir bitkidir. Bitki kalın gövdeli ve kazık kök sistemine sahip olmasının yanı sıra zayıf rizomlara da sahiptir. Çayır düğmesi bitkisinin bitki boyu 25-55 cm arasında değişiklik göstermekte olup yaprak renkleri yeşilimsi ya da beyaz ile bordo veya kırmızı arasında değişiklik göstermektedir (Ogle *et al.* 2013). Ülkemiz meralarının doğal bitkisi olan çayır düğmesi yabani ve evcil hayvan için mükemmel bir yem bitkisidir. İlkbaharda erken büyüme gösteren çayır düğmesi bitkisi (Kozov 1965) yaz ortası ve sonbahar dönemlerinde gelişimini sürdürmesi nedeni ile diğer birçok yem bitkisi uyku döneminde iken yeşil yem üretmektedir (Anonymous, 1951; Kozov 1965). Soğuğa ve kuraklığa dayanıklılık gösteren bitki suni mera tesisleri için alternatif bir yem bitkisi olarak göze çarpmaktadır. Yeşilliğini yaklaşık 20 yıl kadar süren bitki sığırlardan ziyade koyunlar tarafından daha çok tercih edilmektedir (Tan ve Temel 2012). Çayır düğmesi bitkisi kıraç şartlarda yonca ve korungaya göre nispeten biraz daha yüksek verimli bir bitki olup kıraç şartlarda 250-300 kg/da sulu şartlarda ise 700-1500 kg/da kuru ot verimi vermektedir (Owoahene 1991). Hayvanlarda şişme problemine sebep olmayan çayır düğmesinin (Meisser ve Paulsmeier 1995) ham protein oranı %5 ile %18 arasında değişmektedir (Acar vd 1999; Meisser ve Paulsmeier 1995). Ayrıca bitki kök boğazından yoğun miktarda dallanıp toprak yüzeyini kapattığından dolayı hem toprak koruma açısından hemde erozyon açısından da çok önemli özelliklere sahiptir (Valassis, 1957; Douglas *et al.* 1990).

Ancak şimdiye kadar genel olarak yem bitkilerinde olduğu gibi söz konusu bu türden çeşitlerin geliştirilmesinde ve tohum üretilmesi konusunda da yeterli ıslah çalışmaları yapılamadığı gibi geliştirilen çeşitlerin morfolojik karakterizasyonu da detaylı olarak tanımlanmamıştır. Bu bakımından Doğu Anadolu Bölgesi gibi kışları soğuk ve yazları kurak geçen bölgelerde kış dönemlerinde kaba yem açığının kapatılması konusunda alternatif yem bitkisi olabilecek küçük çayır düğmesi bitkisinin tohumlarının doğal floradan toplanması yapılacak ıslah çalışmaları için önemli kaynak teşkil edecektir. Toplanan küçük çayır düğmesi tohumlarından elde edilecek genotipler ile hem verimli ve kaliteli kaba yem elde edilecek hem de mera ıslahında kullanılacak genotip materyallerin elde edilmesi sağlanacaktır. Ayrıca yapılacak çalışmada Ülkemiz ve özellikle Doğu Anadolu Bölgesi için çok büyük ekonomik öneme sahip olan küçük çayır düğmesi çeşitlerinin ISRR yöntemi ile genetik karakterizasyonunun yapılması da yeni çeşitlerin geliştirilmesinde önemli katkı sağlayacaktır.

ISRR tekniği DNA çalışmalarında etkili bir yol olarak kullanılmakta olup bitkilerde mevcut fakat gizlenen varyasyonları tespit etmede güvenilir ve hızlı sonuçlara ulaşımı sağlayan önemli metotlardan biridir. ISSR DNA işaretleyicileri kültür bitkilerinin

karakterizasyonunda yaygın şekilde kullanılmıştır (Zietkiewicz *et al.* 1994; Arcade *et al.* 2000; Liu and Wendel 2001; Cavan *et al.* 2000; Ajibade *et al.* 2000). Böylece toplanan genotiplere uygulanan ISSR tektiđi genetik olarak çok benzer bireylerin melezlemede kullanılması önlediđi gibi uzun süreli seleksiyon riski de azaltılarak (Sun *et al.* 2003) genetik kaynakların korunmasını da sađlanmış olacaktır.

Bu alıřma ile;

1. Öncelikle ayır, mera, yol kenarları ve marjinal alanlar gibi alanlardan (Erzurum ili merkez ve ilçelerinden) küçük ayır düđmesi tohumları toplanmıştır.
2. Toplanan küçük ayır düđmesi (*Sanguisorba minor* Scop.) tohumlarından elde edilen popülasyonlarla Erzurum şartlarında bazı morfolojik ve tarımsal özellikleri belirlenmeye alışılmıştır.
3. Toplanan küçük ayır düđmesi popülasyonlarının ISSR yöntemi aracılığı ile benzerlik durumları belirlenmiştir.
4. BAP projesi kapsamında doktora tezi olarak yaptığımız bu araştırma, devam ettirilirse ayır düđmesi popülasyonlarının bölgemiz şartlarına uygun eřitler belirlenmeye alışılacaktır.

KURAMSAL TEMELLER

Çayır düğmesi bitkisinde bitki boyu 12,5 ile 15 cm arasında değişiklik gösterirken yaprak uzunluğu 7,5 ile 12,5 cm arasında değişmektedir (Cockayne 1921).

Çayır düğmesi bitkisi otlanmaya karşı dayanıklılık gösterdiği gibi toprak yüzeyini örttüğünden dolayıda erozyona karşı oldukça dirençli bir bitkidir (Valassis 1957; Douglas *et al.* 1990).

Çayır düğmesi bitkisi baklagillerin orta yükseklikteki bitkisi olup bitki boyu 60-70 cm arasında değişmektedir (Cullen 1972).

Rohweder *et al.* (1978) tarafından yapılan bir çalışmada çayır düğmesi genotiplerinin kalite sınıfı açısından ADF oranı bakımından birinci sırada, çalışmada NDF bakımından ise sınıf olarak birinci ve ikinci kalite ve en yüksek sınıfında yer aldığı kaydedilmiştir.

Çayır düğmesinin yem verimi sulama ve gübreleme şartlarında 3,5 ton/da (Panos *et al.* 1961) çıkarken yılda 5-11 kere hasat edilen edilerek bu verim 7-8,4 ton/da çıkabilmektedir (Tansı ve Anlarsal 1991).

Tokluoğlu (1980) tarafından yapılan bir çalışmada çayır düğmesinin ham protein oranının çiçeklenmeden önce %18,23 ile %24,85, çiçeklenme döneminde %10,81 ile 14,30 ve çiçeklenmeden sonraki dönemde ise %5,22 ile %10,31 arasında farklılık gösterdiği kaydedilmiştir.

Pek çok araştırmacı tarafından çayır düğmesi bitkisinin kurağa dayanıklı bir bitki olduğu ifade edilmiştir (Wills *et al.* 1987; Douglas *et al.* 1990; Fryer 2008).

Çayır düğmesi bitkisi çok yıllık bir bitki olup çiçekleri 100-900 mm uzunluğunda tüylü ya da tüysüz olabilmektedir (Douglas 1991).

Gupta *et al.* (1994) ve Zietkiewicz *et al.* (1994) tarafından yapılan çalışmalarda ISSR tekniğinin genetik benzerlik, gen haritalama ve taksonomi çalışmalarında kullanılacağı bildirilmiştir.

Çayır düğmesi bitkisi sahip olduğu kazık kökleri sayesinde kuraklığa dayanıklı bir bitkidir (Buckland *et al.* 1997).

İki farklı çayır düğmesinin (Bünyan-80, Ankara ekotipi) karşılaştırıldığı çalışmada Bünyan -80 çeşidinin sap sayısı, kömeç uzunluğu, bin tane ağırlığı, yaprak oranı ve çimlenme

yönünden Ankara ekotipine göre daha üstün özelliklere sahip olduğu tespit edilmiştir (Kendir 1999).

Kendir (1999) yaprak açısından çok zengin olan çayır düğmesi bitkisinde yaprak oranı %50-55'tir.

Moreno (1998) polimorfizm seviyesinin kullanılan tespit yöntemi ile farklılık göstermesine rağmen ISSR yönteminin yüksek polimorfizm gösterdiği (Kojima *et al.* 1998) belirtilmiştir.

Ülkemizin her tarafında kolayca yetişebilen bu bitkinin otu yaklaşık %11 ham protein içermektedir (Viano *et al.* 1999; Mülayim vd 2009).

Ülkemiz meralarında doğal olarak bulunan çayır düğmesi bitkisi 60-105 cm arasında uzayabilen, yaprak boyu 15-20 cm arasında olan ve bitki başına kuru ot verimi 60-100 g arasında değişen yerli bir bitki olarak bilinmektedir (Kendir 1999; Andrabi *et al.* 2012).

Samsun koşullarında yürütülen çalışmada çayır düğmesinin otlatma sürecini uzattığı ve erozyon kontrolü açısından da etkili olacağı belirtilmiştir (Acar vd 1999).

Dominant markör olan ISSR, dizi bilgisi olmadan primer dizaynı yapılabilmektedir (Joshi *et al.* 2000).

Leroy ve Leon (2000) tarafından yapılan bir çalışmada ISSR tekniği yardımıyla karnabahar bitkisinin kallus ve yaprakları arasındaki farklılıklar tespit etmişlerdir.

Van der Nest *et al.* (2000) genomlardaki SSR miktarını ve dağılımını belirleyen ISSR tekniğini kullanarak *Eucalyptus grandis* bitkisinde mikrosatelitlerce zengin bölgelere erişim sağlamıştır.

İpek ve Sevimay (2002) üç farklı çayır düğmesi çeşidine farklı azot dozları uyguladıkları çalışmalarında en yüksek yeşil ot verimini 2250 kg/da ile Bünyan 80 çeşidinden elde etmişlerdir.

Chowdhury *et al.* (2002) nohut çeşit ve hatlarında genetik ilişkileri saptamak amacı ile yapılan çalışmada RAPD ve ISSR markörü kullanmışlar ve sonuçta nohut çeşitlerinde homojenliğin olduğu ve yakın genetik çeşitliliğin olduğunu belirlemişlerdir.

Dangi *et al.* (2004) ISSR ve RAPD markörlerini kullandıkları çalışmada 17 *Trigonella foenum-graecum* ve 9 *T. coerulea* populasyonlarında Pakistan ve Afganistan orijinli *T. foenum-graecum* populasyonların aynı grup içinde yer aldığını, Hindistan ve Nepal orijinlilerin ise diğer bir grupta yer aldığını ve Türkiye orijinli populasyonların farklı gruplara dağıldığını tespit etmişlerdir.

Trojanowska and Bolıbok (2004) in vitro kltrlerin erken dnemlerindeki genetik kararsızlıđın belirlenmesinde ISSR tekniđinin yaygın olarak kullanılabileceđini ifade etmiřlerdir.

Talhinhas *et al.* (2005) ISSR tekniđini kullandıkları alıřmada yabancı lpen (*Lupinus angustifolius*) ve lpen eřitleri arasında morfolojik zellikler aısından nemli bir varyasyon olduđunu ve modern eřitlerin yabancı populasyon ierisinde bir alt grup olarak meydana geldiđini ifade etmiřlerdir.

Erozyon ve mera alanlarının yangına karřı korunmasından nemli bir etkiye sahiptir (Fryer 2008).

Trkiye'nin tm blgelerinde geniř bir yayılım alanına sahip olan ayır dđmesi serin mevsim yem bitkisidir (Mlayim vd 2009).

Normal řartlarda bitki boyu 20-60 cm arasında deđiřen ayır dđmesi bitkisi bakım řartlarının iyileřmesiyle 120 cm'ye kadar boylanabilmektedir (Mlayim vd 2009).

Asaadi and Yazdi (2011) yaptıkları bir alıřmada ayır dđmesinde en yksek ham protein oranını vejetatif dnemde (%17,4) tespit ederlerken en dřk ham portein oranını ise tohum olgunlařma dneminde (%5,21) tespit etmiřlerdir.

Kiani *et al.* (2012) 39 *Tulipa* trleri arasındaki genetik iliřkiyi arařtırmak zere 20 ISSR primeri kullanmıř ve sonuta ISSR primerlerinin 97 polimorfik bant oluřturduđunu ve kullanılan ISSR tekniđinin *Tulipa* cinsindeki trler arası gen akıřının, trlerin genetik yapısının, genetik eřitliliđin ve evrimsel iliřkilerinin anlařılmasını kolaylařtırdıđı ifade etmiřlerdir.

Geniřel (2013) Acı iđdem (*Colchicum L.*) trleri arasındaki genetik eřitliliđi belirlemek amacıyla ISSR primerlerini kullanmıř ve en yksek bant sayısını UBC 827 primeri kullanarak elde etmiřtir.

Demirbađ vd (2014) Altınova, Bnyan 80 and Gzl eřitlerini kullandıkları alıřmada yem kalitesi aısından Altınova eřidinin diđer trlere kıyasla daha en yksek yem kalitesine sahip olduđunu belirlemiřlerdir.

İpek ve Sevimay (2002) farklı azot dozları uyguladıkları alıřmalarında 2250/kgda ile en yksek yeřil ot verimi Bnyan 80 eřidinden elde etmiřlerdir.

Kaplan *et al.* (2014) ayır dđmesi ile yaptıkları alıřmada ADF oranının %17,4 ile %36,2 arasında, NDF oranının %36,2 ile %54,5 aralıđında ve ham protein ieriđinin ise %6,7 ile %20,7 aralıđında deđiřtiđini belirlemiřlerdir.

Van ili ve çevre illerden toplanan 76 yonca genotipinde yürütülen çalışmada polimorfizm ve en yüksek genetik çeşitlilik Gürpınar ekotiplerinde tespit edilmiştir (Ertuş vd 2016).

Karkanis *et al.* (2018) 37 değişik yem bitkisi türünün besin kalitelerini belirlemek amacıyla yürüttükleri çalışmada çayır düğmesi bitkisinde; ham protein oranını %9,6, kuru madde oranını %32,7, ham kül oranını %8,6, ham yağ değerini %3,3, NDF değerini %36,2 ve ADF değerini ise %19,6 olarak tespit etmişlerdir.

Karkanis *et al.* (2018) *Poterium sanguisorba* bitkisinin kurak ve yarı kurak iklime sahip Avrupa'nın bütün bölgelerinde ya

Kayseri koşullarında yetiştirilen 46 çayır düğmesi genotipinde yapılan çalışmada yeşil ot ve kuru ot verimlerinin sırası ile 403,68 kg/da-1961,92 kg/da ve 179,26 kg/da ile 591,37 kg/da arasında değiştiği kaydedilmiştir. Ayrıca ham protein oranı, NDF ve ADF oranları sırası ile %9,48-%15,44, %34,69-%55,42 ve %25,62-41,04 arasında farklılık gösterdiği belirlenmiştir. Çalışmada ham yağ, ham kül ve tanen oranlarının ise sırası ile %0,42-2,73, %5,69-11,63 ve %1,1-4,19 arasında değişim gösterdiği tespit edilmiştir (Doran 2020).

MATERYAL VE YÖNTEM

Materyal

Bu çalışma 2021- 2023 yılları arasında 3 yıl süre ile yürütülmüş olup çalışmada Erzurum merkez ve ilçelerindeki doğal alanlarından toplanan küçük çayır düğmesi (*Sanguisorba minor* Scop.) tohumlarından elde edilen popülasyonlar ile ilgili laboratuvar, sera ve arazi çalışmaları yapılmıştır. Ayrıca yapılan çalışma ile toplanan popülasyonlara uygulanan ISRR tekniği ile ileriki dönemlerde yapılacak ıslah çalışmalarına ışık tutulması hedeflenmiştir. Yapılan çalışmada Erzurum iline bağlı 20 ilçede 60 durakta tohumları toplanan küçük çayır düğmesi popülasyonlarından ancak 29 popülasyon şaşırtılan alandaki şartlara uyum sağlanmıştır. Çalışmada Tarla Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsünden temin edilen Altınova ve serfitikalı Bünyan 80 çeşidi kontrol olarak kullanılmıştır. Çalışmada ilk önce toplanan tohumlara ait koordinatlar ve rakımlar kaydedilmiş ve sonrasında toplanan tohumlardan elde edilen popülasyonların köklenmeleri için sera ortamında yetiştirilmiştir. Burada köklendirilen popülasyonlar daha sonra Atatürk Üniversitesi Bitkisel Üretim Uygulama ve Araştırma Merkezine ait 4 nolu deneme alanına tek sıra olacak şekilde klonlar halinde şaşırtılarak küçük çayır düğmesi popülasyonlarının fenolojik, morfoloji ve diğer bazı tarımsal özellikleri belirlenmeye çalışılmıştır.

Deneme alanının toprak özellikleri

Deneme alanından 0-20 cm derinlikten alınan toprak örnekleri bitkiler araziye şaşırtılmadan önce Toprak Bilimi ve Bitki Besleme Bölümü laboratuvarlarında bazı fiziksel ve kimyasal özellikleri analiz edilmiş ve elde edilen veriler Tablo 1’de gösterilmiştir.

Tablo 1. Deneme Alanının Toprağının Bazı Fiziksel ve Kimyasal Özellikleri

Fiziksel Özellikler				Kimyasal Özellikler					
Tekstür Sınıfı	Kil (%)	Silt (%)	Kum (%)	EC (dS/m)	pH (1:2,5)	CaCO ₃ (%)	Organik Madde (%)	P ₂ O ₅ (kg/da)	K ₂ O (kg/da)
Killi-tınlı	36	29,2	34,8	2,20	7,60	2,20	1,02	5,30	153,6

Denemenin kurulduğu alanın tekstür sınıfı Tablo 1’in incelenmesinden anlaşılacağı üzere Bouyoucos hidrometre yöntemi esas alınarak (Demiralay 1993) killi-tınlı olarak tespit edilmiştir (SoilSurveyDivisionStaff 1993). Çalışmada EC değeri 2,20 dS/m ile tuzsuz (Richards 1954), alanda tespit edilen pH değeri 7,60 ile hafif alkali (Ülgen ve Yurtsever 1995), belirlenen

CaCO₃ oranı %2,20 ile kireçli (Ülgen ve Yurtsever 1995), kaydedilen organik madde oranı %1,02 ile az (Ülgen ve Yurtsever 1995), 5,30 kg/da ile alınabilir P₂O₅ az (Ülgen ve Yurtsever 1995) ve belirlenen K₂O oranının (153,6 kg/da) fazla olduğu (Aydın ve Sezen 1995) yapılan analizlerde kaydedilmiştir.

Deneme alanının iklim özellikleri

Ülkemizin doğusunda bulunan Doğu Anadolu Bölgesinde yer alan Erzurum ili 1853 m rakıma sahiptir. Yazları kurak ve sıcak kışları kar yağışlı ve soğuk geçen Erzurum ilinin 2022, 2023 yılları ve uzun yıllar ortalamasına ait bazı iklim değerleri Tablo 2’de gösterilmiştir.

Tablo 2. Erzurum İlinin 2022 ile 2023 Yılları ve Uzun Yıllar Ortalamasına (UYO) ait Bazı İklim Değerleri*

AYLAR	Aylık Ortalama Sıcaklık (°C)			Aylık Ort. Nispi Nem (%)			Aylık Toplam Yağış (mm)		
	2022	2023	UYO	2022	2023	UYO	2022	2023	UYO
Ocak	-7,1	-4,0	-9,1	74,3	63,4	76,5	25,0	5,0	21,6
Şubat	-3,0	-7,9	-7,6	75,2	68,8	76,8	13,3	36,6	25,9
Mart	-3,5	3,8	-2,4	74,2	69,4	73,4	89,0	62,0	35,4
Nisan	7,7	6,0	5,4	59,0	66,8	61,8	59,4	102,9	54,5
Mayıs	9,6	10,4	10,7	66,3	60,8	65,3	93,0	111,8	72,6
Haziran	16,7	15,5	14,9	68,0	60,6	59,5	65,2	45,5	48,5
Temmuz	20,5	18,8	19,2	48,6	53,0	50,3	3,1	57,9	26,8
Ağustos	23,1	22,3	19,5	37,4	38,3	42,6	8,6	13,6	17,9
Eylül	16,9	16,9	14,8	43,3	44,4	47,2	15,6	7,9	24,2
Ekim	10,3	9,6	8,2	58,5	65,0	61,2	40,0	56,1	47,1
Kasım	4,1	3,9	1,2	68,4	73,0	70,0	12,3	96,7	32,9
Aralık	-0,8	-0,6	-5,8	79,3	75,7	79,5	8,8	32,6	21,9
Top./Ort.	7,88	7,89	5,75	62,71	61,60	63,70	433,30	628,60	429,30

(*) Başbakanlık Devlet Meteoroloji İşleri Genel Müdürlüğü meteoroloji bültenleri ve Erzurum Meteoroloji Bölge Müdürlüğü yıllık rasatlarından alınmıştır. Uzun yıllar ortalaması 1931-2023 yılları arasında 94 yıllık ortalamayı ifade etmektedir.

Çalışmanın yapıldığı denemenin ilk yılı (7,88 °C) ve ikini yılında (7,89 °C) kaydedilen ortalama sıcaklık verilerinin uzun yıllar ortalamasına kıyasla (5,75 °C) daha yüksek olduğu tespit edilmiştir. Araştırma yıllarında kaydedilen en yüksek sıcaklık değerleri Ağustos ayında belirlenmiş olup 2022, 2023 ve uzun yıllar ortalamasında sırası ile 23,1°C, 22,3 °C ve 19,5°C olarak belirlenmiştir. Yapılan çalışmada kaydedilen en düşük sıcaklık değerleri ise birinci yılda Ocak -7,1°C, ikinci yılda Şubat ayında -7,9°C ve uzun yıllar ortalamasında Ocak ayında -9,1 °C olarak belirleşmiştir (Tablo 2).

Deneme yıllarında kaydedilen alanın aylık ortalama nispi nem verileri sırası ile 2022 yılında (%62,7), 2023 yılında (%61,6) ve uzun yıllar ortalamasında %63,71 olarak tespit edilmiştir (Tablo 2).

Çalışmanın yürütüldüğü yıllarda düşen yıllık yağış toplamı 433,3 mm ile 628,6 mm arasında değişmiş olup en yüksek yağış Mayıs aylarında 2022 yılında 93 mm ve 2023 yılında 111,8 mm olmuştur. Her iki yılda denemede kaydedilen en az yağış 2022 yılında 3,1 mm ile Temmuz ayında ve 2023 yılında 5 mm ile Ocak ayında tespit edilirken uzun yıllar ortalamasında ise 17,9 mm ile Ağustos ayında tespit edilmiştir (Tablo 2).

Yöntem

Çalışma doğal alanlardan toplanan küçük çayır düğmesi tohumlarından elde edilen popülasyonların laboratuvar, sera ve arazi şartlarında birtakım özelliklerinin incelenmesini içermektedir. Çalışma bitki tohumlarının toplanmasının da dahil olduğu 3 yıl süre zarfında (2021-2023) yürütülmüştür. Araştırmada yabancı tozlaşan bitkilerde çoğunlukla uygulanan sentetik varyete ıslah yöntemi (Demir 1990) esas alınmıştır. Araştırma kapsamında yapılan işlemler aşağıda başlıklar halinde verilmiştir.

Tohum toplama çalışmaları

Tohumlar Erzurum merkez ve ilçelerindeki mera alanlarından, dağlık bölgelerden, yol kenarlarından ve marjinal alanlardan toplanmış ve her tohumun alındığı örnekleme alanına ait rakım ve konum bilgileri kayıt altına alınmıştır. Tohum toplama çalışmaları bitkilerin tohum bağlama dönemlerinde önemli etkisi olan rakım özellikleri de dikkate alınarak Ağustos ayının ilk haftasından Eylül ayının ilk haftasını kapsayacak şekilde yapılmıştır. Tohumların alındığı yerlerin koordinatları GPS aleti ile belirlenmiştir. Toplamanın yapıldığı her bir durakta bitkilerin tohumları toplanıp karıştırılarak bir kese kağıdına konulmuştur. Her bir durak yaklaşık 100 x 100 m ebatlarındadır. Tohum toplamaları en az 60 duraktan yapılmıştır. Geniş bir varyasyon açısından duraklar arasında en az 4-5 km mesafe bırakılması göz önüne alınmıştır. Tohum toplama izni için Orman Genel Müdürlüğü ve TAGEM'den gerekli belgeler temin edilmiştir. Genotiplerin toplanması 2021 yılı Ağustos ve Eylül aylarında gerçekleştirilmiştir. Tohum alacağımız bitkileri iyi gözlemleyerek herhangi bir hastalık ve zararlı bulaşmamış sağlıklı bitkileri seçilmiştir. Toplanan tohumların her birini ayrı ayrı kese kağıtlarına koyulup içerisine alınan yerin tüm koordinatları yazılmış ve toplanan tohumların içerisindeki yabancı unsurlar uzaklaştırılıp tohumlar hiçbir şekilde nem ve sıcaklık almayacak şekilde Aralık ayının son haftasına kadar tohum depolarında muhafaza edilmiştir. Davis (1970)'in koşullarına göre belirlenen küçük çayır düğmesi toplama durakları Tablo 3'de

verilirken toplama yapılan yerlere ait bilgiler Tablo 4’de ve toplama yapılan ilçelere ait harita ise Şekil 1 de verilmiştir.

Tohumlar için en az 60 durak kullanılmış ve toplanan kesimlere ait lokasyon bilgileri kaydedilmiştir. Çalışma sonucunda her bir türden en az 60 popülasyona ait 600 tohum toplanmıştır. Ancak toplanan popülasyonlardan sadece 29 duraktaki popülasyonlar şaşırtıldığı yerdeki ekolojik faktörlere uyum sağlayarak yetiştirme şansı bulmuştur (Tablo 3).

Tablo 3. Popülasyonların Toplandığı İlçeler ve Onlara Bağlı Mahalleler*

Yakutiye ilçesi	Aşkale İlçesi	Oltu İlçesi	Hınıs İlçesi
1. Kırgöze	17.Küçükgeçit	33. Obayayla	49. Saltepe
2. Karagöbek	18. Bozburun	34. İnanmış	50. Akören
3. Aktoprak	19. Kandilli	35. Başbağlar	Uzundere İlçesi
4. Umudum	İspir İlçesi	36. Çamlıbel	51. Çaybaşı
Palandöken İlçesi	20. Avcı	Pasinler İlçesi	52. Sapaca
5. Toparlak	21. Leylek	37. Küçüktüy	53. Cevizli
6. Konaklı	22. Cankurtaran	38. Büyükdere	Tekman İlçesi
7. Yağmuncuk	Olur İlçesi	39. Tımar	54. Deliler
Aziziye İlçesi	23. Olurdere	40. Otlukkapı	55. İncesu
8. Alaybeyi	24. Taşgeçit	Köprüköy İlçesi	Pazaryolu İlçesi
9. Sarıayla	Tortum İlçesi	41. Emre	56. Çaydere
Şenkaya İlçesi	25. Şenyurt	42. Buğdaylı	57. Esenyurt
10. Sarıkayalar	26. Aksu	Karayazı İlçesi	Karaçoban İlçesi
11. Aydoğdu	27. Yumaklı	43. Aşağııncesu	58. Erenler
12. Yazılı	28. Tipili	44. Üzengili	59. Budaklı
13. Yeşildemet	Narman İlçesi	45. Güllü	60. Bozyar
Çat İlçesi	29. Şekerli	Horasan İlçesi	Kontrol
14. Tüysüz	30. Koçkaya	46. Arpaçayır	61 Bünyan 80
15. Bağlıca	31. Sapanlı	47. Haydarlı	62 Altınova
16. Mollaömer	32. Alabalık	48. Yukarıbademözü	

*Koyu renkli olanlar ekolojik şartlara uyum sağlayan popülasyonlar

Her bir durak noktasının lokasyon bilgileri, rakım ve koordinatları belirlenmiş ve bulunduğu ilçeye bağlı mahallenin adı ile etiketlenmiştir (Tablo 4).

Tablo 4. Çayır Düğmesi Popülasyonlarının Toplandığı Duraklara ait Bazı Özellikler

Genotip/Numara	Lokasyon	Koordinat Bilgileri	Rakım
1	Kırkgöze/Yakutiye	40.06.30 ⁰ K 41.22.38 ⁰ D	1868
2	Karagöbek/Yakutiye	40.09.48 ⁰ K 41.25.56 ⁰ D	1992
3	Aktoprak/Yakutiye	40.03.46 ⁰ K 41.10.38 ⁰ D	1872
4	Umudum/Yakutiye	40.01.43 ⁰ K 41.14.48 ⁰ D	1800
5	Toparлак/Palandöken	39.53.56 ⁰ K 41.23.57 ⁰ D	2046
6	Konaklı/Palandöken	39.48.04 ⁰ K 41.11.22 ⁰ D	2233
7	Yağmurcuk/Palandöken	39.46.19 ⁰ K 24.06.45 ⁰ D	2058
8	Alaybeyi/Aziziye	39.59.58 ⁰ K 41.03.12 ⁰ D	1834
9	Sarıyayla/Aziziye	40.01.13 ⁰ K 41.04.16 ⁰ D	1854
10	Sarıkayalar/Şenkaya	40.41.42 ⁰ K 42.26.65 ⁰ D	1555
11	Aydoğdu/Şenkaya	40.42.01 ⁰ K 42.28.13 ⁰ D	1625
12	Yazılı/Şenkaya	40.40.44 ⁰ K 42.27.35 ⁰ D	1550
13	Yeşildemet/Şenkaya	40.40.13 ⁰ K 42.25.25 ⁰ D	1464
14	Tüysüz/Çat	39.41.49 ⁰ K 41.06.35 ⁰ D	2149
15	Bağlıca/Çat	39.34.50 ⁰ K 40.46.35 ⁰ D	1921
16	Mollaömer/Çat	39.27.16 ⁰ K 40.44.55 ⁰ D	1929
17	Küçükgeçit/Aşkale	39.56.25 ⁰ K 40.45.59 ⁰ D	1695
18	Bozburun/Aşkale	39.59.24 ⁰ K 40.32.57 ⁰ D	1845
19	Kandilli/Aşkale	39.54.04 ⁰ K 40.51.34 ⁰ D	1749
20	Avcı/İspir	40.23.03 ⁰ K 40.54.0 ⁰ D	1990
21	Leylek/İspir	40.18.45 ⁰ K 40.49.53 ⁰ D	1970
22	Cankurtaran/İspir	40.23.45 ⁰ K 41.00.29 ⁰ D	2034
23	Olurdere/Olur	40.48.24 ⁰ K 42.09.45 ⁰ D	1075
24	Taşgeçit/Olur	40.53.39 ⁰ K 42.14.33 ⁰ D	1710
25	Şenyurt/Tortum	40.11.35 ⁰ K 41.28.04 ⁰ D	2050
26	Aksu/Tortum	40.24.28 ⁰ K 41.33.28 ⁰ D	1786
27	Yumaklı/Tortum	40.13.36 ⁰ K 41.32.13 ⁰ D	2109
28	Tipili/Tortum	40.18.35 ⁰ K 41.19.58 ⁰ D	2198
29	Şekerli/Narman	40.18.51 ⁰ K 41.55.28 ⁰ D	1618
30	Koçkaya/Narman	40.23.36 ⁰ K 41.57.40 ⁰ D	1559
31	Sapanlı/Narman	40.20.36 ⁰ K 41.45.43 ⁰ D	2055
32	Alabalık/Narman	40.25.47 ⁰ K 41.56.09 ⁰ D	1563
33	Obayayla/Oltu	40.29.38 ⁰ K 42.04.11 ⁰ D	1987
34	İnanmış/Oltu	40.28.26 ⁰ K 41.42.16 ⁰ D	1937
35	Başbağlar/Oltu	40.28.01 ⁰ K 41.40.56 ⁰ D	1905
36	Çamlıbel/Oltu	40.29.17 ⁰ K 41.45.45 ⁰ D	1767

Tablo 4. (devamı)

37	Küçüktü/Pasinler	39.59.58 °K 41.26.09 °D	1857
38	Büyükdere/Pasinler	40.02.35 °K 41.36.59 °D	1791
39	Tımar/Pasinler	40.02.56 °K 41.44.42 °D	1833
40	Otlukkapı/Pasinler	39.53.49 °K 41.40.18 °D	1777
41	Emre/Köprüköy	39.58.09 °K 41.57.34 °D	1644
42	Buğdaylı7Köprüköy	39.58.28 °K 41.59.00 °D	1645
43	Aşağııncesu/Karayazı	39.40.05 °K 41.59.17 °D	2112
44	Üzengili/Karayazı	39.39.15 °K 42.11.17 °D	2040
45	Güllü/Karayazı	39.42.05 °K 40.23.07 °D	2081
46	Arpaçayır/Horasan	40.01.12 °K 41.25.47 °D	1994
47	Haydarlı/Horasan	39.54.01 °K 42.18.18 °D	1992
48	Yukarıbademözü/Horasan	40.39.36 °K 42.10.52 °D	1889
49	Saltepe/Hınıs	39.26.21 °K 41.32.36 °D	2137
50	Akören/Hınıs	39.28.28 °K 41.43.26 °D	1919
51	Çaybaşı/Uzundere	40.32.26 °K 41.33.09 °D	1076
52	Sapaca/Uzundere	40.32.30 °K 41.37.07 °D	1266
53	Cevizli/Uzun0064ere	40.37.31 °K 41.43.07 °D	1212
54	Deliler/Tekman	39.42.40 °K 41.30.52 °D	1984
55	İncesu/Tekman	39.42.22 °K 41.33.18 °D	2088
56	Çaydere/Pazaryolu	40.31.07 °K 41.43.48 °D	2086
57	Esenyurt/Pazaryolu	40.27.54 °K 40.45.54 °D	1907
58	Erenler/Pazaryolu	39.27.32 °K 42.05.18 °D	1923
59	Budaklı/Karaçoban	39.19.26 °K 42.01.07 °D	1548
60	Bozyar/Karaçoban	39.15.00 °K 42.01.07 °D	1826
Kontrol çeşitleri			
61	Bünyan 80		
62	Altınova		

Çayır düğmesi toplanılan duraklardaki rakımların 1075 m (Olurdere/Oltu) ile 2233 (Konaklı/Palandöken) arasında değişim gösterdiği tespit edilmiştir (Tablo 4).



Şekil 1. Çayır düğmesi toplanan ilçeler

Sera çalışmaları

Araziden toplanan tohumlar kese kâğıtlarına konularak 2 ay kadar 4 °C'de bekletilip daha sonra Atatürk Üniversitesi Bitkisel Üretim Uygulama ve Araştırma Merkezi seralarında viyollere ekimi yapılmış ve daha sonra saksılara aktarılmıştır. Her bir popülasyonu temsilen alınan tohumlar ayrı ayrı 10 viyole ekilmiş ve böylece kontrol olarak kullanılanlarla beraber 620 saksılık koleksiyon oluşturulmuştur. Tohumlar önce torflarla doldurulmuş viyollere ekilmiş ve daha sonra tohumlar 3:1 oranında toprak ve torf karışımından oluşmuş saksılara ekilmiştir. Saksılara ekilen tohumların çıkmama ihtimaline karşılık her genotipten yedek saksılar oluşturulmuştur. Çimlenen tohumlar çıkan bitkiler 2022 yılında yapılan arazi çalışmalarına kadar sıcaklık kontrollü sera şartlarında bekletilmiştir.



Şekil 2. Çayır düğmesi popülasyonlarının viyollerde çimlendirilmesi



Şekil 3. Çayır düğmesi bitkisinin saksılarda yetiştirilmesi

Arazi çalışmaları

Toplanan tohumlardan çimlenen popülasyonlar 2022 yılı Nisan ayı içerisinde Atatürk Üniversitesi Bitkisel Üretim ve Uygulama Merkezi deneme alanlarına şaşırtılmışlardır. Arazi çalışması Augmented deneme deseninde 2 kontrollü ve 4 tekerrürlü olarak kurulmuştur. Tohumun az olduğu ıslah çalışmalarında kullanılan bu metotta popülasyonlar birer defa dikilip, standart çeşitler her tekerrürde tekrarlanmıştır. Her bir popülasyon 70 cm x 70 cm aralıklarla ocakvari olarak birer sraya dikilerek ve her bir sırada 10 bitki yer almış ve toplamda 620 popülasyon oluşmuştur. Bu aşamada her bir popülasyon için 7 m (10 bitki x 70 cm) uzunluğunda sıralar oluşturulmuştur. Dikimden sonra sulama yapılarak tutması sağlanan bitkiler için 8 kg N/da azotlu ve 6 kg P₂O₅/da fosforlu gübre uygulanmıştır (İpek ve Sevimay 2002). Çalışma çok yıllık olduğu için birçok çalışmada olduğu gibi iki yıllık ortalama değerler üzerinden değerlendirme yapılmıştır (Sabancı *et al.* 2013; Spehar 1994; Arab *et al.* 2015).

Çalışmada kontrol olarak kullanılan çeşitler tekrarlamalı şekilde diğer toplanan popülasyonlar ise tekrarlamasız olacak şekilde deneme oluşturulmuştur. Kontrol olarak kullanılan çeşitlerde diğer popülasyonlarda olduğu gibi önce viyollere daha sonra saksılara aktararak yetiştirilmiştir. Kullanılan kontrol çeşit sayısı 2 olduğundan blok sayısı 4 olarak belirlenmiş ve toplanan 60 popülasyon 4 bloğa rastgele dağıtılarak, kontrol olarak kullanılan çeşitler ise her blokta tekrarlanmıştır.



Şekil 4. Çayır düğmesi popülasyonlarının araziye şaşırtılması ve bakım çalışmaları

2022 yılında başlanılan arazi çalışmalarında iki yıl boyunca (2022 ve 2023) münferit bitki incelemeleri yapılmış ve her popülasyonda yer alan bütün bitkilerde (10 bitki) aşağıdaki fenolojik ve morfolojik gözlem ve ölçümler yapılmıştır. Fenolojik ve morfolojik özelliklerin belirlenmesinde Douglas (1991) ve Anonim (2001)'den faydalanılarak tespit edilmiştir.

- 1. Çiçeklenme tarihi:** Ekim tarihinden gövdeler uzamaya başladığı ve kömeçler oluşup çiçek açtığı döneme kadar geçen süre gün ve ay olarak kaydedilmiştir.
- 2. Bitki boyu (cm):** Her popülasyona ait 10 bitkide çiçeklenme döneminde toprak yüzeyi ile başağın uç kısmı arasındaki mesafe ölçülmüş ve ortalamaları alınmıştır.
- 3. Sap kalınlığı (mm):** 10 bitkide verniyerli cetvel yardımıyla ana sapın ikinci ve üçüncü boğum arası ölçülerek mm olarak sap kalınlığı belirlenmiştir.
- 4. Ana Sap Sayısı (adet/bitki):** Ana sapta bulunan dallar sayılarak kaydedilmiştir.

5. **Yaprak boyu (mm):** Yaprığın dala bağlandığı yerden, terminal yaprakçığın ucuna kadar olan kısım yaprak boyu olarak kabul edilmiştir. Bitkiden alınan yaprakların boyu ölçülerek kayıt altına alınmıştır.
6. **Yaprakçık boyu (mm):** Yaprakçık boyunun belirlenmesi için yaprakların orta kısmından seçilen yaprakçıkların boyları ölçülmüştür. Her bitki için 10 tane yaprakçık ölçülmüş ve ortalamaları o bitkinin yaprakçık boyu olarak kabul edilmiştir.
7. **Yaprakçık eni (mm):** Yaprakçık boyunda olduğu gibi boyları tespit edilen yaprakçıkların en geniş yerleri ölçülmüş ve yaprakçık eni olarak kabul edilmiştir.
8. **Yaprak sayısı (adet):** Ana sapta bulunan yapraklar sayılarak belirlenmiştir.
9. **Yaprakta yaprakçık sayısı (adet/yaprak):** Boyları ölçülen yapraklardaki yaprakçıklar sayılarak tespit edilmiştir.
10. **Yeşil ve kuru bitki ağırlığı (g/bitki):** Çayır düğmesi bitkisinin çiçeklendiği dönemde her popülasyondan alınan 10 bitki önce yaş ve daha sonra kurutulduktan sonra (48 saat 70 °C) kuru ağırlık değerleri belirlenmiştir. Biçim yüksekliği 5cm olacak şekilde yapılmıştır (Açıköz 2001).
11. **Ham protein oranı (%):** Çayır düğmesi örneklerinin Kjeldahl yöntemi ile azot oranları belirlenmiş ve analiz sonucu elde edilen azot değerlerinin 6.25 katsayısı ile çarpılmasıyla örneklerin ham protein oranları hesaplanmıştır (AOAC 1990).
12. **Asit eriticilerde çözünmeyen lif (ADF) oranı (%):** ANKOM fiber analiz aletiyle analize tabi tutulan yem örnekleri aseton ile yıkanıp bir gece 105°C'de kurutularak desikatörde soğutulduktan sonra tartılarak ADF oranları belirlenmiştir (Ankom 2004).
13. **Doğal eriticilerde çözünmeyen lif (NDF) oranı (%):** ANKOM fiber analiz aletinde NDF analizleri yapılan yem örnekleri aseton ile yıkanıp bir gece 105°C'de kurutularak desikatörde soğutulduktan sonra tartılarak NDF oranları belirlenmiştir (Ankom 2004).

Moleküler karakterizasyon çalışmaları

DNA izolasyonunda kullanılan çözeltiler ve hazırlanışları

0,5 M EDTA, (200 mL stok, pH 8,0)

Çalışmada 37,22 g tartılan EDTA 180 mL ultra saf su içerisinde çözdürülmüş ve pH 8,0'e ayarlanmıştır. Daha sonra toplam hacim ultra saf ile 2000 mL'ye tamamlanmış ve tam berraklaşma için NaOH kristalleri uygulanmıştır.

Kloroform: İzoamil alkol

Çözelti 240 mL kloroform 240 mL ve izoamil alkol 10 mL kullanılarak hazırlanmıştır.

6X Loading Dye

Bromofenol blue 0,25 gr, Xylene Ciyonol FF 0,25gr, Gliserol 15 mL, ultra saf su ve 35 mL solüsyon hazırlanılarak kullanılmıştır.

1M 200 mL TE tampon çözeltisi

2M Tris-HCl (pH 8,0) ve 0,5 M EDTA (pH 8,0) olacak şekilde ortam hazır hale getirilmiştir. Toplam hacim her 200 mL için: 0,5 mL 2 M Tris-HCl (pH 7,5), 0,5 mL 0,2 M EDTA (pH 8,0) olacak şekilde 200 mL'ye tamamlanmıştır.

5 M 1 L NaCl

Hazırlanan 292,2 gr'lık NaCl 800 mL ultra saf suda çözülmesi sağlanmıştır.

0,5 M Tris-HCl (pH 7,5)

Çalışmada 100 mL saf suda çözünen 12,11 gr'lık TrisBase sonradan son hacim 200 mL tamamlanması için pH 8,0'a ayarlandıktan sonra otoklava alınmıştır.

%5,4 PVP-40 (Provinil Prolidin)

5,4 gr PVP-40 tartılmış ve 70 mL ultra saf su içerisinde çözülmüş ve daha sonra son hacim 100 mL tamamlanmıştır.

%2 CTAB solusyon

Çalışmada 30 mL ultra saf suda içerisinde 10 gr CTAB ve 4,1 gr NaCl, 55°C'ye kadar çözülmüş ve berraklaştığı zaman son hacim 100 mL tamamlanmıştır.

DNA extraction buffer (CTAB Buffer)

Solusyon %5,4 PVP-40 10 gr, 20 uM EDTA 2 mL ve 10 mL 1,4M NaCl'den 14 ml eklenerek hazır hale getirilmiştir.

%70'lik etil alkol (EtOH)

Çözelti hazırlanırken 70 mL %100'lük etil alkolden alınmış ve 100 mL distile su ile toplam hacmi tamamlanmıştır.

400 mL TBE buffer (10X TBE buffer)

Yaklaşık 200 mL saf suda çözünen 43,2 gr'lık Tris'e 22,0 gr borik asit eklenmiş ve daha sonra 0,5M 8 mL EDTA (pH 8,0) eklenerek çözeltinin son hacim 400 tamamlanmıştır.

%3'lik agaroz jelin hazırlanışı

Çalışmada 7,5 g agaroz 250 ml 1X TBE tampon çözeltide karıştırıldıktan mikrodalgaya verilmiş ve daha sonra 5 µl etidiyum bromür (EtBr) ile karıştırılarak tanka dökülmüş ve katılaşması sağlanmıştır.

DNA izolasyonu ve saflaştırılması

Araştırmada çayır düğmesi genotiplerinin genç yaprakları bitki materyali olarak kullanılmıştır. DNA izolasyon yöntemi olarak Saghai-Marooft *et al.* (1984) belirttiği yöntemde bazı değişiklikler yapılarak aşağıda belirtilen aşamalar gerçekleştirilmiştir.

Tablo 5. CTAB Tampon Hazırlığı

Miktar	Çözelti
10 mL	CTAB (%2)
14 mL veya 4.095 g toz	1,4 M NaCl
5 mL	1 M Tris
2 mL	2 M EDTA
10 g	PVP -40

Araştırmada su banyosunda 65 °C'de ısıtılan izolasyon tamponuna (50 mL) 100 µL β-Mercaptoethanol [Merck®] İzolasyon eklenmiştir. Öncelikle çayır düğmesi örneklerinden 0,05 g alınarak 2,0 mL'lik mikrosantrifüj tüpüne bırakılmış ve sıvı azot yardımı ile çayır düğmesi yaprakları 1 mL'lik pipet ucu vasıtası ile iyice ezilmiş ve öğütülmüştür. Daha sonra örneklere 600 µL izolasyon tampon çözeltisi ilave edilerek 60-80 dakika inkübasyona tabi tutulan örnekler iyice karışması için 15 dakika ara ile karıştırılmış ve sonra yine 600 µL kloroform: izoamilalkol (24:1) eklenip tekrar karıştırılarak 10 dakika 5700 RPM'de santrifüj yapılmıştır. Bunun takibinde meydana gelen üç katmandan üstteki katman (süpernatant) başka bir 1,5 mL'lik mikrosantrifüj tüpüne aktarılarak DNA peletinin oluşumu için süpernatanta 600 µL isopropanol (-20 °C) ilave edilerek alt üst edilmiştir. Santrifüj edildikten sonra (10 dakika 5700 RPM) süpernatantların uzaklaşması için kâğıt havlu üzerinde bekletilmiş ve kuruma sonrası 500 µL %70 EtOH ilave edilmiştir. DNA'nın çökmesi için 8 dakika santrifüj (5700 RPM) işlemi yapılmıştır. Daha sonra uygulanan Etanolün (EtOH) uzaklaştırılması için 20 dakika süre ile kâğıt havlu üzerinde ters döndürülüp bırakılmış ve +4 °C'de 300 µL TE ilave edilerek 1 gece bırakılmıştır. Sonrasında beş dakika süre ile santrifüj (5700 RPM) yapılmıştır. Oluşan kirli

DNA'yı temizlemek maksadı ile tampon çözeltisi alt üst yapılmış ve süpernatant'ın uzaklaştırılması için beş dakika santrifüj (6000 RPM) yapılarak hava kurutmasına tabi tutulmuştur. Sonraki aşamada ise 1 gün süre ile +4 °C'de 200 µL steril saf suya bırakılmış ve içerisindeki peletler eridikten sonra -20 °C'de depolanmıştır.

DNA Saflık ve Miktarının Belirlenmesi

Elde edilen DNA örneklerinin Nanodrop Lite spektrofotometre cihazı kullanılarak saflık ve konsantrasyonları tespit edilerek ve mevcut örnekler 10 ng/µL olacak şekilde hazırlanmıştır.

ISSR primerlerinin sulandırılması

Seyreltme işlemi bittikten sonra primerler 10 mM/µL olarak seyreltme işlemi tamamlanmıştır.

PCR analizi

ISSR markörünün primerlerine ait bilgiler ve bağlanma sıcaklıkları Tablo 6'da verilmiştir. Ayrıca Tablo 7'de ise PCR master karışımı ve PCR şartları gösterilmiştir. Çalışmada ilk önce rasgele olacak şekilde 5 adet bitkide ISSR primerleri test edilmiş, test sonucunda en iyi polimorfizm gösteren 12 ISSR primeri ile tüm genotiplerde olacak şekilde ISSR analizi yapılmıştır.

Tablo 6. Çalışmada Kullanılan ISSR Primerleri

Primer Adı	Primer dizisi (5'–3')	Bağlanma sıcaklığı (°C)
UBC807	AGAGAGAGAGAGAGAGT	51,6
UBC808	AGAGAGAGAGAGAGAGC	52
UBC809	AGAGAGAGAGAGAGAGG	50
UBC810	GAGAGAGAGAGAGAGAT	52
UBC811	GAGAGAGAGAGAGAGAC	53
UBC812	GAGAGAGAGAGAGAGAA	52
UBC817	CACACACACACACAA	50
UBC825	ACACACACACACACT	50
UBC841	GAGAGAGAGAGAGAGAY	52
UBC843	CTCTCTCTCTCTCTRA	50
UBC844	CTCTCTCTCTCTCTRC	50
UBC848	CACACACACACACARG	52

Tablo 7. ISSR Primer PCR Karışımları ve Şartları

PCR Karışımının Hazırlanması			
Kalıp DNA (10 ng/ μ L)	:	5,0 μ l	
Primer (10 μ M/ μ L)	:	1,0 μ l	
PCR Karışımı	:	10,0 μ l	
Ultra Saf Su	:	4,0 μ l	
TOPLAM	:	20 μ l	
PCR Şartları			
Ön Ayrışma	:	95 °C	3 dk.
Ayrışma	:	94 °C	30 s
Bağlanma	:	50 °C	40 s 40 Döngü
Uzama	:	72 °C	1 dk.
Final Uzama	:	72 °C	10 dk.
Bekletme	:	+4 °C	-----

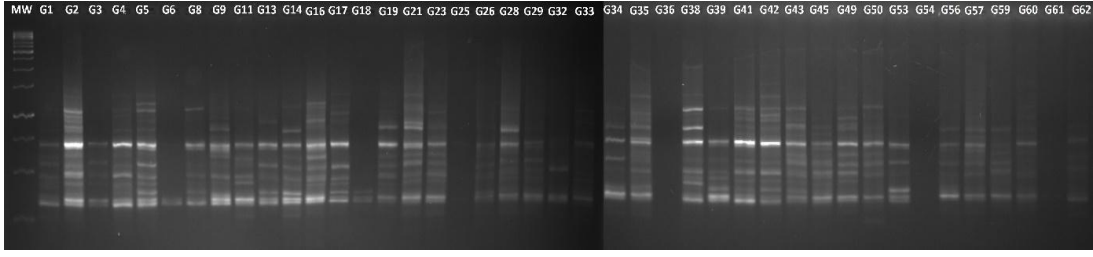
Elektroforez İşlemi

Agaroz jel elektroforezi ile ISSR primer PCR ürünlerinin yürütülmesi

Çalışmada elde edilen ISSR primerleri jelşe yüklenmiş ve bant büyüklüğünün belirlenmesi maksadı ile DNA ladderler (Bioline HyperLadder™ 1kb DNA ladder (Katalog no: BIO-33025), Vivantis VC 100bp Plus DNA Ladder (Katalog No: NL1405) ve ThermoFisher GeneRuler 1 kb Plus DNA ladderlar (Katalog No: SM1331) yüklenmiştir. Daha sonra 1X TBE tampon çözeltisi ile yapılan çalışmada sistem aracılığı (Bio-Rad ChemiDoc MP) ile jel görüntülemesi gerçekleştirilmiştir.

PCR ürünlerinin yürütülmesi ve görüntülenmesi

Çalışmada 60 genotip ve 2 kontrol çeşidi olmak üzere toplamda 62 çayır düğmesi kullanıldığı anacak 42 tanesinden görüntü alındı ve 42 çayır düğmesi kullanılarak primerlerden genotip başına ortalama 245,42 bant olmak üzere toplam 2,945 bant elde edildi. Araştırmada en fazla bant sayısı (378) UBC841 primeri ile elde edilirken en düşük bant sayısı (112) UBC848 primeri ile elde edilmiştir. Alel başına en yüksek bant sayısı (13,79) UBC811 primerinden elde edilirken en düşük bant sayısı ise (7,17) UBC812 primerinden elde edilmiştir. Çalışmada UBCC841'e ait jel görüntüsü Şekil 5'te gösterilmiştir.



Şekil 5. Çayır düğmesine ait farklı 42 farklı bant deseni

Moleküler verilerin değerlendirilmesi

Çalışmada kullanılan ISSR jelleri analiz edilmiş (TotalLab TL120) ve bantların polimorfik olup olmamasına göre var veya yok şeklinde sınıflandırılarak oluşan matrislerde genetik uzaklık ve yakınlık değerlendirilmiştir (Nei 1972). Daha sonra aynı zamanda çoğaltılan her bir primer için iMEC (<https://irscope.shinyapps.io/iMEC/>) online aracı kullanılarak markör indeksi (MI), polimorfik bilgi içeriği (PIC) ve ayırım gücü (AG) değerleri tespit edilmiştir. Araştırmada polimorfizm oranını (%) belirlemek için polimorfik bant sayısı/Toplam bant sayısı x100 formülü kullanılmıştır. Ayrıca çalışmada NTSYS-pc programı yardımıyla UPGMA metoduna göre kümeleme analizi yapılmış ve dendogram çizilmiştir (Rohlf, 1997). SIMQUAL modülü kullanılarak Jaccard benzerlik katsayısı tespit edilmiştir. GenA1Ex yazılımı (Peakall and Smouse 2012) kullanılarak ISSR primer verisi ile gözlemlenen allel sayısı (Na), etkili allellerin sayısı (Ne), Shannon's bilgi indeksi (I) ve Nei'nin genetik çeşitlilik (h) değerleri hesaplanmıştır. Çalışmada kullanılan genotiplerin genetik yapıları allel frekansına göre grupları genetik olarak ayıran kümeleme algoritmasına (STRUCTURE v.2.3.4) belirlenerek (Pritchard *et al.* 2000) K değeri olarak gösterilmiştir. Popülasyonların sayısı (K değeri 1'den 10'a kadar) STRUCTURE programına göre belirlenmiştir. Her K değeri için 10 yürütme, 100000 tekrarlı ön tarama ve 100000 Monte Carlo Markov Zinciri tekrarı ile gerçekleştirilmiştir. Çalışmada ayrı ayrı K değeri için tekrarlamalar yapılmış ve karışım (admixture) modeli belirlenmiştir. Bu modelde atasal olarak karışık iken İlişkili Allel Sıklığı Modeli ise (Correlated Allele Frequency Model) popülasyonlar arasında değişkenlik olduğunu ifade eder (Albert *et al.* 2006). Bu sebepten dolayı yakın ilişkili gösteren popülasyonların çok benzer bir allel sıklığı göstermesi muhtemel görünmektedir (Albert *et al.* 2006; Earl ve Von 2012). Çalışma sonucunda veriler STRUCTURE Harvester'a tabi tutulmuş ve Evanno metodunu kullanılmıştır (Earl and Von 2012).

İstatiksel Değerlendirme

Araştırmada ölçüm ve analizler sonucunda elde edilen değerlerin varyans analizleri augmented rastgele tam bloklar deneme desenine (Federer 1956; Federer 1961; Searle 1965) uygun olarak, R paket programı kullanılarak yapılmış (Aravind *et al.* 2022), 102 popülasyonda

bulunan çeşitlere ait ortalamaların karşılaştırılmasında ise LSD (Least Significant Difference) çoklu karşılaştırma testi kullanılmıştır.



ARAŞTIRMA BULGULARI VE TARTIŞMA

Çiçeklenme Tarihi

Çayır düğmesi (*Sanguisorba minor* Scop.) bitkisinin ele alındığı bu çalışmada bitkiye ait 29 genotip ve 2 kontrol çeşidi olmak üzere 31 örnekle çalışma yürütülmüştür. İki yıl süren araştırmanın yapıldığı 2022 ve 2023 yıllarına ait çiçeklenme tarihleri Tablo 8’de verilmiştir.

Tablo 8. Toplanan Çayır Düğmesi Genotiplerine ait Çiçeklenme Tarihleri

Genotip/Numara	Çiçeklenme Tarihleri	
	2022	2023
1	25 Ağustos	11 Haziran
4	01 Ağustos	12 Haziran
5	21 Temmuz	06 Haziran
6	07 Ağustos	10 Haziran
7	02 Eylül	16 Haziran
8	01 Ağustos	07 Haziran
14	29 Temmuz	11 Haziran
17	21 Temmuz	11 Haziran
18	02 Ağustos	12 Haziran
19	14 Ağustos	15 Haziran
21	15 Ağustos	15 Haziran
22	08 Eylül	15 Haziran
28	20 Ağustos	11 Haziran
35	24 Ağustos	18 Haziran
37	03 Ağustos	13 Haziran
40	18 Temmuz	04 Haziran
41	15 Temmuz	03 Haziran
42	21 Temmuz	07 Haziran
43	20 Ağustos	11 Haziran
44	08 Ağustos	10 Haziran
45	28 Temmuz	10 Haziran
46	10 Temmuz	10 Haziran
49	15 Ağustos	17 Haziran
50	08 Ağustos	11 Haziran
53	06 Temmuz	29 Haziran
55	22 Temmuz	06 Haziran
56	23 Temmuz	07 Haziran
58	20 Ağustos	12 Haziran
59	03 Ağustos	08 Haziran
61	01 Temmuz	29 Mayıs
62	23 Haziran	26 Mayıs

Araştırma sonuçlarına bakıldığında zaman çalışmanın yürütüldüğü ilk yıl olan 2022 yılında ilk çiçeklenme Haziran ayının sonuna doğru 23 Haziran'da kontrol olarak kullandığımız G62 çeşidinde tespit edilmiştir. Kullandığımız diğer bir kontrol çeşidi olan G61 ise G62'den sonra en erken çiçeklenme gösteren çeşit olma özelliği göstermiştir. Kontrol olarak kullandığımız çeşitleri 06 Temmuz'da çiçeklenme gösteren G53 genotipi takip etmiştir. Çiçeklenme tarihi en geç olan genotip ise Eylül ayının 2. haftasına kadar çiçeklenme göstermeyen 08 Eylül tarihinde çiçeklenen G22 genotipi olmuştur. Çalışmada G22 genotipini sırasıyla 02 Eylül'de çiçeklenen G7 ve 25 Ağustos'ta çiçeklenen G1 genotipleri takip etmiştir (Tablo 8).

Araştırmanın ikinci yılında genotiplerin çiçeklenme tarihleri 26 Mayıs ile 29 Haziran arasında değişiklik gösterdiği kaydedilmiştir. Çalışmada ilk yılda olduğu gibi en erken çiçeklenen çeşitler kontrol olarak kullandığımız G62 (26 Mayıs) ve G61 (29 Mayıs) çeşitleri olmuştur. Araştırmada G41 genotipi (03 Haziran) ise kontrol çeşitlerini takip eden en erken çiçeklenme gösteren çayır düğmesi olarak tespit edilmiştir. Denemede 2023 yılında kaydedilen en geç çiçeklenme tarihi ise 2022 yılında 3. en erken çiçeklenme gösteren G53 genotipi (29 Haziran) olmuştur. Çalışmada en geç çiçeklenen diğer genotipler ise 18 Haziran tarihi ile G35 ve 17 Haziran tarihinde çiçeklenen G49 genotipleri olmuştur.

Yürütülen bu çalışmada her iki yılda da kontrol olarak kullandığımız G61 ve G62 çeşitlerinin toplanan çayır düğmesi genotiplerine kıyasla daha erken çiçeklenme gösterdikleri kaydedilmiştir. Çalışmada 2022 ve 2023 yıllarındaki sonuçlara ele alındığında ilk yıla oranla ikini yılda gerek kontrol olarak kullandığımız çeşitler olsun gerekse toplanan genotipler olsun daha erken bir çiçeklenme gösterdiği tespit edilmiştir (Tablo 8). Çiçeklenme zamanı, üremenin başlamasını uygun çevresel koşullarla senkronize eden ve iklim değişikliğine (yağış ve sıcaklık gibi) adaptasyonda rol oynayabilecek önemli bir kalıtsal özellik olmasından dolayı (Prosperi *et al.* 1999) gerekse kullanılan kontrol çeşitleri arasında gerekse toplanan genotipler arasında çiçeklenme tarihleri bakımından böyle bir farklılığın olması muhtemel görülmektedir. Nitekim konu ile ilgili yapılan birçok çalışmada da çeşit, genotip ve çevre ile ilgili farklılıkların çiçeklenme tarihi üzerine etkisinin önemli olduğunun ifade edilmesi (Özel vd 2010; Ermiş 2021; Soufflet-Freslon *et al.* 2021; Severoglu ve Gullap 2023) çalışmamızı destekler niteliktedir. Ayrıca çiçeklenme zamanı ve ekolojik özellikler arasında önemli ilişkilerin saptanması (Karagüzel vd 2006) doğal yayılış alanından toplanan tohumlar ile kontrol çeşitleri arasında çiçeklenme zamanı arasında ortaya çıkan bu değişikliği açıklar niteliktedir.

Bitki Boyu

Çalışmanın yürütüldüğü 2022 ve 2023 yıllarında toplanan çayır düğmesi (*Sanguisorba minor* Scop.) genotipleri ve kontrol çeşitlerine ait bitki boyu varyans analiz sonuçları ve bitki

boyuna ait deęerler Tablo 9 ve Tablo 10’da verilmiřtir. Arařtırmada ele alınan ayır dęmesi genotiplerinin bitki boyuna ait varyans analiz sonuları incelendięinde blokların 2022 yılında ve birleřik analizde nemli farklılık gstermedięi fakat 2023 yılında istatistiki manada nemli olduęu grlmřtir. alıřmada kontrol, test, tm genotipler ve TG ve KG karřılařtırmaları bitki boyu bakımından istatistiki aıdan deęerlendirildięinde arařtırmanın her iki yılda da ok nemli farklılıklar olduęu tespit edilirken yılların birleřik analizinde ise varyasyonlar arasında nemli bir farklılıęın olmadığı belirlenmiřtir (Tablo 9).

Tablo 9. ayır dęmesi Genotiplerinin Bitki Boyuna ait Varyans Analiz Sonuları

Varyasyon Kaynaęı	2022		2023	Ortalama
	SD	F Deęeri		
Blok	3	0,91d	27,00*	0,00d
Kontrol Genotipleri	1	9,00e+3***	34,13e+4***	0,18d
Test Genotipleri	28	5,96e+4***	69,79e+4***	0,38d
Tm Genotipler	30	7,65e+4***	82,90e+4***	0,36d
TG ve KG Karřılařtırma	1	6,17e+5***	49,87e+5***	0,03d

KG: Kontrol Genotipleri; TG: Test Genotipleri; d: nemli deęil, *: $P \leq 0.05$, **: $P \leq 0.01$, ***: $P \leq 0.001$

Arařtırmada bitki boyu ieklenme periyodundaki 10 bitkinin toprak zemin ile bařaęın u kısmı arasında kısım llerek belirlenmiřtir. alıřmanın yapıldıęı 2022 yılında genotiplere ait bitki boyu deęerleri 20,25 cm ile 63,75 cm arasında deęiřiklik gsterirken, kaydedilen bitki boyu ortalama 36,35 cm olmuřtur. alıřmanın ilk yılında genotipler arasında bitki boyu aısından yaklařık 2-3 kat gibi ok byk farklılıklar olması dikkat ekici olmuřtur. Arařtırmada lm yapılan en kısa genotip G7 genotipi (20,25 cm) olurken bu genotipi G17 (21,08 cm) ve G22 (22,31 cm) ile genotipleri izlemiřtir. Denemede G4 63,75 cm ile en uzun bitki boyuna sahip genotip olurken bu genotipi sırası ile G61 (48,73 cm) ve G49 (48,06 cm) genotipleri takip etmiřtir. Kontrol grubunu oluřturun G61 ve G62 eřitlerinin bitki boyu deęerleri sırasıyla 48,73 cm ve 46,19 cm olarak tespit edilmiř olup genotiplerden 1 (G4) tanesi G61 eřidinden ve 2 tanesi (G4 ve G49) G62 eřidinden daha yksek bitki boyu verilerine sahip olduęu tespit edilmiřtir (Tablo 10).

Arařtırmanın ikinci yılı olan 2023 yılında incelenen genotiplerin bitki boyu deęeri ortalama 61,13 cm olup 43,81-84,97 cm arasında farklılık gstermiřtir. Bitki boyu bakımından arařtırmanın ikinci yılında da ilk yıldaki kadar olmasa da yaklařık iki kat kadar bir farklılık olduęu kaydedilmiřtir. alıřmada G59, G4 ve G58 genotipleri sırası ile 84,97 cm, 77,50 cm ve 77,22 cm ile en yksek bitki boyuna sahip genotipler bitki boyu ile en uzun genotip olurken, en kısa bitki boyuna sahip genotipler ise sırası ile G18 (43,81 cm), G17 (47,06 cm) ve G19 (47,56 cm) olmuřtur. Arařtırmada kullanılan G61 ve G62 eřitlerinin bitki boyları ise sırası ile 53,88

cm ve 49,11 cm olarak kaydedilmiştir. Çalışmada elde ettiğimiz genotiplerden 23 tanesi G61 çeşidinden ve 26 tanesi ise G62 çeşidinden daha yüksek bitki boyuna sahip olmuştur. Bitki boyu bakımından 2022 yılında kontrol çeşitlerinin toplanan genotiplere olan üstünlüğü çalışmanın 2. yılında sona ermiş ve toplanan genotiplerin büyük çoğunluğu kontrol çeşidinden daha yüksek bitki boyuna sahip olmuştur (Tablo 10).

Tablo 10. Çayır düğmesi Genotiplerine ait Bitki Boyu Değerleri

Genotip/Numara	Bitki Boyu (cm)		
	2022	2023	Ortalama
1	33,65	71,25	52,45
4	63,75	77,50	70,63
5	25,85	50,00	37,93
6	42,50	58,75	50,63
7	20,25	63,75	42,00
8	36,00	65,00	50,50
14	31,85	50,00	40,93
17	21,08	47,06	34,07
18	34,46	43,81	39,13
19	43,06	47,56	45,31
21	43,06	57,56	50,31
22	22,31	62,56	42,43
28	34,43	68,81	51,62
35	33,21	70,06	51,63
37	43,72	55,72	49,72
40	32,74	61,47	47,10
41	42,29	57,97	50,13
42	32,02	52,47	42,24
43	31,09	57,97	44,53
44	28,12	60,47	44,29
45	27,34	67,47	47,40
46	41,94	64,72	53,33
49	48,06	66,72	57,39
50	42,07	54,97	48,52
53	36,69	65,72	51,20
55	25,84	66,22	46,03
56	41,04	64,22	52,63
58	31,59	77,22	54,40
59	42,08	84,97	63,53

Tablo 10. (devamı)

61	48,73	53,88	51,30
62	46,19	49,11	47,65
Ortalama	36,35	61,13	48,74
CV (%)	0,10	0,02	35,30
LSD (Kontrol)	0,09	0,03	24,65
LSD (Aynı Bloklardaki Genotip)	0,17	0,05	49,30
LSD (Farklı Bloklardaki Genotip)	0,21	0,06	60,38
LSD (Genotip ve Kontrol)	0,16	0,05	47,73

Yılların birleşik analizine göre en düşük bitki boyuna sahip olan genotip 34,07 cm ile G17 genotipi olarak tespit edilirken, bunu sırası ile G5 (37,93 cm) ve G18 (39,13 cm) genotipleri takip etmiştir. Çalışmada G4 70,63 cm ile yıllar ortalaması incelendiğinde en yüksek bitki boyuna sahip genotip olurken bunu sırasıyla G59 (63,53 cm) ve G49 (57,39 cm) genotipleri izlemiştir. Çalışmada kontrol olarak kullandığımız G61 ve G62 çeşitlerinde 2022 ve 2023 yıllarının ortalamasına göre bitki boyları sırasıyla 51,30 cm ve 47,65 cm olarak tespit edilmiştir. Yıllar ortalaması sonuçlarına göre 9 tane genotipin (G1, G4, G28, G35, G46, G49, G56, G58 ve G59) G61 çeşidinden ve 16 tane genotipin (G1, G4, G6, G8, G21, G28, G35, G37, G41, G46, G49, G50, G53, G56, G58 ve G59) ise G62 çeşidinden daha yüksek bitki boyu verilerine sahip olduğu belirlenmiştir (Tablo 10). Yapılan çalışmada genel olarak toplanan genotiplerin büyük bir kısmının kontrol olarak kullanılan çeşitlerden ve özellikle de G62 çeşidinden daha yüksek bir bitki boyuna sahip olduğu belirlenmiştir. Çalışmada elde ettiğimiz bu sonuçlara benzer bir durum yapılan birçok çalışmada da (Ehdaie ve Waines 1989; Altındal ve Akgün 2018) kaydedilmiş olup çalışmamızda toplanan tohumlardan elde edilen genotipler arasında bitki boyu arasında oluşan fakat istatistiksel olarak önemli olmayan bu farklılıklarda her bir tohumun farklı rakımlardan toplanmasının önemli bir etkisi olabilir. Nitekim Ülkemizin farklı rakıma sahip alanlardan elde edilen 380 yerel buğday çeşitlerin her birin farklı bitki boyuna sahip olması ve ortaya çıkan burumun rakıma bağlı olarak değiştiğinin kaydedilmesi (Karagöz ve Zencirci 2005) çalışmamızda da Tablo 4’de de görüldüğü üzere toplanan genotiplerin her birinin farklı olmasından dolayı oluşan bu farklılığı açıklar niteliktedir. Ayrıca buna ilaveten kültüre alınmamış genotipler arasında yüksek bir genetik çeşitliliğin olması genel olarak beklenen bir durum olarak görülmekte olup (Akçelik 2018) bu da çalışmamızda elde ettiğimiz genotipler arasındaki farklılıkları destekler niteliktedir.

Sap Kalınlığı

Yürütülen çalışmada doğal floradan toplanan çayır düğmesi genotiplerine ve kontrol çeşitlerine ait sap kalınlığı ile ilgili varyans analiz sonuçları Tablo 11’de ve sap kalınlığına ait yıllar ve yıllar ortalamasına ait değerler ise Tablo 12’de gösterilmiştir. Varyans analiz tablosunun da incelenmesinden anlaşılacağı üzere sap kalınlığı bakımından bloklar arasında 2022 yılında istatistiki açıdan önemli farklılık tespit edilirken 2023 yılı ve yılların birleşik analizinde ise istatistiki anlamda önemli bir farklılık olmadığı kaydedilmiştir. Çalışmada kontrol genotipleri, test genotipleri ve tüm genotiplerin karşılaştırılmasında hem yıllar arasında hem de yılların birleşik analizinde istatistiki manada önemli farklılıkların olduğu kaydedilmiştir. Ancak araştırmada TG ve KG karşılaştırmasında çalışmanın her iki yılında istatistiki manada önemli farklılıklar tespit edilirken yıllar ortalamasında ise istatistiki anlamda önemli bir farklılık tespit edilmemiştir (Tablo 11).

Tablo 11. Çayır düğmesi Genotiplerinin Sap Kalınlığına ait Varyans Analiz Sonuçları

Varyasyon Kaynağı	2022		2023	Ortalama
	SD	F Değeri		
Blok	3	14,78*	0,02öd	0,00öd
Kontrol Genotipleri	1	6816,33***	208,40***	5,29*
Test Genotipleri	28	3216,46***	104,89**	1,96*
Tüm Genotipler	30	3234,45***	110,43**	2,03*
TG ve KG Karşılaştırma	1	156,16**	167,79***	0,75öd

KG: Kontrol Genotipleri; TG: Test Genotipleri; öd: önemli değil, *: $P \leq 0.05$, **: $P \leq 0.01$, ***: $P \leq 0.001$

Tablo 12. Çayır Düğmesi Genotiplerine ait Sap Kalınlığı Değerleri

Genotip/Numara	Sap Kalınlığı (mm)		
	2022	2023	Ortalama
1	2,68	4,76	3,72
4	3,61	5,41	4,51
5	3,14	3,60	3,37
6	2,11	2,77	2,44
7	2,05	3,39	2,72
8	2,50	2,60	2,55
14	2,58	2,94	2,76
17	3,60	3,79	3,69
18	3,52	3,65	3,58
19	2,48	2,59	2,53
21	2,46	3,01	2,73
22	2,54	3,55	3,04

Tablo 12. (devamı)

28	2,51	2,76	2,63
35	2,61	4,17	3,39
37	4,02	4,30	4,16
40	3,98	4,84	4,41
41	4,31	4,49	4,40
42	3,93	4,17	4,05
43	2,20	3,63	2,92
44	2,33	4,24	3,29
45	2,33	4,25	3,29
46	3,97	4,14	4,06
49	2,99	3,39	3,19
50	2,95	3,03	2,99
53	3,80	4,12	3,96
55	3,69	4,13	3,91
56	3,59	3,67	3,63
58	2,86	3,81	3,34
59	2,55	4,78	3,67
61	3,45	3,79	3,62
62	2,74	3,06	2,90
Ortalama	3,03	3,77	3,40
CV (%)	0,40	1,92	18,56
LSD (Kontrol)	0,03	0,16	0,90
LSD (Aynı Bloklardaki Genotip)	0,06	0,32	1,79
LSD (Farklı Bloklardaki Genotip)	0,07	0,39	2,20
LSD (Genotip ve Kontrol)	0,05	0,31	1,74

Yürütülen araştırmada sap kalınlığı verileri çayır düğmesi bitkisinin ikinci boğumuyla üçüncü boğumu arasının ölçülmesi şeklinde belirlenmiştir. Çalışmada bitkinin 2022 yılında sap kalınlığı verileri 2,05-4,31 mm arasında değişiklik göstermiştir. Tesis yılında ortalama sap kalınlığı değeri 3,03 mm olarak saptanmıştır. Çalışmada G7 genotipi 2,05 mm ile en düşük sap kalınlığına sahip olurken G7 genotipini sırasıyla G6 (2,11 mm) ve G43 (2,20 mm) genotipleri takip etmiştir. Sap kalınlığı bakımından en yüksek değere 4,31 mm ile G41 genotipi sahip olurken bunu sırasıyla 4,02 ile G37 ve 3,98 mm ile G40 genotipleri takip etmiştir. Kontrol çeşitlerimiz olan G61 ve G62 çeşitlerinin 2022 yılına ait değerleri sırasıyla 3,45 mm ve 2,74 mm olarak belirlenmiştir. Araştırmanın 2022 yılında doğal floradan toplanan genotiplerin 11 tanesi G61 çeşidinden ve 15 tanesi ise 62 çeşidinden daha yüksek değerlere sahip olmuşlardır (Tablo 12).

Araştırmanın ikinci yılı olan 2023 yılında ortalama 3,77 mm olan sap kalınlığı değeri 2,59 mm ile 5,41 mm arasında değişiklik göstermiştir. En düşük sap kalınlığı verisi 2,59 mm ile G19 genotipinde kaydedilirken, bunu G8 (2,60 mm) ve G28 (2,76 mm) genotipleri takip etmiştir. Çalışmada en yüksek sap kalınlığı değeri G4 (5,41 mm) genotipinde kaydedilmiş olup, bunu G40 (4,84 mm) ve G59 (4,78 mm) genotipleri izlemiştir. Sap kalınlığı verisi kontrol çeşidi olarak kullanılan G61 çeşidinde 3,79 mm olarak tespit edilirken, G62 çeşidinde ise 3,06 mm olarak kaydedilmiştir. Araştırmada G17 (3,79) genotipi kontrol çeşidi olan G61 ile aynı sap kalınlığına sahip olurken diğer toplanan genotiplerin 14 tanesi G61 çeşidinden ve 22 tanesi ise G62 çeşidinden daha yüksek değerlere sahip olmuşlardır (Tablo 12).

Yılların birleşik analizi incelendiğinde sap kalınlığı değerleri 2,44-4,51 mm gibi geniş bir aralıkta değişiklik göstermiş olup, ortalama değer 3,40 mm olarak tespit edilmiştir. Yıllar ortalamasına bakıldığında en düşük sap kalınlığı değeri G6 (2,44 mm) genotipinde görülürken, bunu G19 (2,53 mm) ve G8 (2,55 mm) genotiplerinin takip ettiği kaydedilmiştir. En yüksek sap kalınlığı değeri ise 2023 yılında olduğu gibi G4 (4,51 mm) genotipinde kaydedilmiş olup bunu 4,41 mm ile G40 ve 4,40 mm ile G41 genotipleri takip etmiştir. Sap kalınlığı açısından kontrol çeşitlerine bakıldığı zaman G61 çeşidinin sap kalınlığının 3,62 mm ve G62 çeşidinin ise sap kalınlığının 2,90 mm olduğu kaydedilmiştir. Yıllar ortalamasını incelediğimizde 12 genotipin G61 çeşidinden ve 22 genotipin ise G62 çeşidinden daha yüksek sap kalınlığı değerlerine sahip olduğu belirlenmiştir (Tablo 12). Ekolojik faktörlere göre önemli değişim gösteren ana sap kalınlığının (Acar 2020; Kurt ve Başaran 2022; Kurt 2024) yapılan çalışmada da Tablo 4’de de görüleceği üzere farklı ekolojik alanlardan toplanan genotipler arasında önemli varyasyonlar gösterdiği kaydedilmiş olup bu durum yem bitkileri ile yapılan çalışmalarda da (Sayar 2007; Temel vd 2021) ifade tespit edilmiştir.

Ana Sap Sayısı

Araştırmada doğal floradan toplanan çayır düğmesi genotiplerinin ve kontrol çeşitlerinin ana sap sayısı verilerine ait varyans analizleri Tablo 13’de verilirken ana sap sayısına ait değerler ise Tablo 14’de sunulmuştur. Varyans analiz tablosu incelendiğinde ana sap sayısı açısından blokların araştırmanın her iki yılında ve yılların birleşik analizinde istatistiki olarak önemli olmadığı kaydedilmiştir. Araştırmada kontrol genotipleri, test genotipleri ve tüm genotipler ana sap sayısı bakımından hem 2022 yılında hem de 2023 yılında istatistiki manada çok önemli olurken, tg ve kg karşılaştırması hariç karşılaştırılan tüm varyasyonlar yılların birleşik analizinde istatistik açısından önemli bir farklılık göstermediği belirlenmiştir (Tablo 13).

Tablo 13. Çayır Düğmesi Genotiplerinin Ana Sap Sayısı ait Varyans Analiz Tablosu

Varyasyon Kaynağı	2022		2023	Ortalama
	SD		F Değeri	
Blok	3	0,24öd	0,29öd	0,00öd
Kontrol Genotipleri	1	1,38e+30***	7,75e+29***	2,84öd
Test Genotipleri	28	1,08e+30***	1,47e+29***	0,69öd
Tüm Genotipler	30	1,90e+30***	1,78e+29***	1,09öd
TG ve KG Karşılaştırma	1	2,55e+31***	4,34e+29***	10,57**

KG: Kontrol Genotipleri; TG: Test Genotipleri; öd: önemli değil, *: P <= 0.05, **: P <= 0.01, ***: P <= 0.001

Yapılan çalışmada çayır düğmesi genotiplerinin ilk yılda ana sap sayıları 3,50-13,00 adet/bitki arasında geniş bir varyasyon göstermiştir. 2022 yılında toplanan genotipler ve kontrol çeşitlerinin ortalaması 6,46 adet/bitki olarak kaydedilmiştir. En düşük ana sap sayısına 3,50 (adet/bitki) ile aynı değere sahip olan G14 ve G40 genotipleri sahip olurken bu genotipleri 4,0 adet/bitki ile aynı değere sahip olan G42, G55 ve G56 genotipleri takip etmiştir. Çalışmada en yüksek ana sap sayısına sahip genotip 13,00 adet/bitki ile G59 genotipi sahip olurken, bunu 12,00 adet/bitki ile kontrol çeşidi olan G61 izlemiştir. Sonuç olarak 2022 yılında 1 genotip (G59) G61 çeşidinden, 4 genotip (G4, G37, G44, G59) ise G62 çeşidinden daha yüksek ana sap sayısı değerine sahip olmuştur (Tablo 14).

Yapılan çalışmanın ikinci yılında çayır düğmesi bitkisinin ana sap sayıları 7,00 ile 16,00 adet/bitki arasında farklılık göstermiştir. Araştırmada 2023 yılında 2 kontrol çeşitinin de dahil olduğu 29 genotipin ana sap değeri ortalama 11,42 adet/bitki olarak kaydedilmiştir. Çalışmada G40 ve G45 popülasyonları 7,00 adet/bitki ile en düşük ana sap sayısı değerine sahip genotipler olarak kaydedilirken bu genotipleri 8,00 adet/bitki ile G37 ve G43 genotipleri takip etmiştir. Çalışmada en yüksek ana sap sayısı değerine 16,00 adet/bitki ile G4 ve G22 genotipleri sahip olurken bu genotipleri 15 bitki/adet ile kontrol çeşidimiz olan G61 genotipi izlemiştir. Ayrıca çalışmada araştırmanın ikinci yılındaki ana sap sayısının ilk yıla oranla yaklaşık iki kat daha fazla bir değere sahip olduğu kaydedilmiştir. (Tablo 14).

Tablo 14. Çayır Düğmesi Genotiplerine ait Ana Sap Sayısı Değerleri

Genotip/Numara	Ana sap Sayısı (adet/bitki)		
	2022	2023	Ortalama
1	4,25	11,00	7,62
4	11,75	16,00	13,88
5	5,00	13,00	9,00
6	5,75	13,00	9,38
7	4,25	14,00	9,13

Tablo 14. (devamı)

8	4,75	13,00	8,88
14	3,50	12,00	7,75
17	6,00	9,00	7,50
18	7,00	12,00	9,50
19	5,00	9,00	7,50
21	5,25	12,00	8,50
22	5,00	16,00	10,62
28	6,00	13,00	9,00
35	5,75	12,00	9,00
37	11,75	8,00	6,87
40	3,50	7,00	5,25
41	7,00	10,00	8,50
42	4,00	9,00	6,50
43	5,25	8,00	6,62
44	11,75	14,00	12,88
45	4,25	7,00	5,62
46	8,00	11,00	9,50
49	7,50	13,00	10,25
50	6,75	9,00	7,88
53	9,25	12,00	10,63
55	4,00	10,00	7,00
56	4,00	9,00	6,50
58	4,75	13,00	8,88
59	13,00	13,00	13,00
61	12,00	15,00	13,50
62	10,00	11,00	10,50
Ortalama	6,46	11,42	8,94
CV (%)	0,00	0,00	37,76
LSD (Kontrol)	0,00	0,00	5,09
LSD (Aynı Bloklardaki Genotip)	0,00	0,00	10,18
LSD (Farklı Bloklardaki Genotip)	0,00	0,00	12,47
LSD (Genotip ve Kontrol)	0,00	0,00	9,86

Yılların birleşik analizinin varyans analiz sonuçlarına göre ana sap sayısı açısından kontrol genotipleri ve tüm genotiplerinin karşılaştırması hariç diğer uygulamaların hepsi istatistiki anlamda önemli bir farklılık göstermemiş olsa da matematiksel olarak genotipler arasında önemli bir farklılığın olduğu kaydedilmiştir (Tablo 14). Yılların birleşik analizinde

ana sap sayısı değerleri 5,25 ile 13,88 adet/bitki arasında kaydedilirken, ortalama ana sap değeri 8,94 adet/bitki olarak belirlenmiştir. Çalışmada ana sap sayısı bakımından en düşük değere G40 (5,25 adet/bitki) genotipi sahip olurken bunu sırasıyla 5,62 adet/bitki ile G45 genotipi ve sonrasında aynı değere sahip olan G42 ve G56 (6,50 adet/bitki) genotipleri izlemiştir. Yapılan çalışmada G4 (13,88 adet/bitki) genotipi ana sap sayısı açısından en yüksek değere sahip olurken bunu sırasıyla kontrol çeşidi olan G61 (13,50 adet/bitki) ve G59 (13,00 adet/bitki) genotipi takip etmiştir. Çalışmada yıllar ortalaması sonuçlarına göre ana sap sayısı bakımından 1 genotipin (G4) kontrol çeşit olan G61 çeşidinden daha yüksek değere sahip olurken, 5 genotipin (G4, G22, G44, G53 ve G59) ise diğer bir kontrol çeşidimiz olan G62 çeşidinden daha yüksek değere sahip olduğu tespit edilmiştir (Tablo 14). Genel olarak kaba yem verimini önemli derecede etkileyen önemli bir unsur olan sap sayısının (Bıçakçı ve Balabanlı 2016) toplanan genotipler ve çeşitler arasında önemli bir varyasyon gösterdiği kaydedilmiş olup ortaya acıkan bu farklılıkta birçok çalışmada da (Tadesse ve Bekele 2003; Koç ve Akdeniz 2017; Erol, 2019; Kurt ve Başaran 2022) benzer olarak ifade edildiği gibi genetik ve çevresel faktörlerin önemli bir etkisinin olduğu düşünülmektedir. Ayrıca farklı çayır düğmesi genotipleri ile yapılan çalışmalarda (Acar vd 1999; Kendir 1999) belirlenen ana sap sayısının 15,73-22,90 ve 12-48 adet aralığında geniş bir varyasyon göstermesi çalışmamızda elde edilen bulgularla benzerlik göstermiştir.

Yaprak Boyu

Doğal floradan toplanan çayır düğmesi genotipleri ve kontrol çeşitlerinin yaprak boyuna ait varyans analizi sonuçları Tablo 15’de gösterilmiştir. İlgili tablo incelendiğinde yaprak boyunun bloklar arasında 2022 yılında istatistiki açıdan önemli bir farklılık gösterirken 2023 yılı ve yılların birleşik analizinde ise istatistiki manada önemli bir farklılık göstermediği kaydedilmiştir. Çalışmada geriye kalan tüm varyasyonlar istatistiki manada önemli farklılıklar göstermiştir. Ayrıca araştırmada yaprak boyuna ait tüm değerler Tablo 16’da sunulmuştur.

Tablo 15. Çayır Düğmesi Genotiplerinin Yaprak Boyuna ait Varyans Analiz Sonuçları

Varyasyon Kaynağı	SD	2022	2023	Ortalama
			F Değeri	
Blok	3	117,00**	0,00öd	0,01öd
Kontrol Genotipleri	1	185856,00***	1496,28***	41,39***
Test Genotipleri	28	155583,00***	1154,39***	32,56***
Tüm Genotipler	30	151501,00***	1149,54***	32,00***
TG ve KG Karşılaştırma	1	2851,00***	666,80***	6,69*

KG: Kontrol Genotipleri; TG: Test Genotipleri; öd: önemli değil, *: P <= 0.05, **: P <= 0.01, ***: P<=0.001

Tablo 16. Çayır Düğmesi Genotiplerine ait Yaprak Boyu Değerleri

Genotip/Numara	Yaprak Boyu (cm)		
	2022	2023	Ortalama
1	10,28	10,80	10,54
4	9,58	10,08	9,83
5	9,13	10,59	9,86
6	7,00	7,75	7,38
7	8,25	8,93	8,59
8	14,71	15,45	15,08
14	10,88	10,99	10,94
17	8,20	8,35	8,28
18	7,13	7,38	7,26
19	7,44	7,75	7,60
21	6,57	6,68	6,63
22	7,00	7,80	7,40
28	11,07	11,98	11,53
35	13,99	14,69	14,34
37	8,20	8,40	8,30
40	7,20	9,75	8,47
41	8,77	10,65	9,71
42	4,45	6,63	5,54
43	7,16	7,33	7,24
44	8,10	8,63	8,36
45	6,31	6,88	6,59
46	9,43	9,55	9,49
49	10,13	10,47	10,30
50	7,42	7,43	7,42
53	7,65	8,25	7,95
55	7,12	7,10	7,11
56	11,64	11,98	11,81
58	10,25	11,68	10,96
59	10,92	11,35	11,13
61	9,58	9,72	9,65
62	7,82	7,87	7,85
Ortalama	8,82	9,45	9,13
CV (%)	0,07	0,72	6,18
LSD (Kontrol)	0,01	0,15	0,80
LSD (Aynı Bloklardaki Genotip)	0,03	0,30	1,60
LSD (Farklı Bloklardaki Genotip)	0,03	0,37	1,96
LSD (Genotip ve Kontrol)	0,03	0,29	1,55

Çalışmanın ilk yılında yaprak boyu değerleri 4,45-14,71 cm arasında değişirken en kısa ile en uzun yaprak boyu arasında yaklaşık 3 kat bir farklılık oluşmuştur. Araştırmada G42 genotipi 4,45 cm ile en düşük yaprak boyuna sahip olan genotip olurken bu genotipi G45 (6,31) ve G21 (6,57 cm) genotipleri izlemiştir. Araştırmada en yüksek yaprak boyu değerleri G8 (14,71), G35 (13,99 cm) ve G56 (11,64 cm) genotiplerinde tespit edilmiştir. Çalışmada kontrol olarak kullandığımız G61 çeşidinin yaprak boyu 9,58 cm ile G4 genotipi ile aynı değere sahip olurken doğal floradan toplanan 9 genotipin G61 çeşidinden daha yüksek yaprak boyuna sahip olduğu kaydedilmiştir. Diğer bir kontrol çeşidimiz olan G62 ise 7,82 cm'lik bir yaprak boyuna sahip olup toplanan genotiplerden 17'sinin bu kontrol çeşidine oranla daha yüksek değere sahip olduğu belirlenmiştir (Tablo 16).

Çalışmada 2023 yılında ortalama yaprak boyu 9,45 cm olarak kaydedilmiştir. Tablo 16'nın incelenmesinden anlaşılacağı gibi yaprak boyu değerlerinin 2023 yılında 6,63 cm ile 15,45 cm arasında farklılık gösterdiği belirlenmiştir. Araştırmada yaprak boyunun İlk yıla oranla ikinci yılda ortalama %10 oranında artış gösterdiği tespit edilmiştir. En düşük yaprak boyuna sahip genotip 6,63 cm ile G42 genotipi olurken, en yüksek yaprak boyu değerine sahip genotip ise 15,45 cm ile G8 genotipi olmuştur (Tablo 16). Çalışmanın ikinci yılında kontrol olarak kullandığımız G61 ve G62 çeşitlerinde yaprak boyu değerleri sırası ile 9,72 cm ve 7,87 cm olarak kaydedilirken doğal floradan toplanan genotiplerin genel olarak kontrol çeşitlerine oranla daha yüksek yaprak boyuna sahip olduğu kaydedilmiştir (Tablo 16).

Yıllar ortalaması sonuçlarına bakıldığında yaprak boyu verilerinin 5,54 cm ile 15,08 cm arasında değiştiği ve en düşük yaprak boyuna 2022 ve 2023 yıllarında da en düşük yaprak boyuna sahip olan G42 (5,54 cm) genotipinin sahip olduğu tespit edilmiştir (Tablo 16). Çalışmada en yüksek yaprak boyu değeri ise 15,08 cm ile her iki yılda da olduğu gibi G8 genotipi sahip olmuştur. Çalışmada kontrol olarak kullanılan G61 çeşidi 9,65 cm'lik bir yaprak boyuna sahip olurken toplanan genotiplerden 12 tanesi bu çeşitten daha yüksek yaprak boyuna sahip olduğu belirlenmiştir. Araştırmada ikinci kontrol çeşidimiz olan G62 çeşidi ise 7,85 cm yaprak boyu değerine sahip olmuş ve toplanan genotiplerin 19 tanesi bu çeşitten daha yüksek yaprak boyuna sahip olduğu kaydedilmiştir (Tablo 16). Yem bitkilerinin yaprak uzunlukları çeşitler ve türler arasında yüksek değişkenlik göstermekte yapılan çalışmalarda yaprak uzunluğunun birkaç santimetreden bir metreye kadar değiştiği kaydedilmiştir (Wilkins 1991; Humphreys 2005). Nitekim yapılan çalışmada da toplanan genotipler ve kontrol çeşitleri arasında yaprak boyu bakımından önemli varyasyonlar kaydedilmesi bu durumu destekler niteliktedir. Yapraklar fotosentetik karbon fiksasyonu, solunum ve transpirasyon ile doğrudan ilgilidir ve iklimsel değişikliklere karşı en hassas kısımlardır (Carlson *et al.* 2016; Chen *et*

al.2012). Farklı iklim koşullarına göre değişiklik gösteren yaprak özellikleri, bitkinin çevresi altındaki işlevlerinde kilit rol oynar ve çevre koşullarına uymak için yapılan adaptif evrimsel değişiklikler hakkında bilgi vermesinin çeşitli araştırmacılar (Guo *et al.* 2017; Körner *et al.* 1986; Li and Bao, 2014; Tian *et al.* 2016; Wang *et al.* 2014, 2015). Tarafından da belirtilmesi çalışmamızda yaprak boyu açısından ortaya çıkan farklılığı açıklar niteliktedir.

Yaprakçık Boyu

Çayır düğmesi bitkisine ait doğal floradan toplanan genotiplerin ve kontrol olarak seçilen çeşitlerin varyans analiz sonuçları Tablo 17’de ve bitkiye ait değerler ise Tablo 18’de gösterilmiştir. Varyans analizi tablosuna bakıldığında yaprakçık boyu tg ve kg karşılaştırmaları, bloklar ve kontrol genotipleri arasında araştırmanın her iki yılında istatistiki anlamda önemli olurken yılların birleşik analizde ise istatistiki anlamda önemsiz olduğu belirlenmiştir. Çalışmada diğer varyasyonlar arasında ise yaprakçık boyu hem çalışmanın her iki yılında hem de yılların birleşik analizde istatistiki manada önemlilik sergilemiştir. (Tablo17).

Tablo 17. Çayır Düğmesi Genotiplerinin Yaprakçık Boyuna ait Varyans Analiz Sonuçları

Varyasyon Kaynağı	SD	2022	2023	Ortalama
		F Değeri		
Blok	3	37,00**	19,98*	0,13öd
Kontrol Genotipleri	1	864,00***	242,09***	3,04öd
Test Genotipleri	28	1863,10***	245,37***	3,66***
Tüm Genotipler	30	1775,3***	248,35***	3,54***
TG ve KG Karşılaştırma	1	228,2***	338,08***	0,72öd

KG: Kontrol Genotipleri; TG: Test Genotipleri; öd: önemli değil, *: P <= 0.05, **: P <= 0.01, ***: P<=0.001

Araştırmanın ilk yılında yaprakçık boyu değerleri 0,93-1,90 mm arasında değişirken en kısa yaprakçık boyuna sahip genotip ile en uzun genotip arasında yaklaşık 2 kattan daha fazla farklılık olduğu belirlenmiştir. Çalışmada ortalama 1,32 mm olan yaprakçık boyu en yüksek G4 (1,90 mm) genotipinde kaydedilmiştir. Araştırmada kontrol çeşidimiz olan G61 çeşidinden 9 genotip daha yüksek yaprakçık boyuna sahip olurken diğer bir kontrol çeşidimiz olan G62 çeşidinden ise 14 genotipin daha yüksek bir yaprakçık boyuna sahip olduğu kaydedilmiştir (Tablo 18).

Araştırmanın yapıldığı 2023 yılında ortalama 1,51 mm olarak kaydedilen yaprakçık boyunun 0,97 mm ile 1,96 mm arasında bir farklılık gösterdiği belirlenmiştir. En düşük yaprak boyuna sahip genotip 2022 yılında da en düşük yaprakçık boyuna sahip genotiplerden biri olan G19 genotipi olurken en yüksek yaprakçık boyuna sahip genotip ise 1,96 mm ile G58 genotipi

sahip olmuştur. Kontrol olarak kullandığımız G61 ve G62 çeşitleri ise sırası ile 1,48 mm ve 1,31 mm yaprakçık boyuna sahip olmuştur (Tablo 18).

Tablo 18. Çayır Düğmesi Genotiplerine ait Yaprakçık Boyun Değerleri

Genotip/Numara	Yaprakçık Boyu (mm)		
	2022	2023	Ortalama
1	1,05	1,45	1,25
4	1,90	1,92	1,91
5	1,13	1,50	1,31
6	1,40	1,40	1,40
7	0,93	1,35	1,14
8	1,11	1,13	1,12
14	1,25	1,38	1,31
17	1,63	1,64	1,63
18	1,26	1,59	1,42
19	0,93	0,97	0,95
21	1,51	1,54	1,52
22	1,38	1,52	1,45
28	1,04	1,02	1,03
35	1,13	1,59	1,36
37	1,49	1,49	1,49
40	1,67	1,84	1,75
41	1,39	1,46	1,42
42	1,06	1,06	1,06
43	1,21	1,29	1,25
44	1,52	1,66	1,59
45	1,28	1,36	1,32
46	1,23	1,54	1,39
49	1,01	1,81	1,41
50	1,33	1,44	1,39
53	1,58	1,69	1,64
55	1,56	1,81	1,69
56	1,06	1,69	1,38
58	1,36	1,96	1,66
59	1,68	1,86	1,77
61	1,41	1,48	1,45
62	1,29	1,31	1,30
Ortalama	1,32	1,51	1,41
CV (%)	0,44	1,05	11,94
LSD (Kontrol)	0,01	0,04	0,24
LSD (Aynı Bloklardaki Genotip)	0,03	0,07	0,48
LSD (Farklı Bloklardaki Genotip)	0,03	0,09	0,59
LSD (Genotip ve Kontrol)	0,03	0,07	0,46

Yıllar ortalaması sonuçları incelendiğinde yaprakçık boyu verileri 0,95 mm ile 1,91 mm arasında değişmiş olup en düşük yaprakçık boyuna her iki yılda da aynı özelliği gösteren G19 (0,95 mm) genotipi sahip olmuştur. Araştırmada en yüksek yaprakçık boyuna değerine 1,91 mm ile ilk yılda da olduğu gibi G4 genotipi sahip olmuştur. Çalışmada toplanan genotiplerden 10 tanesi kontrol çeşidi olarak kullanılan G61 çeşidinden daha yüksek bir yaprakçık boyuna sahip olurken 22 genotip ise G62 çeşidinden daha yüksek bir yaprakçık boyuna sahip olduğu belirlenmiştir. (Tablo 18). Çalışmada genotipler ve kontrol çeşitleri arasında ortaya çıkan bu durum tohumların toplandığı yerlerdeki rakım farklılıklarının yanı sıra deneme yıllarındaki sıcaklık farklılığından kaynaklanmış olabilir. Nitekim yapılan birçok çalışmada yaprağın ekolojik özelliklerden önemli derecede etkilendiğinin ifade edilmesi (Gobilik *et al.* 2013; Tan *et al.* 2013; Jena and Mohanty 2020) elde ettiğimiz sonuçlarla paralellik göstermiştir.

Yaprakçık eni

Çalışmada kullanılan genotip ve kontrol çeşitlerinin yaprakçık eni ile ilgili varyans analiz sonuçları Tablo 19’da verilirken bu parametreye ait değerler ise Tablo 20’de gösterilmiştir. Araştırmada Tablo 19 incelendiğinde yaprakçık eni bakımından blokların her iki yılda ve yılların birleşik analizinde ve test genotipleri ve kontrol genotiplerinin karşılaştırıldığı 2023 yılında istatistiki manada önemli bir farklılığın olmadığı kaydedilirken karşılaştırılan diğer varyasyonların istatistiki anlamda önemli olduğu kaydedilmiştir.

Tablo 19. Çayır Düğmesi Genotiplerinin Yaprakçık Enine ait Varyans Analiz Sonuçları

Varyasyon Kaynağı	2022		2023	Ortalama
	SD	F Değeri	F Değeri	
Blok	3	1,80öd	0,03öd	0,10öd
Kontrol Genotipleri	1	1215,00***	55,54**	110,80***
Test Genotipleri	28	1082,20***	72,41**	118,18***
Tüm Genotipler	30	1052,82***	69,70**	114,33***
TG ve KG Karşılaştırma	1	68,11**	8,05öd	10,15**

KG: Kontrol Genotipleri; TG: Test Genotipleri; öd: önemli değil, *: P <= 0.05, **: P <= 0.01, ***: P<=0.001

Araştırmanın ilk yılı olan 2022 yılında yaprakçık eni değerleri 0,24-1,65 mm gibi çok geniş bir aralıkta dağılım göstererek en kısa genotip (G14) ile en uzun genotip (G4) arasında yaklaşık 7 kat fark olduğu kaydedilmiştir. Kontrol çeşidimiz olan G61 çeşidinin yaprakçık eni 0,49 mm ile G49 genotipi ile aynı değere sahip olurken 16 genotipden bu çeşitten daha yüksek bir değere sahip olduğu belirlenmiştir. Diğer kontrol çeşidimiz olan G62 çeşidinin ise yaprakçık eni değeri 0,71 cm olup 7 genotipin bu değerden daha yüksek değerlere sahip olduğu kaydedilmiştir (Tablo 20).

Çalışmanın 2023 yılında ortalama yaprakçık eni 0,67 mm olarak tespit edilmiş olup yaprakçık eni değerlerinin 0,30 mm ile 1,71 mm arasında farklılık gösterdiği belirlenmiştir. Araştırmada en düşük yaprakçık boyuna sahip genotip 0,30 mm ile ilk yılda olduğu gibi G14 genotipi olmuş ve bu genotipi G55 (0,39 mm) ve G7 (0,43 mm) genotipleri takip etmiştir. Çalışmada en yüksek yaprakçık eni değerine sahip genotip ise yine ilk yılda olduğu gibi G4 (1,71 mm) genotipi olmuştur (Tablo 20). Kontrol çeşitlerimiz olan G61 ve G62 çeşitleri çalışmada sırası ile 0,54 mm ve 0,73 mm'lik yaprakçık eni değerlerine sahip olmuştur.

Tablo 20. Çayır Düğmesi Genotiplerine ait Yaprakçık Eni Değerleri

Genotip/Numara	Yaprakçık Eni (mm)		
	2022	2023	Ortalama
1	0,95	0,95	0,95
4	1,65	1,71	1,68
5	1,23	1,33	1,28
6	0,43	0,45	0,44
7	0,43	0,43	0,43
8	0,48	0,50	0,49
14	0,24	0,30	0,27
17	0,44	0,54	0,49
18	1,09	1,19	1,14
19	0,51	0,51	0,51
21	0,99	1,03	1,01
22	0,83	0,86	0,84
28	0,44	0,46	0,45
35	0,64	0,63	0,64
37	0,65	0,70	0,67
40	0,45	0,50	0,47
41	0,63	0,70	0,66
42	0,50	0,60	0,55
43	0,55	0,63	0,59
44	0,45	0,55	0,50
45	0,55	0,65	0,60
46	0,74	0,74	0,74
49	0,49	0,54	0,52
50	0,44	0,49	0,47
53	0,47	0,47	0,47
55	0,34	0,39	0,37
56	0,42	0,47	0,45

Tablo 20. (devamı)

58	0,64	0,69	0,67
59	0,52	0,57	0,55
61	0,49	0,54	0,51
62	0,71	0,73	0,72
Ortalama	0,63	0,67	0,65
CV (%)	1,47	5,41	6,12
LSD (Kontrol)	0,02	0,08	0,06
LSD (Aynı Bloklardaki Genotip)	0,04	0,16	0,11
LSD (Farklı Bloklardaki Genotip)	0,05	0,20	0,14
LSD (Genotip ve Kontrol)	0,04	0,16	0,11

Yıllar ortalaması sonuçları incelendiğinde çalışmanın her iki yılında da olduğu gibi hem en düşük yaprak enine (G14) hem de en yüksek yaprakçık enine (G4) sahip genotiplerin değişmediği kaydedilmiştir. Çalışmada kontrol çeşidi olarak kullanılan G61 çeşidi 0,51 mm değer ile doğal floradan toplanan genotiplerden 16 tanesinden daha düşük yaprakçık enine sahip olurken G19 genotipi ile de aynı değere sahip olmuştur. Ayrıca diğer kontrol çeşidimiz olan G62 toplanan genotiplerden 7 tanesinden daha düşük değere sahip olduğu kaydedilmiştir (Tablo 20). Yem bitkilerinde önemli kalite unsurlarından biri olan yaprakçık eninin yapılan çalışma sonucunda gerek toplanan genotipler gerekse kontrol çeşitleri arasında önemli farklılıklar göstermiş olup ortaya çıkan bu farklılığın oluşmasında Tenikecier ve Ates (2020) ifade ettiği gibi genetik ve ekolojik faktörlerin önemli etkisi olabilir. Nitekim Okcu ve Şengül (2014) benzer ölçüm metodlarının kullanıldığı önemli bir yem bitkisi olan korunga genotipleri ile yaptıkları çalışmada ölçüm parametrelinden biri olan yaprakçık eninin korunga genotipleri arasında önemli oranda değişim göstermesinde ekolojik unsurların önemli bir faktör olarak göstermesi yine çalışmamızı destekler nitelikte olduğu düşünülmektedir.

Yaprak Sayısı

Çayır düğmesi genotipleri ve kontrol çeşitlerini ele alındığımız araştırmamızda yaprak sayısına ait varyans analiz sonuçları Tablo 21’de verilmiştir. Çalışmada yaprak sayısına ait değerler ise Tablo 22’de verilmiştir. Araştırmada Tablo 21’in incelenmesinden anlaşılacağı üzere yaprak sayısı bakımından bloklar arasında her iki yılda ve yılların birleşik analizinde istatistiki manada önemli bir farklılık olmadığı tespit edilmiştir. Kontrol genotipleri, test genotipleri ve tüm genotipleri yaprak sayısı bakımından araştırmanın her iki yılında istatistiki manada önemli bir farklılık gösterirken yılların birleşik analizinde ise istatistiki anlamda önemli bir farklılık göstermediği kaydedilmiştir. Test genotipleri ile kontrol genotiplerini

karşılaştırdığımızda yaprak sayısı açısından araştırmanın her iki yılında ve yılların birleşik analizinde istatistiki olarak önemli farklılıklar kaydedilmiştir (Tablo 21).

Tablo 21. Çayır Düğmesi Genotiplerinin Yaprak Sayısı ait Varyans Analiz Sonuçları

Varyasyon Kaynağı	2022		2023		Ortalama
	SD	F Değeri	F Değeri	F Değeri	
Blok	3	2,59öd	2,21öd	0,00öd	
Kontrol Genotipleri	1	4,91e+29***	1,58e+30***	1,53öd	
Test Genotipleri	28	6,89e+29***	7,39e+29***	0,75öd	
Tüm Genotipler	30	9,39e+29***	7,80e+29***	0,90öd	
TG ve KG Karşılaştırma	1	8,39e+30***	1,13e+30***	4,48*	

KG: Kontrol Genotipleri; TG: Test Genotipleri; öd: önemli değil, *: P <= 0.05, **: P <= 0.01, ***: P<=0.001

Çalışmanın ilk yılında bitkilerdeki yaprak sayıları 4,00-11,25 adet arasında değişiklik gösterdiği belirlenmiştir. Ortalama 6,80 olan yaprak sayısı değeri en düşük G45 (4,00) genotipinde belirlenirken ve bunu sırasıyla aynı değere sahip olan (4,25 adet) G42 ve G14 genotipleri izlemiştir. En yüksek yaprak sayısı ise G49 (11,25 adet) genotipinde belirlenmiştir. Araştırmanın ilk yılında G62 kontrol çeşidi 9,67 adet ile yaprak sayısı ile en yüksek üçüncü değere sahip olmuştur. Çalışmada G61 kontrol çeşidi ise (8,60) ile 5 genotipden daha düşük değere sahip olduğu belirlenmiştir (Tablo 22).

Tablo 22. Çayır düğmesi Genotiplerine ait Yaprak Sayısı Değerleri

Genotip/Numara	Yaprak Sayısı (adet)		
	2022	2023	Ortalama
1	6,00	18,00	12,00
4	9,25	19,00	14,12
5	7,50	13,00	10,25
6	6,50	11,00	8,75
7	5,75	10,00	7,88
8	7,75	14,00	10,88
14	4,25	11,00	7,63
17	5,75	11,00	8,38
18	5,00	7,00	6,00
19	6,00	9,00	7,50
21	7,00	9,00	8,00
22	7,75	10,00	8,88
28	5,00	10,00	7,50
35	10,00	13,00	11,50
37	7,00	10,00	8,50

Tablo 22. (devamı)

40	5,00	11,00	8,00
41	7,25	11,00	9,13
42	4,25	8,00	6,13
43	5,00	8,00	6,50
44	5,50	8,00	6,75
45	4,00	10,00	7,00
46	7,00	9,00	8,00
49	11,25	14,00	12,63
50	6,00	8,00	7,00
53	7,25	8,00	7,63
55	8,75	12,00	10,38
56	5,50	14,00	9,75
58	9,25	11,00	10,13
59	6,00	14,00	10,00
61	8,60	11,00	9,80
62	9,67	14,00	11,84
Ortalama	6,80	11,16	8,98
CV (%)	0,00	0,00	35,43
LSD (Kontrol)	0,00	0,00	4,70
LSD (Aynı Bloklardaki Genotip)	0,00	0,00	9,39
LSD (Farklı Bloklardaki Genotip)	0,00	0,00	11,51
LSD (Genotip ve Kontrol)	0,00	0,00	9,10

Çalışmada toplanan genotiplerin ve kontrol çeşitlerinin yaprak sayısı değerleri 2023 yılında 7,00-19,00 adet arasında farklılık gösterdiği ve ortalama yaprak sayısının 11,16 adet olduğu tespit edilmiştir. En düşük yaprak sayısı G18 (7,00 adet) genotipinde belirlenirken en yüksek yaprak sayısı ise G4 (19,00 adet) ile genotipinde kaydedilmiştir. Araştırmada G61 ve G62 kontrol çeşitleri sırası ile 11,00 adet ve 14,00 adet yaprak sayısına sahip oldukları belirlenmiştir (Tablo 22).

Yılların birleşik analizine bakıldığında yaprak sayısı değerleri 6,00-14,12 adet arasında değişirken ortalama yaprak sayısı 8,98 adet olarak tespit edilmiştir. En düşük yaprak sayısı 2023 yılında da olduğu gibi G18 genotipinde tespit edilirken bunu sırasıyla 6,13 adet ile G42 ve 6,50 adet ile G43 takip etmektedir. En yüksek yaprak sayısı yine ikinci yılda olduğu gibi G4 (14,12) genotipinde görülürken bunu sırası ile G49 (12,63 adet) ve G1 (12,00 adet) genotipleri takip etmiştir. Çalışmada G1, G4 ve G49 genotiplerinin kontrol olarak kullandığımız hem G61 hem de G62 çeşitlerinden daha yüksek yaprak sayısına sahip olduğu tespit edilmiştir (Tablo 22).

Yem bitkilerinin verim ve kalite bakımından değerlendirilmesinde önemli kriterlerden biri olan yaprak sayısı (Acar ve Ayan 2012) gerek toplanan genotipler arasında gerekse kontrol çeşitleri arasında önemli farklılıklar göstermiştir. Çalışmada orta çıkan bu durum ekolojik unsurların yanı sıra bitkilerin genetik yapısından kaynaklanmış olabilir. Nitekim farklı yem bitkilerinde çalışan birçok araştırmacının (Ates 2015; Kaymak ve Acar 2020) bitkilerde yaprak sayısının genetik ve ekolojik faktörlerinden oldukça fazla derece etkilendiğini ifade etmeleri sonuçlarımızı destekler niteliktedir. Ayrıca çayır düğmesinin Ankara ekotipi ve Bünyan 80 çeşidi ile yapılan çalışmada yaprak sayısının sırası ile 9-24 adet ve 14-21 adet arasında değiştiğinin tespit edilmesi (Kendir 1999) çalışmamızdan elde edilen bulgularla benzerlik göstermiştir.

Yapraktaki Yaprakçık Sayısı

Araştırmamızda ele aldığımız çayır düğmesi bitkisinin yapraktaki yaprakçık sayısına ait varyans analiz sonuçları Tablo 23'te ve bu değerlere ait veriler ise Tablo 24'te sunulmuştur.

Tablo 23. Çayır Düğmesi Genotiplerinin Yapraktaki Yaprakçık Sayısına ait Varyans Analiz Sonuçları

Varyasyon Kaynağı	SD	2022	2023	Ortalama
		F Değeri		
Blok	3	1,87öd	1,14öd	0,00öd
Kontrol Genotipleri	1	7,26e+28***	2,50e+29***	1,40öd
Test Genotipleri	28	1,43e+29***	4,62e+29***	2,46**
Tüm Genotipler	30	1,87e+29***	6,72e+29***	3,48***
TG ve KG Karşılaştırma	1	1,53e+30***	6,99e+30***	34,01***

KG: Kontrol Genotipleri; TG: Test Genotipleri; öd: önemli değil, *: P <= 0.05, **: P <= 0.01, ***: P<=0.001

Varyans analiz tablosunu incelediğimizde yapraktaki yaprakçık sayısı bakımından blokların her iki yılda ve yılların birleşik analizinde istatistiki anlamda önemli bir farklılık olmadığı kaydedilmiştir. Ayrıca bunun yanı sıra yapraktaki yaprakçık sayısı bakımından kontrol genotipleri de yıllar ortalaması sonuçlarına göre istatistiki manada önemli bir farklılık göstermediği belirlenmiştir. Çalışmada diğer varyasyonlar ise yapraktaki yaprakçık sayısı bakımından hem çalışmanın gerçekleştiği 2022 ve 2023 yıllarında hem de yılların birleşik analizinde istatistiki anlamda önemli farklılıklar gösterdiği kaydedilmiştir (Tablo 23).

Tablo 24. Çayır Düğmesi Genotiplerine ait Yapraktaki Yaprakçık Sayısı Değerleri

Genotip/Numara	Yapraktaki Yaprakçık Sayısı (adet/yaprak)		
	2022	2023	Ortalama
1	14,25	16,00	15,13
4	15,00	17,00	16,00
5	12,25	14,00	13,13
6	13,50	16,00	14,75
7	15,25	16,00	15,62
8	13,00	15,00	14,00
14	10,25	15,00	12,62
17	11,00	16,00	13,50
18	10,00	13,00	11,50
19	16,00	17,00	16,50
21	15,50	18,00	16,75
22	9,00	12,00	10,50
28	11,00	13,00	12,00
35	15,00	19,00	17,00
37	12,00	13,00	12,50
40	10,75	13,00	11,88
41	13,00	15,00	14,00
42	10,00	12,00	11,00
43	11,00	13,00	12,00
44	11,00	14,00	12,50
45	11,25	14,00	12,62
46	11,00	12,00	11,50
49	13,00	15,00	14,00
50	11,00	14,00	12,50
53	12,75	15,00	13,88
55	9,00	13,00	11,00
56	11,00	12,00	11,50
58	13,00	16,00	14,50
59	10,00	12,00	11,00
61	10,00	12,00	11,00
62	9,00	11,00	10,00
Ortalama	11,93	14,29	13,11
CV (%)	0,00	0,00	13,35
LSD (Kontrol)	0,00	0,00	2,42
LSD (Aynı Bloklardaki Genotip)	0,00	0,00	4,84
LSD (Farklı Bloklardaki Genotip)	0,00	0,00	5,93
LSD (Genotip ve Kontrol)	0,00	0,00	4,69

Araştırmanın yürütüldüğü ilk yıl olan 2022 yılındaki yapraktaki yaprakçık sayısı 9,00-16,00 adet/yaprak arasında değişirken ortalama yapraktaki yaprakçık sayısı 11,93 adet/yaprak olarak kaydedilmiştir (Tablo 24). Yapraktaki yaprakçık sayısı bakımından en az değere 9,00 adet/yaprak ile G22 ve G55 genotipleri sahip olurken aynı değer kontrol çeşidimiz olan Altınova çeşidinin de belirlenmiştir. Çalışmada en yüksek yapraktaki yaprakçık sayısı G19 (16,00 adet) genotipinde belirlenirken bunu sırası ile G21 (15,50 adet/yaprak) ve G7 (15,25 adet/yaprak) genotipleri takip etmiştir (Tablo 24).

Araştırmada yapraktaki yaprakçık sayısı değerinin 2023 yılında 11,00-19,00 adet/yaprak arasında farklılık gösterdiği ve ortalama yapraktaki yaprakçık sayısının 14,29 adet/yaprak olduğu tespit edilmiştir (Tablo 24). En düşük yapraktaki yaprakçık sayısı 11,00 adet/yaprak ile kontrol çeşidi olan G62 çeşidinde görülürken en yüksek yapraktaki yaprakçık sayısı 19 adet/yaprak ile G35 genotipinde kaydedilmiştir (Tablo 24).

Yılların birleşik analizine bakıldığında yapraktaki yaprakçık sayısı ortalama 13,11 adet/yaprak olarak kaydedilirken en düşük yapraktaki yaprakçık sayısı ile en yüksek yaprakçık sayısı arasındaki farklılık 7 adet olarak tespit edilmiştir (Tablo 24). Araştırmada yıllar ortalaması sonuçlarına göre 10,00-17,00 adet arasında değişen ortalama yapraktaki yaprakçık sayısı Ankara ekotipi (9-24 adet/yaprak) ve Bünyan 80 (14-21 adet/yaprak) çeşidinin kullanıldığı çalışmanın sonuçları (Kendir 1999) ile benzerlik göstermiştir (Tablo 24).

Yeşil Bitki Ağırlığı

Çayır düğmesi bitkisinin doğal floradan toplanan genotipleri ve kontrol çeşitleri ile yürütülen araştırmada yeşil bitki ağırlığına ait varyans analiz sonuçları Tablo 25'te sunulurken yeşil bitki ağırlığına ait değerler ise Tablo 26'da verilmiştir. Araştırmada varyans analiz tablosuna göre yeşil ot ağırlığı açısından blokların çalışmanın her iki yılında ve yılların birleşik analizinde istatistiki açıdan önemli bir farklılık göstermediği kaydedilmiştir. Çalışmada kontrol genotipleri, test genotipleri, tüm genotipler ve test genotipleri ile kontrol genotiplerin karşılaştırılmasında yeşil bitki ağırlığı bakımında araştırmanın her iki yılında istatistiki açıdan önemli farklılıklar tespit edilirken söz konusu uygulamaların yılların birleşik analizinde ise istatistiki anlamda önemli bir farklılık göstermediği kaydedilmiştir (Tablo 25).

Tablo 25. Çayır Düğmesi Genotiplerinin Yeşil Bitki Ağırlığına ait Varyans Analiz Sonuçları

Varyasyon Kaynağı	2022		2023	Ortalama
	SD		F Değeri	
Blok	3	4,92öd	1,53öd	0,00öd
Kontrol Genotipleri	1	103,69**	188,11***	0,01öd
Test Genotipleri	28	453,27***	2584,16***	0,72öd
Tüm Genotipler	30	428,29***	3118,27***	0,80öd
TG ve KG Karşılaştırma	1	53,23**	21003,57***	3,85öd

KG: Kontrol Genotipleri; TG: Test Genotipleri; öd: önemli değil, *: P <= 0.05, **: P <= 0.01, ***: P<=0.001

İncelenen çayır düğmesi bitkisinde yeşil bitki ağırlığı 2022 yılında ortalama 167,26 g/bitki olurken en düşük yeşil bitki ağırlığı ile en yüksek yeşil bitki ağırlığı arasında yaklaşık 6 katlık bir farklılık olduğu kaydedilmiştir. En yüksek bitki başına yeşil bitki ağırlığı G49 (341,24 g/bitki) genotipinde tespit edilirken en düşük bitki başına yeşil bitki ağırlığı ise G42 (54,96 g/bitki) genotipinde kaydedilmiştir. Araştırmada kontrol olarak kullanılan G61 çeşidinin bitki başına yeşil bitki ağırlığı 187,90 g/bitki olarak tespit edilirken diğer bir kontrol çeşidimiz olan G62 çeşidinin ise yeşil bitki ağırlığı 164,21 g/bitki olarak belirlenmiştir (Tablo 26).

Tablo 26. Çayır Düğmesi Genotiplerine ait Yeşil Bitki Ağırlığı Değerleri

Genotip/Numara	Yeşil Bitki Ağırlığı (g/bitki)		
	2022	2023	Ortalama
1	208,70	830,90	519,80
4	149,78	780,75	465,27
5	110,50	246,03	178,27
6	291,43	320,05	305,74
7	113,90	423,05	268,48
8	230,85	739,87	485,36
14	182,38	308,30	245,34
17	100,28	287,38	193,83
18	122,13	166,09	144,11
19	224,91	279,80	252,35
21	244,11	823,67	533,89
22	156,48	492,06	324,27
28	134,26	253,77	194,01
35	275,78	677,32	476,55
37	190,26	413,33	301,79
40	86,48	416,83	251,66
41	124,89	511,25	318,07
42	54,96	198,53	126,74

Tablo 26. (devamı)

43	62,99	246,68	154,83
44	158,54	687,18	422,86
45	106,14	407,10	256,62
46	93,39	304,51	198,95
49	341,24	498,66	419,95
50	189,47	276,03	232,75
53	188,05	202,25	195,15
55	137,90	360,28	249,09
56	138,15	495,68	316,91
58	278,16	636,08	457,12
59	136,92	748,13	442,52
61	187,90	193,47	190,68
62	164,21	233,02	198,62
Ortalama	167,26	434,13	300,70
CV (%)	1,95	1,02	72,13
LSD (Kontrol)	7,40	9,18	292,13
LSD (Aynı Bloklardaki Genotip)	14,81	18,36	584,25
LSD (Farklı Bloklardaki Genotip)	18,14	22,48	715,56
LSD (Genotip ve Kontrol)	14,34	17,78	565,70

Çalışmada çayır düğmesi genotiplerine ait yeşil bitki ağırlığı 2023 yılında 166,09 g/bitki ile 830,90 g/bitki arasında değişirken ortalama bitki ağırlığı 434,13 g/bitki ile tesis yılı olan 2022 yılına oranla yaklaşık 2,5 katlık artış gösterdiği tespit edilmiştir (Tablo 26). Araştırmada bitki başına en yüksek yeşil bitki ağırlığı G1 (830,90 g/bitki) genotipinde saptanırken bunu sırasıyla G21 (823,67 g/bitki) ve G4 (780,75 g/bitki) genotipi izlemiştir. En düşük yeşil bitki ağırlığı ise G18 (166,09 g/bitki) genotipinde kaydedilirken bunu sırasıyla kontrol çeşidi olan G61 (193,47 g/bitki) çeşidi ve G42 (198,53 g/bitki) genotipleri takip etmiştir (Tablo 26).

Yıllar ortalaması sonuçlarına göre ortalama yeşil bitki ağırlığı 300,70 g/bitki olarak belirlenirken tespit edilen yeşil bitki ağırlığı 126,74 g/bitki ile 533,89 g/bitki arasında değişiklik göstermiştir. En yüksek bitki başına yeşil bitki ağırlığı 533,89 g/bitki ile G21 genotipinde tespit edilirken bu genotipi 519,80 g/bitki ile G1 ve 485,36 g/bitki ile G8 genotipleri izlemiştir. Yapılan çalışmada en düşük yeşil bitki ağırlığı değeri 126,74 g/bitki ile G42 genotipinde belirlenirken bu genotipi 144,11 g/bitki ile G18 ve 154,83 g/bitki ile G43 genotipleri takip etmiştir (Tablo 26). Hayvanların beslenmesi açısından önemli bir kaynak olan kaba yemlerin gerek ekolojik şartlar gerekse agronomik özellikler açısından farklılık göstermesi (Buxton, 1996; Kamalak, 2005) ve özellikle de yabancı genotipler arasında kalıtsal özelliklerin bu

durumdan fazla etkilenmesi (Geber and Dawson 1997; Maherali *et al.* 2008) doğal floradan topladığımız çayır düğmesi genotipleri arasında yeşil ot ağırlığı açısından ortaya çıkan bu farklılıkları açıklar niteliktedir. Nitekim farklı ekolojik koşullarda çayır düğmesi ile yapılan çalışmalarda Samsun’da ortalama yeşil ot verimi 1970,4 kg/da (Acar vd 1999) iken Kayseri’de farklı genotiplerden elde edilen yeşil ot veriminin 403,68 kg/da ile 1961,92 kg/da (Doran 2020) arasında değişiklik gösterdiği belirlenmiştir

Kuru Bitki Ağırlığı

Doğal floradan toplanan çayır düğmesi genotipleri ve kontrol için kullanılan Bünyan 80 (G61) ve Altınova (G62) çeşitlerinin kuru bitki ağırlıklarına ait varyans analiz sonuçları Tablo 27’de verilmiştir.

Tablo 27. Çayır Düğmesi Genotiplerinin Kuru Bitki Ağırlığına ait Varyans Analiz Sonuçları

Varyasyon Kaynağı	SD	2022	2023	Ortalama
		F Değeri		
Blok	3	4,53öd	1,63öd	0,00öd
Kontrol Genotipleri	1	11,29*	1214,79***	0,24öd
Test Genotipleri	28	297,05***	1567,58***	0,54öd
Tüm Genotipler	30	290,27***	1971,95***	0,59öd
TG ve KG Karşılaştırma	1	379,42***	14051,56***	2,40öd

KG: Kontrol Genotipleri; TG: Test Genotipleri; öd: önemli değil, *: P <= 0.05, **: P <= 0.01, ***: P<=0.001

Varyans analiz tablosunun incelenmesinden anlaşılacağı üzere kuru ot ağırlığı açısından bloklar arasında hem çalışmanın her iki yılında hem de yılların birleşik analizinde istatistiki manada önemli bir farklılık olmadığı kaydedilmiştir. Araştırmada diğer varyasyonlar ise yılların birleşik analizi hariç kuru ot ağırlığı açısından istatistiki manada önemli farklılıklar sergilediği belirlenmiştir (Tablo 27). Ayrıca yürütülen denemede kuru ot ağırlığına ait değerler Tablo 28’de gösterilmiştir.

Tablo 28. Çayır Düğmesi Genotiplerine ait Kuru Bitki Ağırlığı Değerleri

Genotip/Numara	Kuru Bitki Ağırlığı (g/bitki)		
	2022	2023	Ortalama
1	62,08	206,43	134,25
4	43,40	154,93	99,16
5	33,00	58,00	45,50
6	69,98	73,73	71,85
7	33,53	95,23	64,38
8	70,73	168,17	119,45

Tablo 28. (devamı)

14	28,15	103,23	65,69
17	30,60	104,80	67,70
18	34,97	66,46	50,71
19	68,72	113,71	91,21
21	60,62	80,20	70,41
22	57,75	152,43	105,09
28	41,55	150,57	96,06
35	74,67	182,38	128,52
37	47,38	111,89	79,63
40	29,72	107,12	68,42
41	33,58	144,74	89,16
42	14,55	51,64	33,09
43	20,20	85,32	52,76
44	44,40	207,29	125,84
45	31,30	142,04	86,67
46	25,51	90,59	58,05
49	93,63	166,99	130,31
50	53,61	124,48	89,05
53	53,33	101,56	77,45
55	38,71	117,06	77,89
56	36,86	163,49	100,18
58	76,56	196,59	136,58
59	36,36	244,06	141,71
61	56,16	56,17	56,16
62	53,58	86,59	70,09
Ortalama	47,04	126,06	86,55
CV (%)	2,25	1,05	69,03
LSD (Kontrol)	2,44	2,78	81,60
LSD (Aynı Bloklardaki Genotip)	4,88	5,56	163,21
LSD (Farklı Bloklardaki Genotip)	5,97	6,80	199,89
LSD (Genotip ve Kontrol)	4,72	5,38	158,02

Çalışmada ele alınan çayır düğmesi genotipleri ve çeşitlerin bitki başına düşen kuru bitki ağırlığı 2022 yılında 14,55 g/bitki ile 93,63 g/bitki arasında değişiklik göstermiştir (Tablo 28). Bitki başına en yüksek kuru bitki ağırlığı G49 (93,63 g/bitki) genotipinde görülürken bu genotipi G58 (76,56 g/bitki) ve G35 (74,67 g/bitki) genotipleri izlemiştir (Tablo 28). En düşük bitki başına kuru ağırlığa G42 (14,55 g/bitki), G43 (20,20 g/bitki) ve G46 (25,51 g/bitki) genotipleri sahip olmuştur. Araştırmada kontrol çeşidi olarak kullanılan G61 çeşidinin kuru bitki ağırlığı 56,16 g/bitki olurken diğer kontrol çeşidi olan G62 çeşidinin kuru bitki ağırlık değeri 53,58 g/bitki olmuştur (Tablo 28).

Araştırmada 2023 yılında bitki başına kuru bitki ağırlığı ortalama 126,06 g/bitki olarak kaydedilirken 51,64 g/bitki ile 244,06 g/bitki arasında değişiklik gösterdiği belirlenmiştir (Tablo 28). Çalışmada en yüksek kuru bitki ağırlığına sahip genotipler sırasıyla G59 (244,06 g/bitki), G44 (207,29 g/bitki) ve G1 (206,43 g/bitki) olmuştur. Denemede en düşük kuru bitki ağırlığına sahip genotip 2022 yılında da ilk sırada yer alan G42 (51,64 g/bitki) genotipi olmuştur. Kontrol çeşidi olan G61 ve G62 çeşitlerinin kuru bitki ağırlıkları sırası ile 56,17 g/bitki ve 86,59 g/bitki olarak kaydedilmiştir (Tablo 28). Denemede 2023 yılında tespit edilen ortalama kuru bitki ağırlığı (126,6 g/bitki) 2022 yılına (47,04 g/bitki) yaklaşık 3 kat bir artış gösterdiği belirlenmiştir.

Bitki başına kuru ağırlığı incelendiğinde yıllar ortalaması sonuçlarına göre ortalama kuru bitki ağırlığı 86,55 g/bitki olarak kaydedilmiştir (Tablo 28). Denemde en yüksek kuru bitki ağırlığına sahip genotipler sıra ile G59 (141,71 g/bitki), G58 (136,58 g/bitki) ve G1 (134,25 g/bitki) olurken en düşük kuru bitki ağırlığına sahip genotipler ise sırası ile G42 (33,09 g/bitki), G5 (45,50 g/bitki) ve G18 (50,71 g/bitki) olmuştur. Kontrol çeşitleri olan G61 ve G62 çeşitlerinin kuru bitki ağırlıkları ise sırasıyla 56,16 g/bitki ve 70,09 g/bitki olmuştur. Farklı genotip ve ekotiplerde çayır düğmesi ile yapılan çalışmalarda elde edilen kuru ot verimlerinin Ankara koşullarında 59 g-112 g (Kendir 1999) arasında ve Kayseri’de 179,26 kg/da-591,37 kg/da (Doran 2020) arasında değişim gösterdiği kaydedilmiştir. Çalışmamızda elde edilen bulgularla literatürde elde edilen bulgular arasında oluşan bu farklılıkların diğer birçok yem bitki ile yapılan çalışmalarda da (Frate and Davis 2008; İnal, 2015; Açıkbaş vd 2017; Severoglu and Gullap 2023) ifade edildiği gibi çeşit ve ekolojik şartlardaki değişimden kaynaklanmış olabilir.

Ham Protein Oranı

Çayır düğmesi genotiplerinin ve kontrol olarak kullandığımız çeşitlerin ham protein oranlarına ait varyans analiz sonuçları Tablo 29’da verilirken ham protein oranlarına ait değerler ise Tablo 30’da sunulmuştur. Yapılan varyans analiz sonucuna göre bloklar arasında ham protein oranı yönünden denemenin her iki yılında ve yılların birleşik analizinde istatistiki açıdan önemli bir farklılık olmadığı belirlenmiştir (Tablo 29). Araştırmada kontrol genotipleri, test genotipleri ve tüm genotipler arasında ham protein oranı yönünden 2022 ve 2023 yıllarında istatistiki manada çok önemli farklılık görülürken yılların birleşik analizinde ise istatistiki anlamda önemli bir farklılık olmadığı tespit edilmiştir. Çalışmada test genotipleri ve kontrol genotiplerinin karşılaştırılmasında ise hem denemenin her iki yılında hem de yılların birleşik analizinde istatistiki manada çok önemli bir farklılık olduğu kaydedilmiştir (Tablo 29).

Tablo 29. Çayır Düğmesi Genotiplerinin Ham Protein Oranlarına ait Varyans Analiz Sonuçları

Varyasyon Kaynağı	2022		2023	
	SD		F Değeri	Ortalama
Blok	3	2,22öd	0,12öd	0,00öd
Kontrol Genotipleri	1	121,52**	699,84***	0,00öd
Test Genotipleri	28	426,67***	3176,76***	0,69öd
Tüm Genotipler	30	700,73***	6560,23***	1,37öd
TG ve KG Karşılaştırma	1	8953,60***	107157,77***	22,02***

KG: Kontrol Genotipleri; TG: Test Genotipleri; öd: önemli değil, *: $P \leq 0.05$, **: $P \leq 0.01$, ***: $P \leq 0.001$

Çalışmada 2022 yılındaki ham protein oranı ortalama %11,67 olurken en yüksek ham protein oranı %13,65 ile G8 genotipinde kaydedilirken en düşük ham protein oranı ise %9,38 ile G49 genotipinde belirlenmiştir (Tablo 30). Çalışmada genel olarak toplanan 29 genotip G62 (%9,65) çeşidinden daha yüksek bir ham protein oranına sahip olurken G43 (%10,02) genotipi hariç 28 genotipin kontrol çeşitlerinin her ikisinden de daha yüksek ham protein oranına sahip olduğu tespit edilmiştir (Tablo 30).

Denemede 2023 yılında ham protein oranları %10,86-17,39 arasında değişirken ortalama ham protein oranı %14,87 olarak belirlenmiştir. En yüksek ham protein oranına sahip genotip %17,39 oranla G18 genotipi olurken bunu sırasıyla G4 (%17,33) ve G5 (%17,10) genotipleri izlemiştir (Tablo 30). Çalışmada en düşük ham protein içeriğine sahip genotip %10,86 oranla G43 olurken kontrol çeşitleri G43 genotipi hariç diğer 28 genotipten daha düşük değerlere sahip olduğu tespit edilmiştir (Tablo 30).

Ham protein içeriği kaba yem kalitesini etkileyen önemli ölçütlerden biri olup (Assefa ve Ledin, 2001) yüksek protein içeriğine sahip yem bitkileri hayvancılığın gelişimini olumlu yönde etkilemektedir. Yapılan çalışmada ham protein oranı yıllar ortalamasında %10,44-15,38 arasında değişirken en yüksek ham protein oranına sahip genotip %15,38 oran ile G8 olurken en düşük ham protein oranına sahip genotip ise %10,44 oran ile G43 genotipi olmuştur. Çalışmada kontrol çeşitleri olan G61 ve G62 sırası ile %10,56 ve %10,63 oranında ham protein oranına sahip olduğu tespit edilmiştir (Tablo 30). Deneme sonucunda elde edilen ham protein oranının gerek toplanan genotipler arasında gerekse kontrol çeşitleri arasında önemli farklılıklar göstermesi köpek dişi, yonca, sorgum, çavdar ve korunga gibi yem bitkileri ve tahıllar ile yapılan birçok çalışmada da (Açıkgöz 2001; Erbeyi 2017; Öten ve Albayrak 2018; Türk vd 2018; Tepe ve Kaplan 2020; Sürmen ve Kara 2022; Basaran vd 2022; Cacın vd 2023) belirtildiği üzere ekolojik faktörlerin yanı sıra genetik faktörlerden kaynaklanmış olabilir. Ayrı çayır düğmesi genotipleri ile yapılan bir çalışmada (Duran 2020) ham protein oranının %9,48 ile %15,44 arasında değişim göstermesi çalışmamıza elde edilen sonuçlarla benzerlik göstermiştir.

Tablo 30. Çayır Dügmesi Genotiplerine ait Ham Protein Oranları

Genotip/Numara	Ham Protein Oranı (%)		
	2022	2023	Ortalama
1	10,14	13,53	11,84
4	13,21	17,33	15,27
5	12,94	17,10	15,02
6	11,57	15,75	13,66
7	11,70	15,87	13,78
8	13,65	17,11	15,38
14	12,80	16,83	14,82
17	12,44	13,84	13,13
18	12,73	17,39	15,06
19	10,59	13,92	12,25
21	12,47	16,67	14,57
22	12,16	14,13	13,15
28	13,43	16,12	14,77
35	11,10	13,85	12,48
37	11,93	15,84	13,89
40	11,99	15,29	13,64
41	11,85	13,98	12,92
42	12,71	16,15	14,44
43	10,02	10,86	10,44
44	11,19	14,96	13,09
45	11,51	15,71	13,62
46	11,59	15,31	13,45
49	9,38	11,99	10,69
50	11,66	13,31	12,49
53	12,05	14,34	13,20
55	11,58	15,25	13,42
56	11,20	16,99	14,10
58	10,10	13,74	11,92
59	12,35	15,15	13,75
61	10,06	11,07	10,56
62	9,65	11,61	10,63
Ortalama	11,67	14,87	13,27
CV (%)	0,45	0,20	16,80
LSD (Kontrol)	0,12	0,06	3,08
LSD (Aynı Bloklardaki Genotip)	0,23	0,13	6,16
LSD (Farklı Bloklardaki Genotip)	0,28	0,16	7,55
LSD (Genotip ve Kontrol)	0,22	0,13	5,97

Asit eriticilerde çözünmeyen lif (ADF) oranı

Araştırmada toplanan genotipler ve kontrol çeşitlerine ait ADF oranları ile ilgili varyans analiz sonuçları Tablo 31’de gösterilmiştir. Çalışmada bloklar arasında ADF oranı yönünden denemenin her iki yılında ve yıllar ortalamasında istatistiki açıdan önemli bir farklılık olmadığı tespit edilmiştir. Yapılan çalışmada kontrol, test ve tüm genotipler arasında denemenin her iki yılında istatistiki anlamda önemli farklılıklar tespit edilirken yılların birleşik analizinde ise istatistiki manada önemli bir farklılık olmadığı kaydedilmiştir (Tablo 31). Ayrıca çalışmada test genotipleri ile kontrol genotiplerinin karşılaştırılmasında hem 2022 ve 2023 yıllarında hem de yıllar ortalamasında istatistiki manada çok önemli bir farklılık olduğu tespit edilmiştir (Tablo 31). Çalışmada toplanan genotipler ve kontrol çeşitlerine ait ADF oranları Tablo 32’de gösterilmiştir.

Tablo 31. Çayır Düğmesi Genotiplerinin ADF Oranlarına ait Varyans Analiz Sonuçları

Varyasyon Kaynağı	2022		2023		Ortalama
	SD	F Değeri	F Değeri	F Değeri	
Blok	3	1,24öd	0,30öd	0,02öd	
Kontrol Genotipleri	1	26,85*	11009,52***	2,85öd	
Test Genotipleri	28	30,09**	1736,31***	0,69öd	
Tüm Genotipler	30	51,60**	3402,64***	1,61öd	
TG ve KG Karşılaştırma	1	678,85***	42453,02***	26,26***	

KG: Kontrol Genotipleri; TG: Test Genotipleri; öd: önemli değil, *: P <= 0.05, **: P <= 0.01, ***: P <= 0.001

Araştırmanın ilk yılında ortalama ADF oranı %27,27 olurken ADF oranlarının %21,49 ile %36,58 arasında değiştiği kaydedilmiştir. Çalışmada en yüksek ADF değerine sahip genotip G49 (%36,58) olurken, bunu sırası ile %33,04 ile G5 ve %30,35 ile G59 genotipleri takip etmiştir (Tablo 32). Denemede en düşük ADF oranına kontrol çeşidi olan G62 (%21,49) çeşidi sahip olurken bu çeşidi sırası ile %21,78 ile G18 ve %23,32 ile diğer bir kontrol çeşidimiz olan G61 çeşidi takip etmiştir (Tablo 32).

Çalışmanın ikinci yılında genotiplerin sahip olduğu ADF oranları %18,16 ile %28,04 arasında değişirken ortalama ADF oranı %23,39 olarak tespit edilmiştir. Çalışmada G44 genotipi %28,04 ile en yüksek ADF oranına sahip olurken kontrol çeşidimiz olan G62 ise %18,16 ile en düşük ADF oranına sahip olmuştur. (Tablo 32).

Kaba yemlerde en az sindirilebilen lif bileşeni olan ve rasyonlarda %19 fazla istenmeyen ADF oranının (Ball *et al.* 2001) yıllar ortalaması sonuçlarına göre ortalama %25,33 olarak kaydedilmiştir (Tablo 32). Denemede ortalama ADF oranları %19,82-29,15 arasında değişirken en yüksek ADF oranı %29,15’lik oran ile G44 genotipinde kaydedilirken, bunu %28,79’lik oran ile G5 ve %28,72’lik oran ile G49 genotipleri takip etmiştir. Yıllar ortalaması

sonuçlarına göre kontrol çeşidi olan G62 (%19,82) en düşük ADF oranına sahip olurken bu çeşidi sırası ile G18 (%21,68) ve G46 (%21,90) genotipleri izlemiştir. (Tablo 32).

Tablo 32. Çayır Düğmesi Genotiplerine ait ADF Oranları

Genotip/Numara	ADF (%)		
	2022	2023	Ortalama
1	28,30	25,27	26,79
4	29,37	26,41	27,89
5	33,04	24,53	28,79
6	28,17	24,59	26,38
7	29,34	24,20	26,77
8	28,08	21,16	24,62
14	26,72	24,72	25,72
17	27,73	25,73	26,73
18	21,78	21,58	21,68
19	27,50	21,17	24,33
21	25,68	25,40	25,54
22	26,25	24,27	25,26
28	26,56	24,36	25,46
35	28,96	21,95	25,45
37	25,58	22,71	24,14
40	27,91	22,11	25,01
41	23,81	24,06	23,93
42	26,87	23,23	25,05
43	26,49	25,86	26,17
44	30,26	28,04	29,15
45	24,96	23,55	24,25
46	23,50	20,30	21,90
49	36,58	20,87	28,72
50	27,97	23,77	25,87
53	27,33	22,89	25,11
55	28,29	23,78	26,03
56	25,06	20,82	22,94
58	28,20	22,44	25,32
59	30,35	25,58	27,96
61	23,32	21,56	22,44
62	21,49	18,16	19,82
Ortalama	27,27	23,39	25,33
CV (%)	1,88	0,20	12,56
LSD (Kontrol)	1,12	0,10	4,42
LSD (Aynı Bloklardaki Genotip)	2,24	0,21	8,85
LSD (Farklı Bloklardaki Genotip)	2,75	0,25	10,84
LSD (Genotip ve Kontrol)	2,17	0,20	8,57

Yem kalitesinin tahmininde önemli bir kriter olan ve yemdeki oranı arttıkça sindirim zorlaştıran ADF oranının (Van Soest *et al.* 1991; Van Soest 1994) denemede kullanılan çeşitler ve genotipler arasında farklılık göstermesinde toplanan genotip ve çeşitlerin genetik yapısının yanı sıra bitkilerin yetiştirildiği ekolojik faktörlerin de önemli bir etkisi olabilir. Nitekim farklı yem bitkileri yapılan birçok çalışmada (Katić *et al.* 2007; Karlı vd 2005; Thivierge *et al.* 2016; Açıkbaş vd 2017; Yıldırım ve Turan 2020) elde edilen ADF oranları ile ilgili değerlerin çeşit ve ekolojik farklılıklara göre değişim gösterdiğinin ifade edilmesi çalışmamızda elde ettiğimiz bulguları destekler niteliktedir.

Doğal eriticilerde çözünmeyen lif (NDF) oranı

Araştırmada incelenen çayır düğmesi bitkilerinin NDF oranlarına ait varyans analiz sonuçları Tablo 33'de verilirken, NDF oranlarına ait değerler ise Tablo 34'de gösterilmiştir. Çalışmada Tablo 33'ün incelenmesinden anlaşılacağı üzere NDF oranı bakımından araştırmanın her iki yılında ve yıllar ortalamasında bloklar arasında istatistiki açıdan önemli bir farklılık olmadığı kaydedilmiştir. Denemede kontrol genotipleri, test genotipleri ve tüm genotipler arasında NDF oranı bakımında 2022 ve 2023 yıllarında istatistiki manada çok önemli farklılık kaydedilirken, bu varyasyonların yılların birleşik analizinde ise istatistiki anlamda önemli bir farklılık göstermediği kaydedilmiştir (Tablo 33). Çalışmada test genotipleri ve kontrol genotiplerinin karşılaştırmasında ise hem çalışmanın her iki yılında hem de yılların birleşik analizinde istatistiki anlamda önemli bir farklılık olduğu tespit edilmiştir (Tablo 33).

Tablo 33. Çayır Düğmesi Genotiplerinin ADF Oranlarına ait Varyans Analiz Sonuçları

Varyasyon Kaynağı	SD	2022	2023	Ortalama
		F Değeri		
Blok	3	0,11öd	0,01öd	0,00öd
Kontrol Genotipleri	1	119,06**	1216,21***	0,12öd
Test Genotipleri	28	104,24**	774,29***	0,70öd
Tüm Genotipler	30	104,13**	1573,60***	0,81öd
TG ve KG Karşılaştırma	1	86,01**	24311,56***	4,58*

KG: Kontrol Genotipleri; TG: Test Genotipleri; öd: önemli değil, *: P <= 0.05, **: P <= 0.01, ***: P<=0.001

Çalışmanın ilk yılında ele alınan çeşit ve genotiplere ait NDF oranlarının %37,99 ile %52,18 arasında değiştiği tespit edilmiştir. Çalışmada ortalama NDF oranı %43,53 kaydedilirken en düşük NDF oranına sahip genotip G40 (%37,99) en yüksek NDF oranına sahip genotip ise G5 (%52,18) olarak tespit edilmiştir (Tablo 34). Kontrol olarak kullanılan G61 çeşidinin NDF oranı %40,62 olarak tespit edilmiş olup sadece 7 genotip bu çeşitten daha düşük oranlara sahip olmuştur. Çalışmada diğer bir kontrol çeşidimiz olan G62 çeşidinin ise NDF

oranı %43,69 olurken, 18 genotipin bu çeşitten daha düşük NDF oranına sahip olduğu kaydedilmiştir (Tablo 34).

Araştırmanın yürütüldüğü 2023 yılında doğal eriticilerde çözünmeyen lif (NDF) değerleri %33,19-41,04 arasında farklılık gösterirken ortalama NDF oranı %38,28 olarak belirlenmiştir. Çalışmada G37 geneotipi %33,19'luk oran ile en düşük NDF değerine sahip genotip olurken bunu sırasıyla kontrol çeşitlerimiz olan G62 (%33,87) ve G61 (%35,41) takip etmiştir. Denemede en yüksek NDF oranına sahip genotip %41,04 ile G18 genotipi olurken bu genotipi sırası ile %40,91 ile G6 genotipi ve %40,76 ile G56 genotipi takip etmiştir (Tablo 34).

Tablo 34. Çayır Düğmesi Genotiplerine ait NDF Oranları

Genotip/Numara	NDF (%)		
	2022	2023	Ortalama
1	48,40	39,60	44,00
4	50,17	40,26	45,22
5	52,18	39,10	45,64
6	50,87	40,91	45,89
7	49,32	38,90	44,11
8	48,94	40,02	44,48
14	48,49	38,43	43,46
17	42,13	36,28	39,20
18	43,15	41,04	42,09
19	44,59	38,33	41,46
21	39,23	38,66	38,94
22	42,57	40,08	41,32
28	44,67	39,13	41,90
35	41,37	40,22	40,79
37	38,55	33,19	35,87
40	37,99	36,79	37,39
41	43,31	38,08	40,69
42	41,59	37,42	39,50
43	39,90	36,16	38,03
44	42,49	39,39	40,94
45	39,04	37,31	38,17
46	42,06	39,14	40,60
49	38,69	36,82	37,75
50	41,19	38,60	39,89
53	40,10	36,69	38,39
55	44,38	37,49	40,93
56	44,76	40,76	42,76

Tablo 34. (devamı)

58	43,26	38,95	41,10
59	41,73	39,66	40,69
61	40,62	35,41	38,02
62	43,69	33,87	38,78
Ortalama	43,53	38,28	40,91
CV (%)	0,92	0,17	10,95
LSD (Kontrol)	0,89	0,14	6,34
LSD (Aynı Bloklardaki Genotip)	1,79	0,28	12,67
LSD (Farklı Bloklardaki Genotip)	2,19	0,34	15,52
LSD (Genotip ve Kontrol)	1,73	0,27	12,27

Yıllar ortalaması sonuçlarına bakıldığında genotip ve çeşitlere ait NDF değerlerinin %35,87 ile %45,89 arasında değiştiği ve ortalama NDF değerinin %40,91 olduğu belirlenmiştir (Tablo 34). Çalışmada G37 genotipi en düşük NDF (%35,87) değerine sahip olurken G6 genotipinin ise en yüksek NDF (%45,89) değerine sahip olduğu tespit edilmiştir (Tablo 34). Denemede kontrol çeşitlerimizin birbirlerine yakın değerlere sahip olduğu kaydedilmiş olup G61 çeşidinin NDF oranı %38,02 olurken G62 çeşidinin ise NDF oranı %38,78 olarak belirlenmiştir (Tablo 34). Hemiselüloz, selüloz, lignin, kütin ve çözülmeyen proteinler oluşan NDF oranının (Aşçı ve Acar 2018) gerek genotipler gerekse çeşitler arasında önemli bir farklılık göstermesi bitki türünün yanı sıra yaprak-sap oranına bağlı olarak NDF oranının önemli oranlarda değişim göstermesinden (Kelsey *et al.* 1973; Lacefield *et al.* 1999; Ball *et al.* 2001). kaynaklanmış olabilir. Ayrıca çayır düğmesi genotipleri ile yapılan bir çalışmada (Doran 2020) NDF oranının %34,69 ile %55,42 arasında değişim gösterdiğinin tespit edilmesi çalışmamızda elde ettiğimiz sonuçlarla büyük oranda benzerlik göstermesi çalışmamızı destekler niteliktedir.

Moleküler Karakterizasyon Çalışmaları

Moleküler karakterizasyon çalışması için toplanan çayır düğmesi genotiplerinin sekonder metabolit seviyesi çok yüksek olduğu için 60 genotipten ancak 40 genotip ve 2 kontrol çeşidinde DNA görüntüsü elde edilebilmiştir. Çalışmada küçük çayır düğmesi (*Sanguisorba minor* Scop.) aksesyonlarındaki polimorfizmleri belirlemek için toplamda 12 ISSR markörü kullanılmıştır. Çalışmada 12 ISSR primerinden elde edilen bant profili farklı genetik göstergeleri çalışmak için kullanıldı ve primer başına ortalama 23,92 bantla en düşük 12 ve en yüksek 35 arasında değişen toplam olarak 287 bant elde edilmiştir. Araştırmada 42 aksesyon için tüm bantlar polimorfik olarak belirlendi ve Tablo 35’de 12 ISSR primerinden elde edilen bant verileri gösterilmiştir. Denemede 42 genotip kullanılarak primerlerden elde edilen toplam

bant sayılarında ortalama 245,42 bant sayısı ile toplam 2945 bant elde edilmiştir. En yüksek bant sayısı 378 ile UBC841 primerinden elde edilirken en düşük sayı ise 112 bantla UBC848 primerinden elde edilmiştir. Allel başına düşen bant sayısı ise ortalama 10,28 ile toplam 123,33 bant elde edilmiştir. Allel başına düşen bant sayısında en yüksek sayı (13,79) UBC811 primerinden elde edilirken en düşük sayı (7,17) ise UBC812 primerinden elde edilmiştir. Çalışmada Tablo 35’de gösterildiği gibi ISSR primerleri ile yapılan çalışmada ortalama 0,30 olarak belirlenen PIC değeri 0,24 ile 0,34 arasında değişiklik göstermiştir. En yüksek PIC değeri (0,34) UBC811 primerinden elde edilirken en düşük değeri (0,24) ise UBC812 primerinden elde edilmiştir (Tablo 35).

Çayır düğmesi genotiplerinde ISSR markörünün etkinliğine erişmek için markör indeksi (MI) ve resolving power (Rp) değerleri her bir primer için hesaplandı ve MI 0,001 ile 0,003 arasında değişen değerler kaydedilmiştir. Çalışmada Rp değeri en yüksek (16,10) UBC810 primerinden elde edilirken en düşük (5,33) UBC848 primerinden elde edilmiştir (Tablo 35).

Tablo 35. Farklı Bölgelerden Toplanan Çayır Düğmesi Aksesyonlarının 12 ISSR Primerinin Detaylı Bant Verisi

Primer Adı	Allel sayısı	Polimorfizm Oranı (%)	PIC	Toplam Bant sayısı	Allel Başına Düşen Bant Sayısı	Markör Index	Resolving power
UBC807	23	100	0,26	185	8,04	0,001	8,81
UBC808	18	100	0,27	149	8,28	0,001	7,10
UBC809	29	100	0,26	231	7,97	0,001	11,00
UBC810	35	100	0,29	338	9,66	0,002	16,10
UBC811	24	100	0,34	331	13,79	0,003	13,29
UBC812	23	100	0,24	165	7,17	0,001	7,86
UBC817	14	100	0,33	180	12,86	0,003	8,00
UBC825	30	100	0,31	334	11,13	0,002	14,48
UBC841	33	100	0,32	378	11,45	0,003	15,33
UBC843	21	100	0,33	258	12,29	0,003	11,43
UBC844	25	100	0,32	284	11,36	0,003	12,19
UBC848	12	100	0,29	112	9,33	0,002	5,33
Toplam	287		3,56	2945	123,33	0,03	130,90
Ortalama	23,92	100	0,30	245,42	10,28	0,00	10,91

Ayrıca ISSR markörlerinden elde edilen bant verisine dayanarak popülasyon genetiğini çalışmak için GeneA1Ex 6.5b2 yazılımı kullanılmıştır. ISSR primer verisi ile gözlemlenen allel sayısı (Na), etkili allellerin sayısı (Ne), Shannon’s bilgi indeksi (I) ve Nei’nin genetik çeşitlilik (h) değerleri elde edilmiştir. ISSR primerleri arasında en yüksek Na (2), Ne (1,63), I (0,54) ve

h (0,37) deęerleri UBC811 belirlenirken en dūřuk Na (2), Ne (1,40), I (0,42) ve h (0,26) deęerleri UBC812 kaydedilmiřtir (Tablo 36).

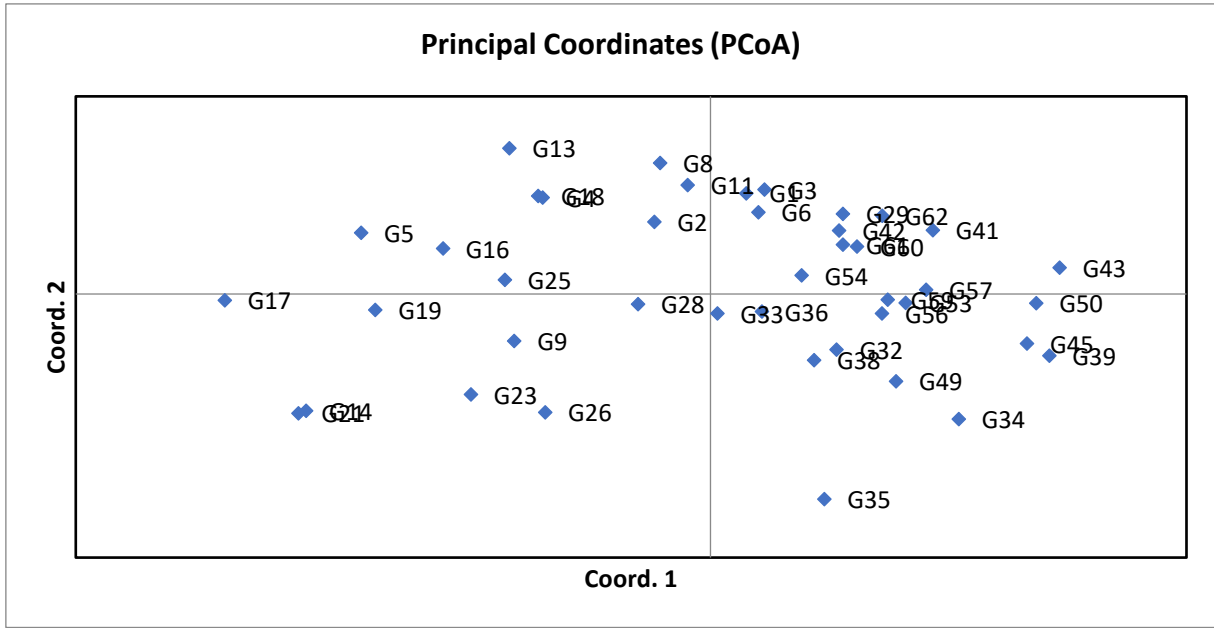
Tablo 36. ISSR Primer Verisine Dayalı GeneA1Ex Kullanılarak Hesaplanan Popūlasyon Genetik Yapısı*

Primer Numarası	Na	Ne	I	h
UBC807	2	1,45	0,45	0,29
UBC808	2	1,45	0,43	0,27
UBC809	2	1,44	0,44	0,28
UBC810	2	1,53	0,50	0,33
UBC811	2	1,63	0,54	0,37
UBC812	2	1,40	0,42	0,26
UBC817	2	1,64	0,54	0,36
UBC825	2	1,55	0,49	0,32
UBC841	2	1,54	0,50	0,33
UBC843	2	1,61	0,52	0,35
UBC844	2	1,55	0,49	0,32
UBC848	2	1,50	0,45	0,29

* Gōzlemlenen alel sayısı (Na), etkili alel sayısı (Ne; (Kimura ve Crow 1964)), Shannon'ın bilgi indeksi (I; (Lewontin 1972)) ve gen eřitlilięi (h; (Nei's 1973)) deęerleri.

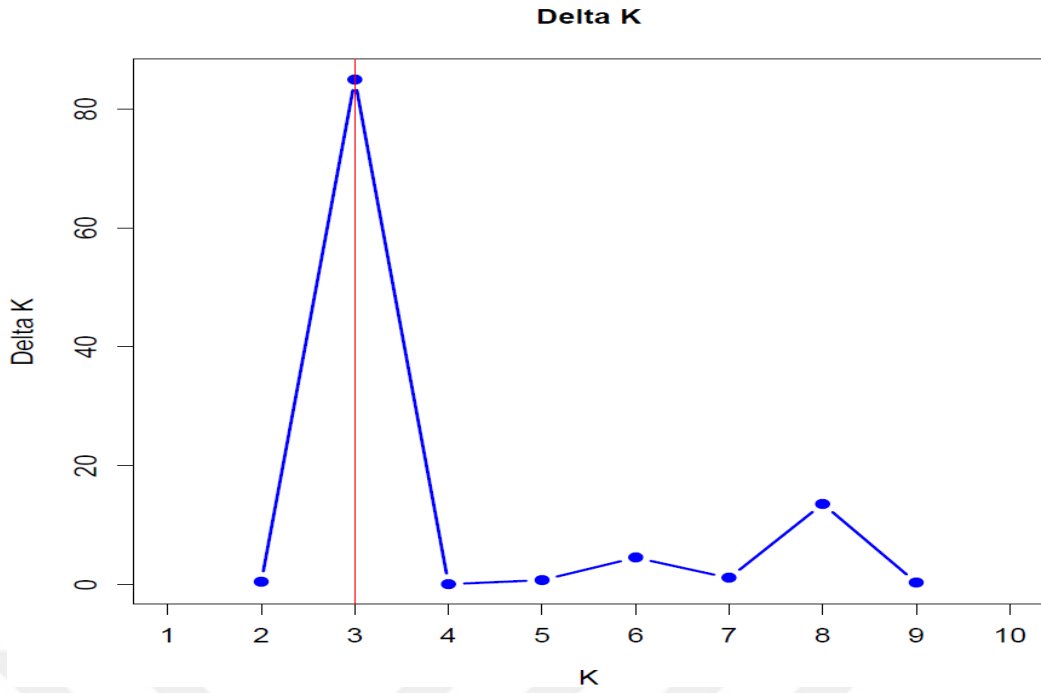
ISSR veri setleri little burnet genotipleri arasındaki genetik iliřkisini belirlemek iin dendrogram ve temel koordinat analizi yapılmıř olup dendrogram analizine gōre Cluster I, II ve III olmak ūzere 3 grup elde edilmiřtir (řekil 6). Cluster I G1, G3, G6, G11 ve G29 genotiplerini ierirken Cluster II ise 34 little burnet genotipini iermektedir. Cluster III kontrol genotipleri olan G61 ve G62'de dahil G54 genotiplerini iermektedir. Cluster II'de bulunan G21 ve G23 genotipleri en fazla benzerlik gōsteren genotiplerdir.

genotipleri ikinci kümede G1, G3, G6 ve G11 genotipleri üçüncü kümede ise diğer genotipler konumlanmıştır. Ticari çeşit olan G61 ve G62 genotipleri sadece G54 ile aynı yerde konumlanmıştır. G13, G34 ve G35 diğer genotiplere daha uzak kalmıştır.



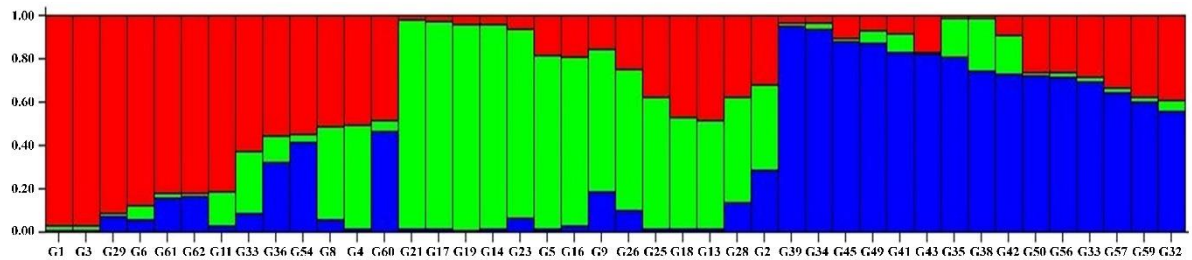
Şekil 7. 12 ISSR belirtecine dayalı 42 küçük çayır düğmesi genotipinin temel koordinat analizi

Popülasyon yapısı, ISSR moleküler verilerine dayanarak STRUCTURE yazılımı kullanılarak belirlenmiştir. STRUCTURE sonuçları, en olası alt popülasyon sayısının $K = 3$ olduğunu göstermiştir (Şekil 8 ve Şekil 9). İlk alt popülasyon tüm çayır düğmesi genotiplerinde mevcut olup İkinci alt popülasyon G43 genotipi hariç diğer tüm genotiplerde bulunmaktadır. Üçüncü alt popülasyon G1, G3 ve G19 genotipleri hariç diğer genotiplerde mevcuttur. STRUCTURE analiz sonuçlarına göre G1, G3, G4, G6, G8, G11, G29, G33, G36, G54, G60, G61 ve G62 birinci grupta, G2, G5, G9, G13, G14, G16, G17, G18, G19, G21, G23, G25, G26 ve G28 ikinci grupta ve geri kalan genotipler üçüncü grupta yer almıştır.



Şekil 8. STRUCTURE kullanılarak elde edilen 42 adet küçük çayır düğmesi Yapı analizlerinden elde edilen delta K (ΔK) değerlerinin grafiği

G1 ve G3 aksesyonları, G19 aksesyonu ve G43 aksesyonu genetik yapıları bakımından diğer aksesyonlara göre farklılık göstermekte olup yapılarında iki farklı popülasyona ait özellikleri barındırmaktadır. Diğer aksesyonlar üç popülasyona ait genetik alt yapıyı içermektedir. Birinci grupta genetik yapı bakımından G1 ve G3 aksesyonları, ikinci grupta G14, G17, G19 ve G21 aksesyonları ve G13, G18 ve G25 aksesyonları, üçüncü grupta ise G34 ve G39 aksesyonları ve G35, G38 ve G42 aksesyonları farklılık sergilemiştir. Elde edilen analiz sonuçlarına göre Erzurum'un farklı yörelerinden toplanan Çayır düğmesi genotipleri arasında genetik çeşitlilik olduğu ve G54 dışındaki tüm genotiplerin ticari çeşit olan G61 ve G62 genotiplerinden farklı olduğu gözlemlenmiştir.



Şekil 9. Yapı v2.3.4 ile elde edilen K=3 grupları için 42 küçük çayır düğmesi genotipinin popülasyon yapısı analizi

Küçük çayır düğmesi antibakteriyel, antioksidan, antikanser ve antiviral özelliklere sahip olup hem gıda hem de ilaç sektörü için önemli bir kaynak niteliği taşıyan değerli bir bitkidir (Tocai *et al.* 2023). Bu gibi değerli bitkilerin genetik çeşitliliğinin araştırılması tıp, tarım, ekoloji ve çevre bilimleri gibi birçok alanda önemli katkılar sağlamaktadır. Özellikle

tarımda bitkilerin genetik çeşitliliğini incelemek, bitki yetiştiricilerine değerli bilgiler sağlayarak, belirli yetiştirme hedeflerini karşılayan yeni çeşitlerin geliştirilmesinde bilinçli kararlar almalarına olanak tanıyabilir (Mohamed *et al.* 2024). Ayrıca bitki biyoçeşitliliği, farklı temel hammaddeler sağlayarak ıslah programları için yararlı olan yeni genetik bilgilerin sağlanmasına, daha verimli mahsullerin elde edilmesine, biyolojik ve çevresel streslere karşı daha dirençli bitkilerin geliştirilmesine katkıda bulunmaktadır (Rao 2004, Cruz-Cruz *et al.* 2013). Genetik çeşitliliği değerlendirmek için moleküler markör yaklaşımları ve genetik ve fiziksel haritalamalar kullanılmakta olup (Alhasnawi *et al.* 2024) yapılan bu çalışmada 40'ı yerel ve 2'si ticari olmak üzere 42 küçük çayır düğmesi çeşidi arasındaki genetik çeşitlilik ISSR teknolojisi kullanılarak incelenmiştir. Kullanılan ISSR primerlerinin polimorfizm oranı %100 olup elde edilen bu oran Tausch *et al.* (2017)'nin 190 küçük çayır düğmesi çeşidinin AFLP teknolojisi kullanarak yaptığı genetik çeşitlilik çalışmasında bulduğu polimorfizm oranı (%94,58) ile oldukça yakındır. Aynı şekilde Ne, I ve h değerleri de Tausch *et al.* (2017) çalışması ile tutarlıdır. Bu bulgu, aspirde genetik çeşitliliğin değerlendirilmesi ve filogenetik ilişkilerin kurulması için ISSR belirteçlerinin basit, bilgilendirici, tekrarlanabilir ve uygun bir yöntem olarak etkinliğini desteklemektedir. PIC değerlerinin 0.24 ve 0.34 arasında olması da ISSR markörlerinin ayırt edici gücünü ortaya koymaktadır.

Kümeleme ve temel bileşen analizi (PCoA), farklı bitki germplazmaları arasındaki ilişkiyi ve çeşitliliği tanımlamanın en etkili yollarıdır (Li *et al.* 2022; Kongjaimun *et al.* 2022). Kümeleme analizi, dendrogramın aynı popülasyonunda veya dallarında komşu katılımların mevcut olduğunu ortaya çıkarmıştır. Dendrograma göre üç farklı kümeleme oluşmuş ve oluşan dallanmalara göre toplanan yerel çeşitlerden biri hariç diğerleri ticari çeşitlerden farklı bir dallanma modeli göstermiştir. Bu da toplanan yerel bitkilerin genetik çeşitliliğini ortaya koymaktadır. Ayrıca Cluster II diğer clusterlara göre çok sayıda birey içermekte olup bu da uygulama yapılan bölgenin sadece Erzurum yöresi ile sınırlandırılmasının yanı sıra polimorfizmi incelemek için seçilen aksesyonlar arasındaki rakım, iklim veya coğrafi mesafe nedenlerinden de kaynaklanmış olabilir (Mazher *et al.* 2024). UPGMA kümelemesi, STRUCTURE ve PCoA analizlerinin sonuçları birbiriyle uyumluluk göstermiş ve tüm testler üç farklı popülasyon olduğunu ortaya çıkarmıştır. Birinci alt popülasyonun genetik yapısı tüm bireylerde bulunmakta olup baskın popülasyondur. Diğer popülasyonlar ise hemen hemen aynı oranda bir dağılım göstermiştir. G1, G3, G19 ve G43 aksesyonları diğerlerinde farklı olarak sadece iki popülasyonu genetik yapısında barındırmıştır. Bu da Erzurum yöresindeki küçük çayır düğmesi türleri arasındaki genetik çeşitliliğin bir kanıtıdır. Türlerin coğrafi dağılımı, değişken habitat koşulları ve türler arasındaki gen akışı nedeniyle genetik çeşitlilik ve genetik yapı açısından farklılıklar meydana getirmektedir (Xiong *et al.* 2020; Shooshtari *et al.* 2024).

Ayrıca yapılan PCoA analizi sonuçlarında üç grup oluşmasına rağmen örneklerin toplandığı coğrafi konuma göre bir ayırım meydana gelmemiştir. Farklı bitkilerde yapılan ISSR çalışmalarında Upgama, STRUCTURE ve PCoA analizlerinin örneklerin toplandığı coğrafi konumla anlamlı bir korelasyon sergilediği gözlemlenmiştir. Fakat bizim sonuçlarımızda yapılan analizler ve coğrafi konum arasında zayıf bir korelasyon bulunmaktadır. Çalışmamız ile aynı sonuca *Trifolium alexandrinum* bitkisinde rastlanmıştır (Mohamed *et al.* 2024). Coğrafi izolasyonun dışında birçok faktörün bitki popülasyonlarındaki genetik çeşitliliği etkileyebileceğini gösteren birkaç çalışma da sonuçlarımızı desteklemektedir. Farklı markör sistemleri ile yapılan bir çalışmada da, Upgama ve STRUCTURE analizlerine göre genetik ilişkiler ile coğrafi dağılım arasında zayıf bir korelasyon olduğunu göstermiştir (Wu *et al.* 2021). Ayrıca, bitki özelliklerinin ve tohumların toplandığı coğrafi konumlar ile bitkilerin genetik benzerlikleri arasında bazı noktalarda önemli bir tutarlılık eksikliği bulunmaktadır (Basheer-Salimia *et al.* 2013; Hamdan *et al.* 2024). Sonuç olarak genetik çeşitliliğin incelenmesi, ıslah programlarında ebeveyn bitkilerin seçimine ve daha verimli hatların ortaya çıkarılmasına yönelik bilimsel temelin oluşturulmasında temel bir rol oynamaktadır.

SONUÇ VE ÖNERİLER

Yapılan bu araştırma ile Erzurum ili merkez ve ilçelerinden doğal olarak toplanan küçük çayır düğmesi (*Sanguisorba minor* Scop.) genotiplerinin tarımsal ve morfolojik özelliklerinin yanı sıra toplanan küçük çayır düğmesi genotiplerinin ISSR yöntemi aracılığı ile benzerlik durumları belirlenmeye çalışılmıştır. Araştırma sonucunda incelenen özelliklerden elde edilen veriler aşağıda maddeler halinde özetlenmeye çalışılmıştır.

1. Toplanan genotipler ve kontroller çeşitleri incelendiğinde çalışmanın her iki yılında da G60 ve G61 kontrol çeşitlerinin diğer yabancı genotiplere kıyasla daha erken dönemde çiçeklendiği kaydedilmiştir. Yapılan çalışmada ilk yıl (2022) tesis yılı olarak esas alındığında toplanan çayır düğmesi genotiplerinin adaptasyonu açısından çalışmanın ikinci yılda (2023) en erken çiçeklenmesi gösteren genotipler sırası ile G40 (Otlukkapı) ve G41 (Emre) olmuştur.
2. Çalışmada önemli morfolojik özelliklerden biri olan bitki boyu açısından yapılan değerlendirmede kontrol olarak kullandığımız G61 ve G62 çeşitlerine göre G1 (52,45 cm), G4 (70,63 cm), G28 (51,62 cm), G35 (51,63 cm), G46 (53,33 cm), G49 (57,39 cm), G56 (52,63 cm), G58 (54,40 cm) ve G59 (63,53) genotiplerinin daha uzun bitki boyuna sahip olduğu kaydedilirken her iki çeşide göre G5 (37,93 cm), G7 (42,00 cm), G14 (40,93 cm), G17 (34,07 cm), G18 (39,13 cm), G19 (45,31 cm), G22 (42,43 cm), G40 (47,10 cm), G41 (50,13 cm), G42 (42,24 cm), G43 (44,53 cm), G44 (44,29 cm), G45 (47,40 cm) ve G55 (46,03 cm) genotiplerinin ise daha kısa bitki boyuna sahip oldukları tespit edilmiştir.
3. Bitkinin yatma durum ve yem bitkilerinin sindirilebilirliği açısından önemli bir özellik olan sap kalınlığı çalışmamızda ortalama 3,40 mm olarak kaydedilmiştir. Denemede kontrol olarak kullandığı Bünyan 80 (G61) ve Altınova (G62) çeşitlerinin her ikisini göre G1, G4, G17, G37, G40, G41, G42, G46, G53, G55 ve G59 genotiplerinin daha kalın bir sapa sahip olurken G6, G7, G8, G14, G19, G21 ve G28 genotiplerinin ise daha ince bir sap kalınlığına sahip olduğu tespit edilmiştir. Elde edilen somnuçlara göre daha kalın sapa sahip olan genotipler yatmaya dayanıklı daha ince genotipler ise sindirim açısından bir problem oluşturmayan genotipler olarak düşünülebilir. Ancak buna tam olarak kesin karar vermemiz için projenin ileri aşamalarındaki seleksiyon çalışmalarına devam etmemiz uygun olabilir.

4. Çalışmada kaba yemde önemli bir verim unsuru olan ana sap sayısı ortalama 8,94 adet/bitki olarak tespit edilirken G4 genotipi olan Umudum genotipinin her iki çeşide kıyasla daha yüksek ana sap sayısına sahip olduğu kaydedilmiştir. Ancak bu genotipinin verim açısından iyi bir genotip olduğuna karar vermemiz için diğer verim ve verim unsurlarının da göz alınarak değerlendirme yapmamız daha uygun olabilir.
5. Araştırmada kontrol olarak kullanılan G61 (9,65 cm) ve G62 (7,85 cm) çeşitlerine kıyasla G1 (10,54 cm), G4 (9,83 cm), G5 (9,86 cm), G8 (15,08 cm), G14 (10,94 cm), G28 (11,53 cm), G35 (14,34 cm), G41 (9,71 cm), G49 (10,30 cm), G56 (11,81 cm), G58 (10,96 cm) ve G59 (11,13 cm) genotiplerinin daha yüksek bir yaprak boyuna sahip olduğu kaydedilmiştir. Vejetatif verimin belirlenmesinde yaprak boyunun yanı sıra bitki boyunun da önemli bir unsur olarak değerlendirilebileceği göz önüne alınırsa çalışmada her iki özellik açısından da G1, G4, G28, G35, G49, G56, G58 ve G59 genotiplerinin ön plana çıktığı tespit edilmiştir. Ancak buna tam olarak karar vermemiz için seleksiyon çalışmalarına devam edilmesi ve buna ilaveten regresyon ve korelasyon analizlerinin de yapılması sonrasında verim açısından ümit var genotiplerin belirlenmesi daha uygun olabilir.
6. Yaprakçık boyu açısından yapılan değerlendirmede G4 (1,91 mm), G17 (1,63 mm), G21 (1,52 mm), G37 (1,49 mm), G40 (1,75 mm), G44 (1,59 mm), G53 (1,64 mm), G55 (1,69 mm), G58 (1,66 mm) ve G59 (1,77 mm) genotiplerinin kontrol çeşitlerine oranla daha yüksek yaprakçık enine sahip olduğu tespit edilmiştir.
7. Çalışmada G1 (0,95 mm), G4 (1,28 mm), G5 (1,28 mm), G18 (1,14 mm), G21 (1,01 mm), G22 (0,84 mm) ve G46 (0,74 mm) genotipleri yaprakçık eni bakımından kontrol çeşitlerine kıyasla üstünlük gösterdikleri kaydedilmiştir.
8. Denemede ortalama 6,00 ile 14,12 adet arasında değişiklik gösteren yaprak sayısı kontrol çeşitlerine göre G1, G4 ve G49 genotiplerinde daha yüksek olarak tespit edilmiştir. Genel olarak yaprak sayısı ve kuru ot verimi arasında olumlu bir ilişki olduğu göz önüne alınırsa söz konusu genotiplerin bu açıdan değerlendirildiğinde ümit var genotipler olarak ön plana çıktığını söyleyebiliriz. Ancak kesin olarak bir kaniya varmamız açısından hem seleksiyon çalışmalarına devam edilmesi hem de kuru ot verimine etki eden diğer unsurları görmemiz açısından regresyon ve korelasyon analizlerinin yapılması çalışmamız açısından daha uygun görülmektedir.
9. Her ne kadar yem bitkilerinde kuru ot veriminin değerlendirilmesinde önemli bir kriter olan yapraktaki yaprakçık sayısı açısından genel olarak doğal floradan

toplanan tüm genotiplerin kontrol çeşitlerine kıyasla önemli bir üstünlük gösterdiği tespit edilmiş olsa da verim açısından yapılacak değerlendirmede verime etki eden tüm unsurların birbirleri ile olan ilişkilerini net olarak görmemiz açısından regresyon ve korelasyon analizlerinin yanı sıra projenin ilerleyen aşamalarında seleksiyon çalışmaları sonrasında bir değerlendirme yapılması daha uygun görülmektedir.

10. Genel olarak yapılan çalışmada yeşil bitki ağırlığı ve kuru bitki ağırlığı açısından kontrol çeşitlerine göre G5, G18, G42 ve G43 genotipleri dışındaki en yüksek yeşil bitki ağırlığı ve kuru bitki ağırlığına sahip genotiplerin (G1, G4, G6, G8, G18, G19, G21, G22, G35, G37, G41, G44, G45, G49, G50, G55, G56 ve G58) kontrol çeşitlerine kıyasla üstünlük gösterdikleri tespit edilmiştir. Bu durum bu genotiplerin hayvanların kalite kaba yemlerin karşılanması açısından ümit var genotipler olarak değerlendirilmesine imkân sağlayabilir.
11. Araştırmada önemli yem kalite parametrelerinden olan ham protein, ADF ve NDF oranı genotipler arasında önemli değişimler göstermiştir. Çalışmada özellikle ham protein açısından G43 genotipi hariç tüm genotiplerin kontrol çeşitlerine kıyasla daha yüksek bir ham protein oranına sahip oldukları kaydedilmiştir. Bu durum toplanan genotiplerinin neredeyse hepsinin kaliteli kaba yem kaynağı olarak değerlendirilmesine imkan verebilir. Diğer taraftan ADF ve NDF oranı açısından bir değerlendirme yapıldığında genel anlamda yapılan çalışmalarda yüksek bir ham protein oranına sahip türlerin ADF ve NDF oranının düşük olması beklenirse de bu durum çalışmamızda da gözlemlendiği gibi gerek yıllar arasındaki iklim farklılıkları gerekse bitkinin morfolojik farklılıklarından dolayı her zaman gerçekleşmeyebilir.
12. Yapılan çalışma sonucunda incelenen küçük çayır düğmesi genotiplerin yüksek düzeyde genetik çeşitliliğe sahip olduğunu doğrulanmıştır.

Sonuçlar bir bütün olarak değerlendirildiğinde özellikle ülkemizde kaliteli kaba yem açığının kapatılması açısından bir değerlendirme yapıldığında yeşil bitki ağırlığı, kuru bitki ağırlığı ve ham protein oranları açısından kontrollere kıyasla Kırkgöze (G1), Umudum (G4), Konaklı (G6), Alaybayı (G8), Kandilli (G19), Leylek (G21), Cankurtaran (G22), Başbağlar (G35), Küçüktüy (G37), Emre (G41), Üzengili (G44), Güllü (G45), Saltepe (G49), Akören (G50), İncesu (G55), Çaydere (G56), Erenler (G58) ve Budaklı (G59) genotiplerinin ümit var genotipler olarak ön plana çıktığı tespit edilmiştir. Ancak bu konuda tam bir değerlendirme yapılması açısından seleksiyon çalışmalarına devam edilmesi daha uygun olacağı kanaati hasıl olmuştur. Ayrıca bu çalışma ile hem gıda hem de tıp alanında oldukça değerli olan bu türün

genetik eřitlilik ve ıslah alıřmalarında daha fazla ilgi gormesi ve farkındalık yaratması on gorulmektedir.



KAYNAKLAR

- Acar Z., Sancak C. ve Ayan İ., 1999. Farklı azot Dozları ve sıra aralıklarında yetiştirilen küçük çayır düğmesinde (*Sanguisorba minor* Scop.) verim ve bazı özelliklerin belirlenmesi. *Tarım Bilimleri Dergisi*, 5(2), 41-49.
- Acar, E., 2020. Bucak Ekolojik Koşullarında İtalyan Çimi (*Lolium multiflorum* L.) Çeşitlerinin Bazı Verim ve Kalite Unsurlarının Belirlenmesi Üzerine Bir Araştırma. Yüksek lisans Tezi, Isparta Uygulamalı Bilimler Üniversitesi, Lisansüstü Eğitim Enstitüsü, Tarla Bitkileri Ana Bilim Dalı, Isparta.
- Acar, Z. ve Ayan, İ., 2012. Yem Bitkileri Kültürü. Ondokuz Mayıs Üniversitesi Ziraat Fakültesi Ders Kitabı, No: 2, Samsun.
- Açıkbaz, S., Albayrak, S., Türk, M., 2017. Doğal Vejetasyondan Toplanan Bazı Yonca (*Medicago sativa* L.) Genotiplerinin Ot Verim ve Kalitelerinin Belirlenmesi. *Türkiye Tarımsal Araştırmalar Dergisi*, 4 (2), 155-162.
- Açıkgöz, E., 2001. Yem Bitkileri. Uludağ Üniv. Güçlendirme Vakfı Yayın No: 182, Bursa.
- Açıkgöz, E., Hatipoğlu, R., Altınok, S., Sancak, C., Tan, A., Uraz, D., 2005. Yem Bitkileri Üretimi ve Sorunları. *Türkiye Ziraat Mühendisliği VI. Teknik Kongresi. Bildiriler*, 503-518: 3-7, Ankara.
- Ajibade, S. R., Weeden, N. F. and Chite, S. M., 2000. Inter simple sequence repeat analysis of genetic relationships in the genus *Vigna*. *Euphytica*, 111, 47- 55.
- Akçelik, E., 2018. Ankara İli Doğal Vejetasyonundan Toplanan Yabani Yonca (*Medicago sativa* L.) Popülasyonlarının Karakterizasyon Çalışmaları İle Mera Tipi Yonca Hatlarının Belirlenmesi. Doktora Tezi, Ankara Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Ana Bilim Dalı, Ankara.
- Akman, N., Aksoy, F., Şahin, O., Kaya, Ç. ve Erdoğan, Y.G., 2007. Cumhuriyetimizin 100. yılında Türkiye'nin hayvansal üretimi. Türkiye damızlık sığır yetiştiriciliği birliği yayınları No: 4, 116 s.
- Albert, V., Jonsson, B. and Bernatchez, L., 2006. Natural hybrids in Atlantic eels (*Anguilla anguilla*, A. rostrata): evidence for successful reproduction and fluctuating abundance in space and time. *Molecular Ecology*, 15, 1903–1916.
- Alhasnawi, A.N., Alasadiy, Y.D.K. and Doni, F., 2024. Assessment of the genetic diversity in plants using molecular markers: a review and perspective. *Tropical Agriculture*, 101(1), 120-134.
- Altındal, D. ve Akgün, İ., 2018. Isparta ve Burdur Lokasyonlarından Toplanan Ekmeklik Buğday Genotiplerinin Verim ve Verim Özelliklerinin Belirlenmesi. *Süleyman Demirel Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi 1. Uluslararası Tarımsal Yapılar ve Sulama Kongresi*, Özel Sayısı, 357-367.
- Andrabi, S.M., Rehman, W., Reshi, Z.A., Nashi, A.R. and Ganie, A., 2012. *Sanguisorba minor* Scop. (*Rosaceae*), A New Addition to the Indian Flora. *Taiwania*, 57(4), 410-412.
- Ankom, 2004. The ankom 200 fiber analyzer. Fairport, NY. <http://www.ankom.com>.

- Anonim, 2001. Tarım ve Köy İşleri Bakanlığı, Koruma ve Kontrol Genel Müdürlüğü, Tohumluk Tescil ve Sertifikasyon Merkezi Müdürlüğü. Tarımsal Değerleri Ölçme Denemeleri Teknik Talimatı. Yeşil Alan Çim Bitkileri, 9, Ankara.
- Anonim., 2019. Bitkisel ve Hayvansal Üretim İstatistikleri. T.C. Başbakanlık Türkiye İstatistik Kurumu.
- Anonymous, 1951. Australia C.S.I.R.O. Third Annual Report, p.167.
- AOAC, O.,1990. Medicinal Methods of Analysis. Association of Official Analytical Chemists, Arlington, VA.
- Arab, S.A., El Shal, M.H. and Hamed, N.M., 2015. Evaluation of some alfalfa (*Medicago sativa* L.) germplasm for yield and yield component traits. *Egyptian Journal of Agronomy*, 37(1), 69-78.
- Aravind, J., Mukesh Sankar, S., Wankhede, D.P. and Kaur, V., 2022. AugmentedRCBD: Analysis of Augmented Randomized Complete Block Designs
- Arcade, A., Anselin, F., Faivre Rampant, P., Lesage, M. C., Păques, L. E. and Prat, D., 2000. Application of AFLP, RAPD and ISSR markers to genetic mapping of European and Japanese Larch. *Theor. Appl. Genet.*, 100, 299- 307.
- Asaadi A. M. and Yazdi A. K., 2011. Ecological Characteristics dracocephalum kotschyiboiss. *In Bojnord rangelands watershed management researches* (PajouheshVa-Sazandegi), 1 (90),11-18.
- Aşçı, O. ve Acar, Z. 2018. Kaba yemlerde kalite. TMMOB Ziraat Mühendisleri Odası Yayını, Ankara.
- Avcıoğlu, R., 1978. Türkiye Hayvancılığında Yem Üretim Sorununa Yaklaşımlar. Bitki Dergisi, *Turkish Journal of Plant Science*, 5 (1), 59-72.
- Aydın, A. ve Sezen, Y., 1995. Toprak Kimyası Laboratuvar Kitabı. Atatürk Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Yayınları, No: 174, Erzurum.
- Ball, D.M., Collins, M., Lacefield, G.D., Martin, N.P., Mertens, D.A., Olson, K.E., Putnam, D.H., Undersander, D.J. and Wolf, M.W., 2001. Understanding forage quality. American Farm Bureau Federation Publication 1-01, Park Ridge, USA, p: 21.
- Basaran, U., Gulumser, E., Kardes, Y.M., Dogrusoz, M. C. and Mut, H., 2022. Grain Yield And Nutritional Quality Of Different Rye Genotypes. *Turk J Field Crops*, 27(2), 200-207.
- Basheer-Salimia, R., Shtaya, M., Awad, M. and Hamdan, Y., 2013. Genetic diversity of Palestine landraces of faba bean (*Vicia faba*) based on RAPD markers. *Genet Mol Res*, 12 (3), 3314–3323
- Bıçakçı, E. ve Balabanlı, C., 2016. Çoklu Melez Parsellerinde Yer Alan Yonca Genotiplerinin Tohum Tutma Özelliklerinin Belirlenmesi. *Süleyman Demirel Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi*, 20(3), 587-591.
- Buckland, S.M., Grime, J.P., Hodgson, J.G. and Thompson, K., 1997. A comparison of plant responses to the extreme drought of 1995 in northern England. *Journal of Ecology*, 85, 875-883.
- Buxton, D.R., 1996. Quality related characteristics of forages as influenced by plant environment and agronomic factors. *Anim. Feed Sci. Technol.* 40, 109-119.
- Cacan, E., Kokten, K. and Koc, A. 2023. Determination of High Yield and Quality Sainfoin Genotypes (*Onobrychis viciifolia* Scop.) for the Bingöl Province of Turkey. *KSU J. Agric Nat*, 26 (3), 619-628.

- Carlson, J. E., Adams, C. A. and Holsinger, K. E. 2016. Intraspecific variation in stomatal traits, leaf traits and physiology reflects adaptation along gradients in a South African Shrub. *Annals of Botany*, 117, 195–207.
- Cavan, G., Potier, V. and Moss, S. R., 2000. Genetic diversity of weeds growing in continuous wheat. *Weed Res.*, 40, 301-310.
- Chen, F. S., Niklas, K. J., Chen, G. S. and Guo, D., 2012. Leaf traits and relationships differ with period as well as among species groupings in a managed Southeastern China forest landscape. *Plant Ecology*, 213, 1489–1502.
- Chowdhury, M.A., Vandenberg, B. and Warkentin, T., 2002. Cultivar identification and genetic relationship among selected breeding lines and cultivars in chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Euphytica*, 127, 317–325.
- Cockayne, L., 1921. An economic investigation of the montane tussock-grassland of New Zealand. *IXX. Further details regarding the Earnsclough (Central Otago) palatability experiment. New Zealand Journal of Agriculture*, 21, 324-334.
- Cruz-Cruz, C.A., González-Arno, M.T and Engelmann, F., 2013. Biotechnology and conservation of plant biodiversity. *Resources*, 2(2), 73-95
- Cullen, J., 1972. *Sanguisorba* L. In flora Turkey and the East Aegean Island. Edinburgh University Press.
- Dangi, R.S., Lagu, M.D., Choudhary, L.B., Ranjekar, P.K. and Gupta, V.S., 2004. Assessment of genetic diversity in *Trigonella foenum-graecum* and *Trigonella caerulea* using ISSR and RAPD markers. *BMC Plant Biology*, 4,13.
- Davis, P. H., 1970. Flora of Turkey and East Aegean islands. Vol.3. Edinburgh Uni. Press. UK.
- Davis, P.H., 1970, *Trifolium* L. In: Davis PH (ed.) Flora of Turkey and the East Aegean Islands. Vol. 3. pp. 384- 448. Edinburgh: Edinburgh University Press.
- Demir, İ., 1990. Genel Bitki Islahı. E. Ü. Ziraat Fakültesi Yayınları No 496: 366 s. E.Ü.Z. F. Ofset Atölyesi İzmir.
- Demiralay, İ., 1993. Toprak Fiziksel Analiz Yöntemleri. Atatürk Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Yayınları. No: 143, Erzurum, 111-120.
- Demirbağ, N.Ş., Özkan, U and Sevimay, C. S., 2014. The Effects of Different Reaping Periods on Different Lesser Burnet Cultivars to the Feed Efficiency and Herbage Yield under Conditions of Central Anatolia. *Journal of Applied Biological Sciences*, 8 (3), 21-27.
- Doran, T., 2020. Farklı çayır düğmesi genotiplerinin ot verim ve ot kalite özelliklerinin belirlenmesi. Yüksek lisans tezi. Erciyes Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü. Kayseri.
- Douglas, G.B., 1991. Establishment and early regrowth of Sheep's Burnet (*Sanguisorba minor* ssp. *Muricata* (spach) briq). Massey University Palmerston North New Zealand.
- Douglas, G.B., Robertson, A.G., Chu, A.C.P. and Gordon, I.L., 1990. Establishment and growth of sheep's burnet in the lower North Island of New Zealand. *N. Zealand J. of Agric. Res.* 33(3), 385-394.
- Earl, D, and Von, H.B., 2012. Structure Harvester: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conservation Genetics Resources*, 4, 359–361.
- Ehdaie, B. Ve Waines J.G., 1989. Genetic Variation, Heritability and Path Analysis of Bread Wheat from Southwestern Iran. *Euphytica*, 41, 183-190.

- Erbeyi, B., 2017. Bursa ekolojik koşullarında bazı yonca (*medicago sativa* l.) Çeşitlerinin ot verimi ve kalite özelliklerinin belirlenmesi. Yüksek Lisans Tezi, Tarla Bitkileri Ana Bilim Dalı, Bursa.
- Ermiş, E.E., 2021. Aydın koşullarında farklı kişniş (*Coriandrum sativum* L.) genotiplerinin bazı tarımsal özellikleri ile uçucu yağ kalitesinin belirlenmesi. Doktora Tezi, Adnan Menderes Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Ana Bilim Dalı, Aydın.
- Erol, S., 2019. Bursa İli'nden Toplanan Yonca (*Medicago sativa* L.) Genotiplerinde Verim ve Verim Komponentleri Arasındaki İlişkilerin Korelasyon ve Path Analizi İle Belirlenmesi. Yüksek Lisans Tezi, Bursa Uludağ Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Bursa.
- Ertan, A., 2015. Performance of four blue melilot (*Melilotus caeruleus* (L.) Desr.) lines grown at two locations in the Thrace region of Turkey. *Range Mgmt. & Agroforestry*, 36 (2), 122-127.
- Ertuş, M.M., Sabancı, C.O. ve Şensoy, S., 2016. ISSR Primerleri ile Kültürü Yapılan Bazı Yonca (*Medicago sativa* L.) Ekotiplerinde Moleküler Farklılıkların Belirlenmesi. *Tarla Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsü Dergisi*, 25 (Özel sayı-1), 249-254.
- Ertuş, M.M., Sabancı, C.O. ve Zorer Çelebi, Ş., 2012. Van ve çevresinde yetiştirilen yerel korunga (*Onobrychis sativa*) çeşitlerinin bazı özelliklerinin belirlenmesi. *Yüzüncü Yıl Üniversitesi Tarım Bilimleri Dergisi*, 22(3),165-172.
- Federer, W.T., 1956. Augmented (or Hoonuiaku) designs. Cornell University Mimeo. *Biometrics*, BU-74-M, New York.
- Federer, W.T., 1961. Augmented designs with one-way elimination of heterogeneity. *Biometrics*, 17(3), 447-473
- Frate, C.A. and Davis, R.M., 2008. Alfalfa Diseases and Management. Irrigated Alfalfa Management for Mediterranean and Desert Zones, Summers, C.G. and Putnam, D.H., Editors, University of California, Division of Agriculture and Natural Resources, Publication: 8296, Oakland, California, USA.
- Fryer, J.L., 2008. *Sanguisorba minor*. In: Fire Effects Information System, [Online]. U.S. Department of Agriculture, Forest Service, Rocky Mountain Research Station, Available from
- Geber, M.A. and Dawson, T.E., 1997. Genetic variation in stomatal and biochemical limitations to photosynthesis in the annual plant, *Polygonum arenastrum*. *Oecologia*, 109(4), 535-546.
- Genç Lermi, A. ve Palta, Ş., 2014. Bartın ekolojisindeki *Medicago polymorpha* L.'nin bazı bitkisel özellikleri üzerine araştırma. *Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 2(2): 141-149.
- Gençkan, M. S., 1985. Çayır Mera Kültürü Amenajmanı Islahı Ege Üniv. Ziraat Fak. Yay. No. 483.
- Gençkan, M.S., Avcıoğlu, R., Soya, H. ve Doğan, O.O., 1990. Türkiye meralarının kullanımı, korunması ve geliştirilmesine ilişkin sorunlar ve çözüm yolları. Türkiye Ziraat Mühendisliği 3. *Tek. Kong*, 8-12 Ocak, Ankara.
- Genişel, H., 2013. Türkiye florası'ndaki acı çiğdem (*Colchicum* L.) yeni tür adaylarının karakterizasyonunda ISSR markörlerin kullanımı. Yüksek Lisans Tezi, İstanbul Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, İstanbul.

- Gobilik, J., Jerome, V. and David, D., 2013. Preliminary selection of some ecotypes of *Cynodon dactylon* (L.) Pers. in Sabah, Malaysia, for turfgrass use. *Journal of Tropical Biology & Conservation (JTBC)*, 10, 51-66.
- Gonzalo, J. and Bachiller, J., 2004. Forage production and economic analysis of the main types of farms in a Mediterranean agroforestry system. Land Use Systems in Grassland Dominated Regions, *Proceedings of the 20th General Meeting of the European Grassland Federation*, 21-24 Haziran 2004, Luzern, Switzerland.
- Graffis, D.W., Juergenson, E.M. and McVickar, M.H., 1986. Approved Practices In Pasture Management. The Interstate Printers and Publ. Inc.
- Guo, C. Y., Ma, L. N., Yuan, S. and Wang, R. Z., 2017. Morphological, physiological and anatomical traits of plant functional types in temperate grasslands along a large-scale aridity gradient in northeastern China. *Scientific Reports*.
- Gupta, M., Chyi, Y.S., Romero-Severson, J. and Owen, J.L., 1994. Amplification of DNA markers from evolutionarily diverse genomes using single primers of simple sequence repeats. *Theor. Appl. Genet.*, 89, 998-1006.
- Gündüz, A.Ş. ve Deniz, S., 2000. Van Gölü Havzasında üretilen kuru otların besin madde kompozisyonunun belirlenmesi. *Y.Y.Ü Vet. Fak. Dergisi*, 11(2), 76-81.
- Harlan, J.G., 1951. Anatomy of gene centers. *Amer. Nat.*, 85, 97-103.
- Harlan, J.G., 1965. The possible role of weed races in the evaluation of cultivated plants. *Euphytica*, 14, 173-176.
- Harlan, J.R., 1971. Agricultural origins: Centres and non-centres. *Science*, 174, 468-474.
- Humphreys, M.O., 2005. Genetic improvement of forage crops—Past, present and future. *Can. J. Agr. Sci.*, 143, 441-448.
- İnal, N., 2015. Kırşehir koşullarında bazı yonca (*Medicago sativa* L.) çeşitlerinin verim ve kalite özelliklerinin belirlenmesi. Yüksek lisans tezi, Ahi Evran Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Kırşehir.
- İpek A. ve Sevimay, C.S., 2002. Çayır Düğmesi (*Sanguisorba minor* Scop.)' nde azotlu gübrelemenin yem verimine ve verim özelliklerine etkisi. *Ankara Üniversitesi Tarım Bilimleri Dergisi*, 8 (4) 274-279.
- Jena, K. and Mohanty, C.R., 2020. Effect of nitrogen and phosphorus on growth and quality of Bermuda lawn grass (*Cynodon dactylon*) cv. selection 1. *The Pharma Innovation Journal*, 9(3), 56-60.
- Joshi, S.P., Gupta, V.S., Aggarwal, R.K., Ranjekar, P.K. and Brar, D.S., 2000. Genetic diversity and phylogenetic relationship as revealed by inter simple sequence repeat (ISSR) polymorphism in the genus *Oryza*. *Theor. Appl. Genet.*, 100, 1311-1320.
- Kamalak. A., Canbolat, O., Gurbuz, Y., Erol A. and Ozay, O. 2005. Effect of maturity stage on chemical composition, in vitro and in situ dry matter degradation of tumbleweed hay (*Gundelia tournefortii* L.). *Small Ruminant Research*, 58, 149-156.
- Kaplan M., Kamalak A., Kasra A. A. and Güven İ., 2014. Effect of Maturity Stages on Potential Nutritive Value, Methane Production and Condensed Tannin Content of *Sanguisorba minor* Hay. *Kafkas Üniversitesi Veterinerlik Fakültesi Dergisi*, 20(3), 445-449.
- Karabağlı, A., Alpkent, N., 1996. Türk Tarımının Avrupa Birliği Ortak Tarım Politikasına Uyumu ve Gümrük Birliği İlişkisi, MPM Yayın No: 573, Ankara.

- Karagöz, A., Zencirci, N., 2005. Variation in Wheat (*Triticum* spp.) Land races from Different Altitudes of Three Regions of Turkey. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 52, 775–785.
- Karagüzel, O., Mansuroğlu, S., Sayan, M., Yıldırım, E., 2016. Farklı doğal ekolojik koşullar ile consalida orientalis populasyonlarının büyüme ve çiçeklenme özellikleri arasındaki ilişkiler. *Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 19(2), 235-244.
- Karkanis, A. C., Fernandes, A., Vaz, J., Petropoulos, S., Georgiou, E., Ciric, A., Sokovic, M., Oludemi, T., Barros, L. and Ferreira, I.C.F.R., 2018. “Chemical composition and bioactive properties of *Sanguisorba minor* Scop. under Mediterranean growing conditions” *Food & Function Journal*, 10, 1040–1351.
- Karşlı, M., Akdeniz, H., Levendoğlu, T. ve Terzioğlu, Ö., 2005. Evaluation of the nutrient content and protein fractions of four different common vetch varieties. *Turkish Journal of Veterinary & Animal Sciences*, 29(6), 1291-1297.
- Katić, S., Mihailović, V., Milić, D., Karagić, Đ., Glamočić, D. and Jajić, I., 2007. Genetic and seasonal variations of fiber content in lucerne. In *XXVII the Eucarpia Symposium on Improvement of Fodder Crops and Amenity Grasses*, p, 130.
- Kaymak, G. Ve Acar, Z., 2020. Orman üçgülü (*Bituminaria bituminosa* L.) Genotiplerinin Tuzluluğa Dayanıklılık Düzeylerinin Belirlenmesi. *Anadolu J Agr Sci*, 35, 51-58.
- Kelsey, R.J., Nelson, A.B., Smith, G.S. and Pieper, R.D., 1973. Nutritive value of hay from nitrogen-fertilized blue grama rangeland. *J. Range Manag.*, 26(4), 292-294.
- Kendir, H., 1999. Variation in some morphological and agronomic characters of Lesser Burnet (*Sangisorba minor* Scop.). *Tarım Bilimleri Dergisi*, 5 (1), 84-88.
- Kiani, M., Memariani, F. and Zarghami, H., 2012. Molecular Analtsys of Species of *Tulipa* L. from Iran Based on ISSR Markers, *Plant Syst Evol.*, 298, 1515-1522.
- Kimura, M. and Crow, J.F., 1964. The number of alleles that can be maintained in a finite population. *Genetics*, 49: 725.
- Kojima, T., Nagaoka, T., Noda, K. and Ogihara, Y., 1998. Genetic Linkage Map of ISSR and RAPD Markers in Einkorn Wheat in Relation to that of RFLP Markers, *Theor Appl Genet*, 96, 37–45.
- Kongjaimun, A., Takahashi, Y., Yoshioka, Y., Tomooka, N., Mongkol, R. and Somta, P., 2022. Molecular analysis of genetic diversity and structure of the lablab (*Lablab purpureus* (L.) sweet) gene pool reveals two independent routes of domestication. *Plants*, 12(1), 57.
- Kozov, N.I., 1965. Trials with *Poterium sanguisorba* in Rostov province. *Herb. Abst.* 36.
- Körner, C., Bannister, P. and Mark, A. 1986. Altitudinal variation in stomatal conductance, nitrogen content and leaf anatomy in different plant life forms in New Zealand. *Oecologia*, 69, 577–588.
- Kurt, A.N. ve Başaran, U., 2022. Bazı Tek Yıllık Çim (*Lolium multiflorum* Lam.) Çeşitlerinin Ot Verimi ile Bazı Morfolojik Özelliklerinin Belirlenmesi. *OKU Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi*,5(1), 1-11.
- Kurt, A.N., 2024. Bazı Tek Yıllık Çim Çeşitlerinin (*Lolium multiflorum* L.) Yem Verim ve Kalitesi Üzerine Farklı Gübre Uygulamalarının Etkisi. Doktora Tezi, Atatürk Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Ana Bilim Dalı, Erzurum.
- Lacefield, G., Henning, J.C., Collins, M. and Swetnam, L., 1999. Quality hay production. University of Kentucky College of Agriculture. *Agr.*, 3(77), 1-4.

- Leroy, X.J. and Leon, K., 2000. A rapid method for detection of plant genomic instability using unanchored-microsatellite primers. *Plant Mol. Biol. Rep.*, 18, 283-283.
- Lewontin, R.C., 1972. The apportionment of human diversity. *Evolutionary Biol.* 6: 381–398.
- Li, F.L. and Bao, W.K., 2014. Elevational trends in leaf size of *Campylotropis polyantha* in the arid Minjiang River valley, SW China. *Journal of Arid Environments*, 108, 1–9.
- Li, L., Ou, W., Wang, Y., Peng, J., Wang, D. and Xu, S., 2022. Comparison of genetic diversity between ancient and common populations of *Docynia delavayi* (Franch) Schneid. *Gene*, 829,146498.
- Liu, B. and Wendel, J. F., 2001. Inter-simple sequence repeat (ISSR) polymorphisms as a genetic marker system in cotton. *Molec. Ecol. Not.* 1 (3): 205-208.
- Maherali, H., Sherrard, M.E., Clifford, M.H. and Latta, R.G., 2008. Leaf hydraulic conductivity and photosynthesis are genetically correlated in an annual grass. *New Phytologist*, 180(1), 240-247.
- Margaropoulos, P., 1958. Use of mountain land for pasture Greece. *Herb. Abst.* 29.
- Mazher, M., Ishtiaq, M., Maqbool, M. and Mazhar, M., 2024. Evaluation of genetic diversity and population structure of *Citrullus colocynthis* based on physiochemical and inter simple sequence repeat (ISSR) markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 1-20
- Meissner, H. H. and Paulsmeier, D. V., 1995. Plant compositional constituent affecting between plant and animal species prediction of forage intake. *Journal of Animal Science*, 73, 2447-2457.
- Mohamed, H. M., El-Assal, S., Gamal El-Din, A.K.Y. and El-Khishin, D.A., 2024. Analysis of genetic diversity and population structure in some Egyptian Berseem (*Trifolium alexandrinum*) accessions based on ISSR, SCoT and SRAP markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 1-15.
- Moreno, S., Martín, J.P. and Ortiz, J.M., 1998. Inter Simple Sequence Repeats PCR for Characterization of Closely Related Grapevine Germplasm, *Euphytica*, 101:117– 125.
- Mülayım M., Acar R. ve Demirbağ N. Ş., 2009. Buğdaygil ve Diğer Familyalardan Yem Bitkileri Kitabı. 757-764.
- NeĀ, M. 1972. Genetic Distance Between Populations. *American Naturalist*, 106, 283-292.
- NeĀ, M., 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proc Nat Acad Sci USA*, 70, 3321–3323.
- Ogle, D.G., John, I. L. and Peterson, A., 2013. Plant Guide for Small Burnet. USDA-Natural Resources Conservation Service, Aberdeen Plant Materials Center. Aberdeen, Idaho 83210.
- Okcu, M. ve Şengül, S., 2014. A Study On The Determination of The Morphological, Yield and Quality Characteristics of Some Sainfoin Species (*Onobrychis* Spp.) Native To East Anatolia. *Pakistan Journal of Botany*. 46(5): 1837-1842.
- Okcu, M., 2009. Doğu Anadolu Bölgesinde Yabani Olarak Yetişen Korunga (*Onobrychis spp.*)’Ların Teşhisi ve Bazı Özelliklerinin Belirlenmesi. Doktora tezi. Atatürk Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü. Erzurum.
- Owoahene, A.B., 1991. The nutritive value of sainfoin (*Onobrychis vicifolia*), sheeps burnet (*Sangisorba minor*) and lucerne (*Medicago sativa*). PhD Thesis, Pretoria, South Africa Universty of Pretoria.

- Öten, M ve Albayrak, S., 2018. Bazı Yonca (*Medicago sativa* L.) Genotiplerinin Kalite Özelliklerinin Belirlenmesi. *Tarla Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsü Dergisi*, 27 (2), 55–61.
- Özel, A., Koşar, İ. ve Erden, K., 2010. Farklı ekim zamanlarının kişniş (*Coriandrum sativum* L.) uçucu yağ bileşenlerine etkisi. *Harran Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 14(3), 55-62.
- Özgen M., Adak, M.S., Söylemezoğlu, G. ve Ulukan, H., 2000.Bitki genetik kaynaklarının korunma ve kullanımında yeni yaklaşımlar. *Türkiye Ziraat Mühendisliği 5.Teknik Kongresi*, 17-21 Ocak 2000, Ankara.
- Özkan, U. ve Şahin Demirbağ, N., 2016. Türkiye’de kaliteli kaba yem kaynaklarının mevcut durumu. *Türkiye Bilimsel Derlemeler Dergisi*, 9(1), 23-27.
- Panos, D. A., Sotiridas, S. and Fikas, T., 1961. Range grassland's progress in Greece. *Herb. Abst. Vol. 32. Kozov.*
- Paroda, R. S. and Arora, R.K., 1991. Plant genetic resources: General perspective. In: (eds.) *PlantGeneticResources-Conservationand Management*. pp. 1-23.IPGRI Reg. Off. New Delhi. MalhotraPub. House.New Delhi. India.
- Peakall, R. and Smouse, P.E., 2012. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—an update. *Bioinformatics*, vol 28, Oxford University Press, p 2537.
- Pritchard, J.K, Stephens, M and Donnelly, P., 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155: 945–959
- Prosperi, J.M, Jenczewski, E., Ronfort, J., 1999. The Mielgas: wild Spanish populations of alfalfa. Results of ten years of researches. *Proceedings, XIII Eucarpia Medicago spp., Perugia, Italy, 13-16 September 1999*, 1-10.
- Rao, N.K., 2004. Plant genetic resources: Advancing conservation and use through biotechnology. *African J. Biotech.* 3: 136–145
- Richards, L.A., 1954. *Diagnosis and Improvement of Saline and Alkali Soils*. Department of Agriculture, Handbook, No: 60 United States.
- Rohlf, F.J., 1997. *Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System*. Department of Ecology and Evolution State University of New York Stony Brook, NY 11794-5245.
- Rohweder, D.A, Barnes, R.F. and Jorgensen, N., 1978. Proposed hay grading standards based on laboratory analyses for evaluating quality. *Journal of Animal Science*, 47, 747- 759.
- Sabancı, C.O., Ertuş, M.M. and Çelebi, Ş.Z., 2013. Collection, conservation and evaluation for forage yield of alfalfa landraces grown in East Anatolia. *Turkish Journal of Field Crops*, 18(1), 46-51.
- Saghai-Maroofof, M.A, Jorgensen, R.A., Allard, R.W., 1984. Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barley: Mendelian inheritance, chromosomal location and population dynamics. *Proc Natl Acad Sci*, 81:8014–8018.
- Sayar, M.S.,2007. Diyarbakır ekolojik koşullarında bazı yem bezelyesi (*Pisum arvense* L.) hat ve çeşitlerinin verim ve verim öğelerinin belirlenmesi üzerine bir araştırma. Yüksek Lisans Tezi, Çukurova Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Adana.
- Searle, S.R., 1965. *Computing Formulae for Analyzing Augmented Randomized Complete Block Designs*. Technical Report BU-207-M, Cornell University, New York.
- Serin, Y., 2006. Çayır Mera Yem Bitkileri Danışma Kurulu. Ön Çalışma Raporu. Denizli.

- Severoglu, S. and Gullap, M.K., 2023. Determination of Feed Yield and Quality Parameters of Bermudagrass (*Cynodon dactylon* L. (Pers.)) Populations Collected from Natural Flora. *Agronomy*, 13 (1471), 1-12.
- Shoostari, L., Pour-Aboughadareh, A., Etmnan, A., Ghorbanpour, M. and Bocianowski, J., 2024. Genetic diversity and population structure of Iranian oak (*Quercus* spp.) accessions based on ISSR and CDBP markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 1-13.
- Soil Survey Division Staff, 1993. "Soil Survey Manual." Soil Conservation Service. Department of Agriculture, Handbook, No: 18. United States.
- Soufflet-Freslon, V., Araou, E., Jeauffre, J., Thouroude, T., Chastellier, A., Michel, G. and Foucher, F., 2021. Diversity and selection of the continuous-flowering gene, RoKSN, in rose. *Horticulture Research*, 8,76.
- Spehar, C.R., 1994. Field screening of soya bean (*Glycine max* (L.) Merrill) germplasm for aluminium tolerance by the use of augmented design. *Euphytica*, 76(3), 203-213.
- Sun, G., Bond, M., Nas, H., Martin, R. and Dong, Z., 2003. RAPD polymorphism in spring wheat cultivars and lines with different level of Fusarium resistance. *Theor Appl Genet.*, 106, 1059-1067.
- Sürmen, M. and Kara, E. 2022. Forage Yield and Quality Performances of Sorghum Genotypes in Mediterranean Ecological Conditions. *ADÜ Ziraat derg*, 19(2), 331-339.
- Şehirali, S. ve Özgen, M., 1987. Bitki Genetik Kaynakları. Ankara Üniv. Ziraat Fak. Yayınları No: 1020. Ders Kitabı: 294, Ankara.
- Şehirali, S., M. Özgen, A. Karagöz, M. Sürek, S. Adak, İ. Güvenç, A. Tan, M. Burak, H. Ç. Kaymak, D. Kenar. 2005. Bitki genetik kaynaklarının korunma ve kullanımı. *TMMOB Ziraat Mühendisleri Odası VI. Teknik Kongresi*. Ankara.
- Tadesse, W. and Bekele, E., 2003. Variation and association of morphological and biochemical caharacteristics in grasspea (*Lathyrus sativus* L.). *Euphytica*, 130, 315-324.
- Talhinhas, P., Sreenivasaprasad, S., Neves-Martins, J. and Oliveira, H., 2005. Molecular and phenotypic analyses reveal association of diverse Colletotrichum acutatum groups and a low level of Colletotrichum gloeosporioides with olive. *Applied and Environmental Microbiology*, 71(6), 2987-2998.
- Tan, A., 2009. Türkiye geçit bölgesi genetik çeşitliliğinin In situ (Çiftçi Şartlarında) muhafazası olanakları. *Anadolu ETAE Dergisi*, 19 (1), 1-12.
- Tan, A., 2010. Türkiye gıda ve tarım bitki genetik kaynaklarının durumu. Gıda Ve Tarım İçin Bitki Kaynaklarının Muhafazası Ve Sürdürülebilir Kullanımına İlişkin Türkiye İkinci Ülke Raporu. ETAE Yayın No: 141. Bornova.
- Tan, M ve Temel, S., 2012. Alternatif Yem Bitkileri. Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Ders Yayınları No: 246.
- Tan, S., Mingyong, Z., Zhang, K., Xu, H. and Zhang, Q., 2013. Effects of submergence on morpho-physiological characteristics and recovery of bermudagrass (*Cynodon dactylon*). *Fresenius Environmental Bulletin*, 22, 2535-2543.
- Tansı, V. ve Anlarsal, A. E., 1991. Guneydoğu Anadolu (GAP) bölgesinde küçük çayır düğmesi (*Poterium sanguisorba* Scob.) bitkisinde en uygun biçim aralığının saptanması üzerinde bir araştırma. *Türkiye 2. Çayır Mera ve Yem Bitkileri Kongresi*, 285-291s, İzmir.
- Tausch, S., Leipold, M., Poschlod, P. and Reisch, C., 2017. Molecular markers provide evidence for a broad-fronted recolonisation of the widespread calcareous grassland

- species *Sanguisorba minor* from southern and cryptic northern refugia. *Plant Biology*, 19(4), 562-570
- Temel, S., Keskin, B., Tosun, R. ve akmakçı, S., 2021. Yazlık olarak ekilen yem bezelyesi çeşitlerinde ot verim ve kalite performanslarının belirlenmesi. *Türk Tarım ve Doğa Bilimleri Dergisi*, 8(2), 411-419.
- Tenikeciler, H.S. ve Ateş, E., 2020. Determination of seeding rate in the blue melilot (*melilotus caeruleus* (l.) Desr.) For forage yield and some quality features under subtropical conditions. *Turk J Field Crops*, 25(2), 161-167.
- Tepe, I. and Kaplan, M. 2020. Herbage Yields And Quality Traits Of Different Sainfoin Genotypes. *Current Trends in Natural Sciences*, 9 (17), 83-88.
- Thivierge, M.N., Jégo, G., Bélanger, G., Bertrand, A., Tremblay, G.F., Rotz, C.A. and Qian, B., 2016. Predicted yield and nutritive value of an alfalfa-timothy mixture under climate change and elevated atmospheric carbon dioxide. *Agronomy Journal*, 108(2), 585-603.
- Tian, M., Yu, G. R., He, N. P. and Hou, J. H., 2016. Leaf morphological and anatomical traits from tropical to temperate coniferous forests: Mechanisms and influencing factors. *Scientific Reports*, 6.
- Tocai, A.C, Kokeric, T., Tripon, S., Barbu-Tudoran, L., Barjaktarevic, A., Cupara, S. and Vicas, S.I., 2023. *Sanguisorba minor* scop.: an overview of its phytochemistry and biological effects. *Plants*, 12(11), 2128.
- Tokluoglu, M., 1980. Bazı ayır Düğmesi (*Sanguisorba minor* Scop.) ekotiplerinin önemli morfolojik, biyolojik, tarımsal ve sitolojik karakterleri üzerinde arařtırmalar. *Ankara Univ. Ziraat Fak.Yem Bitkileri, ayır ve Mera Kursusu*, 97s, Ankara.
- Trojanowska, R.M. and Bolibok, H., 2004. Characteristics and a comparison of three classes of microsatellite-based markers and their application in plants. *Cellular & Molecular Biology Letters*, 9, 221 – 238.
- Türk, M., Yağlıkara, S. ve Albayrak, S. 2018. Klon Parsellerinden Seçilen Bazı Yonca (*Medicago sativa* L.) Genotiplerinin Ot Verimi ve Kalitelerinin Belirlenmesi. *Süleyman Demirel Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 13 (2), 52-59.
- Ülgen, N. ve Yurtsever, N., 1995. Türkiye Gübre ve Gübreleme Rehberi (4. Baskı). T.C. Başbakanlık Köy Hizmetleri Genel Müdürlüğü, Toprak ve Gübre Arařtırma Enstitüsü Müdürlüğü Yayınları, Genel Yayın No: 209, 230.
- Valassis, V., 1957. The performance of several improved forage species on Laughlin-like soils in Western Oregon. *J. Range Management*, 10(2), 94-98.
- Van der Nest, M.A., Steenkamp, E.T., Wigfield, B.D. and Wingfield, M.J., 2000. Development of simple sequence repeat (SSR) markers in Eucalyptus from amplified inter-simple sequence repeats (ISSR). *Plant Breed*, 119, 433-436.
- Van der Nest, M.A., Steenkamp, E.T., Wigfield, B.D. and Wingfield, M.J., 2000. Development of simple sequence repeat (SSR) markers in Eucalyptus from amplified inter-simple sequence repeats (ISSR). *Plant Breed.*, 119 433-436.
- Van Soest, P. J., 1994. Nutritional ecology of the ruminant Cornell University Press.
- Van Soest, P. V., Robertson, J. B. And Lewis, B. A., 1991. Methods for dietary fiber, neutral detergent fiber, and nonstarch polysaccharides in relation to animal nutrition. *Journal of dairy science*, 74(10), 3583-3597.

- Viano, J., Masotti, V. and Gaydou, E.M., 1999. Nutritional value of Mediterranean sheep's burnet (*Sanguisorba minör* ssp. *muricata*). *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 47, 4645-4648.
- Wang, R. L., Yu, G. R., He, N. P., Wang, Q. F., Xia, F., Zhao, N. and Ge, J., 2014. Elevation-Related Variation in Leaf Stomatal Traits as a Function of Plant Functional Type: Evidence from Changbai Mountain. *China. Plos ONE*, 9.
- Wilkins, P.W., 1991. Breeding perennial ryegrass for agriculture. *Euphytica*, 52, 201–204.
- Wills, B.J., Sheppard, J.S. and Begg, J.S.C. 1987. Evaluation of alternative dryland pasture plants and browse shrubs for soil conservation in drought-prone Otago grasslands. *New Zealand Grassland Association*, 48, 115-118.
- Wu, F., Ma, S., Zhou, J., Han, C., Hu, R., Yang, X., Nie, G. and Zhang, X., 2021. Genetic diversity and population structure analysis in a large collection of white clover (*Trifolium repens* L.) germplasm worldwide. *PeerJ*, 1-17.
- Xiong, S., Zhao, Y., Chen, Y., Gao, M., Wu, L. and Wang, Y., 2020. Genetic diversity and populations structure of *Quercus Fabri* Hance in China revealed by genotyping-by-sequencing. *Ecol Evol*, 10, 8949–8958.
- Yıldırım, F. and Turan, N., 2020. Tek yıllık bazı baklagil yem bitkilerinin verim ve verim unsurları ile bazı silaj özelliklerinin belirlenmesi. *ISPEC Journal of Agricultural Sciences*, 4(3), 477-491.
- Zietkiewicz, E., Rafalski, A. and Labuda, D., 1994. Genome fingerprinting by simple sequence repeats (SSR)- anchored PCR amplification. *Genomics*, 20, 176- 183.
- Zohary, D., 1970. Centres of diversity and centres of origins. In: O. H. Frankel and E. Bennett (eds.) *Genetic Resources in Plants-Their Exploration and Conservation*. Blackwell Sci. Pub. Oxford, UK.

ÖZGEÇMİŞ

Kişisel Bilgiler	
Adı Soyadı:	Rufayi KARATAŞ
Doğum tarihi:	
Doğum Yeri:	
Uyruğu:	
Adres:	
Tel:	
E-mail:	
Eğitim	
Lise:	Cumhuriyet Lisesi
Lisans:	Atatürk Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkileri Bölümü
Yüksek lisans:	Atatürk Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Ana Bilim Dalı, Çayır Mera ve Yem Bitkileri Bilim Dalı (2015)
Doktora:	Atatürk Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Ana Bilim Dalı (2023)
Yabancı Dil Bilgisi	
İngilizce:	İyi
Almanca:	
Rusça:	
Diğer	
Üye Olunan Mesleki Kuruluşlar	
Tezden Üretilmiş Yayınlar	