

**UKUROVA NİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

DOKTORA TEZİ

Esra AKIR

**TÜRKİYE ORİJİNİLİ YABANİ GERNİK BUĞDAY (*Triticum turgidum* subsp.
dicoccoides) POPÜLASYONLARININ AGRO-MORFOLOJİK VE
MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU**

TARLA BİTKİLERİ ANABİLİM DALI

ADANA, 2015

**ÇUKUROVA ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**TÜRKİYE ORJİNİLİ YABANİ GERNİK BUĞDAY (*Triticum turgidum*
subsp. *dicoccoides*) POPÜLASYONLARININ AGRO-MORFOLOJİK VE
MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU**

Esra ÇAKIR

DOKTORA TEZİ

TARLA BİTKİLERİ ANABİLİM DALI

Bu Tez / /2015 Tarihinde Aşağıdaki Jüri Üyeleri Tarafından
Oybirliği/Oyçokluğu ile Kabul Edilmiştir.

.....
Prof. Dr. Hakan ÖZKAN
DANIŞMAN

.....
Prof. Dr. Rüştü HATİPOĞLU
ÜYE

.....
Prof. Dr. Salih KAFKAS
ÜYE

.....
Doç. Dr. Tolga KARAKÖY
ÜYE

.....
Yrd. Doç. Dr. Faheem Shehzad BALOCH
ÜYE

Bu Tez Enstitümüz Tarla Bitkileri Anabilim Dalında hazırlanmıştır.

Kod No:

**Prof. Dr. Mustafa GÖK
Enstitü Müdürü**

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

ÖZ

DOKTORA TEZİ

TÜRKİYE ORİJİNLİ YABANİ GERNİK BUĞDAY (*Triticum turgidum* subsp. *dicoccoides*) POPÜLASYONLARININ AGRO-MORFOLOJİK VE MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU

Esra ÇAKIR

ÇUKUROVA ÜNİVERSİTESİ FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ TARLA BİTKİLERİ ANABİLİM DALI

Danışman : Prof. Dr. Hakan ÖZKAN

Yıl: 2015, Sayfa: 109

Jüri : Prof. Dr. Hakan ÖZKAN

: Prof. Dr. Rüştü HATİPOĞLU

: Prof. Dr. Salih KAFKAS

: Doç. Dr. Tolga KARAKÖY

: Yrd. Doç. Dr. Faheem Shehzad BALOCH

Bu çalışmada, Türkiye'nin Güneydoğu Anadolu Bölgesi'ndeki üç alt bölgeden (Doğu-1, Batı-1, Batı2) toplanmış 38 adet yabancı gernik buğday popülasyonundan seçilen 176 genotipte popülasyon içi ve popülasyonlar arası genetik çeşitliliğini belirlemek için morfolojik özellikler incelenmiş ve SSR markörleri ile moleküler karakterizasyon yapılmıştır. İncelenen *T.dicoccoides* popülasyonlarının; bitki boyu, üst boğum uzunluğu, bayrak yaprak uzunluğu ve alanı, en üst kılçık uzunluğu, başakçıktaki 4. çiçekte kılçık uzunluğu, en alt kılçık uzunluğu, başakçık uzunluğu ve genişliği, kavuz uzunluğu, kavuz kalınlığı ve yüksekliği, lemma uzunluğu ve genişliği, kapçık uzunluğu ve genişliği, anter uzunluğu ve genişliği ve bin dane ağırlığı bakımından geniş bir varyasyon gösterdiği ve ortaya çıkan varyasyonun direk amaca uygun ıslah çalışmalarında kullanılmasının yararlı olacağı sonucuna varılmıştır. *T.dicoccoides* genotiplerinde 16 adet SSR primer çiftinin allelik varyasyonu incelenmiştir. Moleküler analizlerde yabancı gernik buğday popülasyonları birbiriyle karşılaştırıldığında; en uzak Doğu-1 ve Batı-2 popülasyonları (0.727), en yakın Batı-1 ve Batı-2 popülasyonları (0.800) arasında olduğu saptanmıştır. AMOVA (moleküler varyans analizi) sonuçlarına göre tüm genotipler arasında %85 ve üç coğrafik bölgeye ayrılan (Doğu-1, Batı-1 ve Batı-2) popülasyonların arasındaki genotiplerde varyasyonun %15 olduğu saptanmıştır. SSR verileri kullanılarak UPGMA metoduna göre yapılan dendrogramda iki ana grup olduğu, Doğu-1 bölgesindeki popülasyonların Batı-1 ve Batı-2 bölgesinden toplanan popülasyonlara genetik olarak uzak bulunduğu tespit edilmiştir. Batı-1 ve Batı-2 bölgesinden toplanan popülasyonların genetik olarak ta yakın bulunduğu saptanmıştır.

Anahtar Kelimeler: *Triticum dicoccoides*, Moleküler Karakterizasyon, Genetik Çeşitlilik

ABSTRACT

PhD THESIS

AGRO-MORPHOLOGICAL AND MOLECULAR CHARACTERIZATION OF THE WILD EMMER POPULATIONS FROM TURKEY

Esra ÇAKIR

ÇUKUROVA UNIVERSITY
INSTITUTE OF NATURAL AND APPLIED SCIENCES
DEPARTMENT OF FIELD CROPS

Supervisor : Prof. Dr. Hakan ÖZKAN

Yıl: 2015, Sayfa: 109

Jury : Prof. Dr. Hakan ÖZKAN

: Prof. Dr. Rüştü HATİPOĞLU

: Prof. Dr. Salih KAFKAS

: Assoc. Prof. Dr. Tolga KARAKÖY

: Asst. Prof. Dr. Faheem Shehzad BALOCH

In this study, Morphological characteristics of 176 genotypes of *Triticum dicoccoides* selected from the 38 populations collected from the three subregions (East-1, West-1 and West-2) of Southeastern Anatolia Region of Turkey were studied, and they were molecularly characterized by using SSR markers. The aim of the study was to determine genetics diversity among the populations as well as in the populations.

The populations studied showed great variations in plant height, peduncle length, flag leaf length and area, length of the uppermost awn in the spikelet, awn length in the forth flower of the spikelet, length of the lowermost awn in the spikelet, length and width of the spikelet, length, width and height of the glume, length and width of the lemma, length and width of the palea, length and width of the anther and 1000 seeds weight. From the results related to the morphological data, it was concluded that the great variations determined among the populations could be used in the breeding programmes. Allelic variations of 16 SSR primer pairs in the 176 genotypes of *T. dicoccoides* were examined. According to the results of the molecular data, the populations collected from the subregions East-1 and West-2 were genetically most distant (0.727) populations while the populations collected from the subregions West-1 and West-2 were genetically most similar (0.800) populations. According to the results AMOVA, there were a variation of 85 % among the all genotypes studied while the variation among the populations of the three subregions was 15 %. In the dendrogram obtained by using SSR data, the populations formed two main groups. Populations from the subregion of East-1 were in the first group, and the populations from the subregions of West-1 and West-2 were in the second group. From the dendrogram, it was appeared that the populations from the subregion of East-1 were genetically distant from the populations from the subregions of West1 and West-2. The populations from the subregions of West-1 and West-2 were genetically similar with each others.

Key Word: *Triticum dicoccoides*, Molecular Characterisation, Genetic Diversity

TEŞEKKÜR

Çalışmamın her aşamasında yardımlarını esirgemeyen ve bana “Türkiye Orijinli Yabani Gernik Buğday (*Triticum turgidum subsp. dicoccoides*) Populasyonlarının Moleküler Karakterizasyonu” konulu doktora tezini veren yapıcı ve yönlendirici fikirleri ile bana daima yol gösteren danışman hocam Sayın Prof. Dr. Hakan ÖZKAN’a sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Doktora Tez İzleme Komitesi üyesi Sayın Prof. Dr. Rüştü HATİPOĞLU ve Sayın Prof. Dr. Salih KAFKAS’a, çalışmamın tüm aşamalarında yönlendirici ve olumlu katkılarından dolayı değerli hocalarım Sayın Yrd. Doç. Dr. Faheem Shehzad BALOCH’a ve Sayın Doç. Dr. Tolga KARAKÖY’e teşekkür ederim.

Doktoraya başlama aşamasında bana eğitim hakkının her birey için olduğunu vurgulayarak destek veren merhum Sayın Prof. Dr. Ahmet Can ÜLGER hocama sonsuz teşekkürlerimi sunarım, mekanı cennet olsun.

Laboratuvar çalışmaları sırasında değerli bilgilerini ve desteğini esirgemeyen arkadaşım Kimyager Ahmad ALSALAH’a, tezimin yürütülmesi sırasında beni yüreklendiren Biyolog Enver ANDEDEN, Muazzez ANDEDEN, Selvihan SERT, Öncü MARACI, Berivan GÜNGÖR, Mustafa TOPU, Ahmet Can DİVİTOĞLU, Zir. Yük. Müh. Aysun GEDİK, Zir. Yük. Müh. Selma KAYA, Dr. Gönül ÖZGENTÜRK, Ar. Gör. Tuncay ÇALIŞKAN ve bölüm görevlisi Mehmet Ali DOĞAN’a canı gönülden teşekkür ederim.

Tezim süresince bana destek veren başta eşim Zir. Yük. Müh. Bülent ÇAKIR olmak üzere çok kıymetli oğlum Toprak ÇAKIR’a, nefes almaya başladığım andan itibaren yaşamımın her anında dualarını ve sevgisini eksik etmeyen annem Necmiye SAYILGAN ve babam Cengiz SAYILGAN’a yürekten teşekkür ederim.

İÇİNDEKİLER

SAYFA

ÖZ	I
ABSTRACT.....	II
TEŞEKKÜR.....	III
İÇİNDEKİLER	IV
ÇİZELGELER DİZİNİ	VI
ŞEKİLLER DİZİNİ	VIII
SİMGELER VE KISALTMALAR.....	X
1. GİRİŞ	1
2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR	7
3. MATERYAL VE METOD	21
3.1. Materyal	21
3.1.1. Yabani Gernik (<i>T. turgidum</i> ssp. <i>dicoccoides</i>) Buğday Popülasyonları ...	21
3.1.2. Deneme Yılı ve Yeri	27
3.1.3. Deneme Yerinin İklim Özellikleri	27
3.2. Metod	28
3.2.1. Ekim, Bakım ve Hasat İşleri	28
3.2.2. Denemede İncelenen Morfolojik ve Tarımsal Özellikler	30
3.2.3.1. DNA İzolasyonu	32
3.2.3.2. DNA Konsantrasyonunun Belirlenmesi	35
3.2.3.3. SSR Analizi.....	36
3.2.4. Verilerin Değerlendirilmesi	39
4. BULGULAR VE TARTIŞMA	41
4.1. Morfolojik ve Tarımsal Özelliklerin Karakterizasyonu	41
4.1.1. Büyüme Habitusu, Koleoptil Rengi, Kulakçık rengi, Tüylülük	41
4.1.2. Yabani Gernik Buğday (<i>T.turgidum</i> ssp. <i>dicoccoides</i>) Popülasyonlarında Morfolojik Özellik Varyasyonu	45
4.1.3. Doğu-1 Yabani Gernik Buğday (<i>T.turgidum</i> ssp. <i>dicoccoides</i>) Popülasyonlarında Morfolojik Özellikleri	51

4.1.4. Batı-1 Yabani Gernik Buğday (<i>T.turgidum</i> ssp. <i>dicoccoides</i>)	
Popülasyonlarında Morfolojik Özellikleri	57
4.1.5. Batı-2 Yabani Gernik Buğday (<i>T.turgidum</i> ssp. <i>dicoccoides</i>)	
Popülasyonlarında Morfolojik Özellikleri	61
4.1.6. Doğu-1 Batı-1 ve Batı-2 Yabani Gernik Buğday (<i>T. turgidum</i> ssp. <i>dicoccoides</i>) Popülasyonlarının Morfolojik Özelliklerinin Karşılaştırılması	66
4.1.7. İncelenen Özellikler Arasında Saptanan Korelasyon Katsayısı.....	74
4.2. SSR DNA Analizleri	77
4.2.1. Yabani Gernik Buğday Genotiplerinin Moleküler Karakterizasyon	77
4.2.2. Doğu-1 Yabani Gernik Buğday Genotiplerinin Moleküler Karakterizasyon	80
4.2.3. Batı-1 Yabani Gernik Buğday Genotiplerinin Moleküler Karakterizasyonu	82
4.2.4. Batı-2 Yabani Gernik Buğday Genotiplerinin Moleküler Karakterizasyon	84
4.2.5. Doğu-1 Batı-1 ve Batı-2 Bölgelerine Ait Yabani Gernik Buğday Genotiplerinin SSR Analizlerine Göre Karşılaştırılması.....	86
4.2.6. Moleküler Varyasyon (AMOVA) Analizi	88
4.2.7. Doğu-1 Batı-1 ve Batı-2 bölgelerine ait Yabani Gernik Buğday Genotipleri Arasındaki Genetik Benzerlik Değerleri	90
5. SONUÇLAR VE ÖNERİLER.....	95
KAYNAKLAR	97
ÖZGEÇMİŞ	109

ÇİZELGELER DİZİNİ

SAYFA

Çizelge 3.1.	İncelenen 38 yabancı gernik buğday (<i>T. turgidum ssp. dicoccoides</i>) popülasyonuna ait toplanma yeri ve bölgesi, yükseklik, enlem ve boylam değerleri.....	22
Çizelge 3.2.	Adana İli Kasım 2010 Haziran 2011 Dönemleri ve Bu Dönemlere Ait Uzun Yıllar (1983-2012) Ortalaması İklim Değerleri.....	27
Çizelge 3.3.	Araştırmada Kullanılan SSR Primerlerinin Adı, DNA Dizilimleri ..	38
Çizelge 4.1.	Denemede Kullanılan Tüm Yabancı Gernik Buğday Populasyonlarının Büyüme Habitusu, Tüylülük, Koleoptil Rengi, Kulakçık Rengi ve Anter Rengi	44
Çizelge 4.2.	Yabancı Gernik Buğday (<i>T. turgidum ssp. dicoccoides</i>) Popülasyonlarının Morfolojik Özellikleri İle İlgili İstatistiksel Değerler	45
Çizelge 4.3.	Doğu-1 Yabancı Gernik Buğday (<i>T. turgidum ssp. dicoccoides</i>) Popülasyonlarından Elde Edilen Genotiplerde Morfolojik Özelliklerle İlgili İstatistiksel Değerler	52
Çizelge 4.4.	Batı-1 Yabancı Gernik Buğday(<i>T. turgidum ssp. dicoccoides</i>) Popülasyonlarına ait Genotiplerde Saptanan Morfolojik Özelliklerle İlgili İstatistik Değerler	57
Çizelge 4.5.	Batı-2 Yabancı Gernik Buğday (<i>T. turgidum ssp. dicoccoides</i>) Popülasyonlarına Ait n Genotiplerde Morfolojik Özelliklerle ilgili İstatistik Değerler Varyasyonu.....	62
Çizelge 4.6.	Yabancı Gernik Buğday (<i>Triticum turgidum ssp. dicoccoides</i>) Populasyonlarının Ortalamalarının Morfolojik Özellik Varyasyonu Karşılaştırılması	73
Çizelge 4.7.	Araştırmada İncelenen Yabancı Gernik Buğday Populasyonlarının Arasında Hesaplanan Korelasyon Katsayıları.....	76
Çizelge 4.8.	Yabancı Gernik Buğday (<i>T. turgidum ssp. dicoccoides</i>) Populasyonlarında Kullanılan Primerlere Ait Allel Büyüklüğü (Al.Bü), Allel Sayısı (Na), Shannon Sabiti (I), Genetik Çeşitlilik	

	(GÇ), Beklenilen Heterozigotluk (uHe) ve Polimorfik Bilgi İçeriği (PBİ) Shannon Sabiti (I), Genetik Çeşitlilik (GÇ), Beklenilen Heterozigotluk (uHe) ve Polimorfik Bilgi İçeriği (PBİ)	78
Çizelge 4.9.	Doğu-1 Bölgesinde Dağılım Gösteren Yabani Gernik Buğday (<i>T. turgidum ssp. dicoccoides</i>) Populasyonlarına Ait Bulunan AllelBüyükülüğü (Al.Bü), Allel Sayısı (Na), Shannon Sabiti (I), Genetik Çeşitlilik (GÇ), Beklenilen Heterozigotluk (uHe) ve Polimorfik Bilgi İçeriği (PBİ)	81
Çizelge 4.10.	Batı-1 Yabani Gernik Buğday (<i>T. turgidum ssp. dicoccoides</i>) Populasyonlarına Ait Allel Büyükülüğü (Al.Bü), Allel Sayısı (Na), Shannon Sabiti (I), Genetik Çeşitlilik (G.Ç), Beklenilen Heterozigotluk (uHe) ve Polimorfik Bilgi İçeriği (PBİ)	83
Çizelge 4.11.	Batı-2 Bölgesinde Dağılım Gösteren Yabani Gernik Buğday (<i>T.turgidum ssp. dicoccoides</i>) Populasyonlarına Ait Bulunan AllelBüyükülüğü, Allel Sayısı (Na), Shannon Sabiti (I), Genetik Çeşitlilik (G.Ç), Beklenilen Heterozigotluk (uHe) ve Polimorfik Bilgi İçeriği (PBİ)	85
Çizelge 4.12.	Doğu-1, Batı-1 ve Batı-2 Bölgesinden Toplanan Yabani GernikBuğday GenotiplerineAit Ortalama Allel Sayısı (Na), Shannon İndeks Değeri (I), Genetik Çeşitlilik (G.Ç), Beklenilen Heterozigotluk (uHe) ve Polimorfik Bilgi İçeriği (PBİ)	86
Çizelge 4.13.	Yabani Gernik Buğday (<i>T. turgidum ssp. dicoccoides</i>) Populasyonlarının MolekülerVaryans (AMOVA) Analizi	88
Çizelge 4.14.	Populasyonlar Arasındaki Genetik Uzaklık ve Benzerlik Katsayıları	90
Çizelge 4.15.	Tüm Bölgelerden Toplanan Yabani Gernik Buğday Populasyonları Temel Bileşen Koordinat Yüzdeleri.....	91

Şekil 1.1. Ekmeklik ve Makarnalık Buğdayın Prehistorik Taş Devrinden Günümüze Uzanan Evrim Süreci (Peng ve ark., 2011)	3
Şekil 3.1. Çalışmada kullanılan <i>T. turgidum</i> ssp. <i>dicoccoides</i> popülasyonlarının Güneydoğu Anadolu Bölgesindeki yayılış	24
Şekil 3.2. Yabani gernik (<i>T. turgidum</i> ssp. <i>dicoccoides</i>) buğday popülasyonlarının Doğu-1, Batı-1ve Batı-2 toplanma alanına ait genel görünüm	26
Şekil 3.3. Yabani gernik (<i>T. turgidum</i> ssp. <i>dicoccoides</i>) buğday popülasyonlarının viyollere ekimi, araziye şaşırtılması, kendilemenin yapılması ve hasat	29
Şekil 3.4. Öğütülmüş yaprak örnekleri üzerine CTAB eklenmesi ve sıcak su banyosunda 1 saat bekletilmesi.....	33
Şekil 3.5. Kloroform-izoamil alkol eklenmiş örneklerin iki faza ayrılması için santrfüj yapılması.....	33
Şekil 3.6. DNA'nın bulunduğu üst fazın alınması, isoproponol eklenmesi ve soğuk isoproponol eklenmiş örneklerde DNA'nın çökelme aşaması	34
Şekil 3.7. Örneklerin %76 amonyum asetat ile yıkanması ve kurumaya bırakma	35
Şekil 4.1. AMOVA (Analysis of Molecular Variance) % Sonuçları	89
Şekil 4.2. Yabani Gernik Buğday Populasyonları Temel Bileşen Koordinatları.....	91
Şekil 4.3. UPGMA Analizine Göre Oluşturulmuş Dendogram	92

SİMGELER VE KISALTMALAR

ABI	: Applied biosystems
AMOVA	: Analysis of Molecular Variance
BBU	: Beklenen bant uzunluğu
bç	: Baz çifti
°C	: Santigrat derece
cm	: Santimetre
CTAB	: Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide
dk.	: Dakika
ddH ₂ O	: Double destile su
dATP	: Deoksi adenzin trifosfat
dCTP	: Deoksi sitidin trifosfat
dGTP	: Deoksi guanozin trifosfat
dTTP	: Deoksi timidin trifosfat
DNA	: Deoksiribonükleik asit
EDTA	: Etilen daimin tetra asetik asit
6-FAM	: 6-Carboxyfluorescein
g	: Gram
GÇİ	: Genetik Çeşitlilik İndeksi
HCl	: Hidroklorik asit
kb	: Kilo baz
ISSR	: Inter simple sequence repeat
λ	: Lamda
LIZ	: Size standart
M	: Molar
Mbp	: 1 Milyon baz çifti
μ l	: Mikrolitre
μ M	: Mikromolar
mm	: Milimetre
mM	: Milimolar

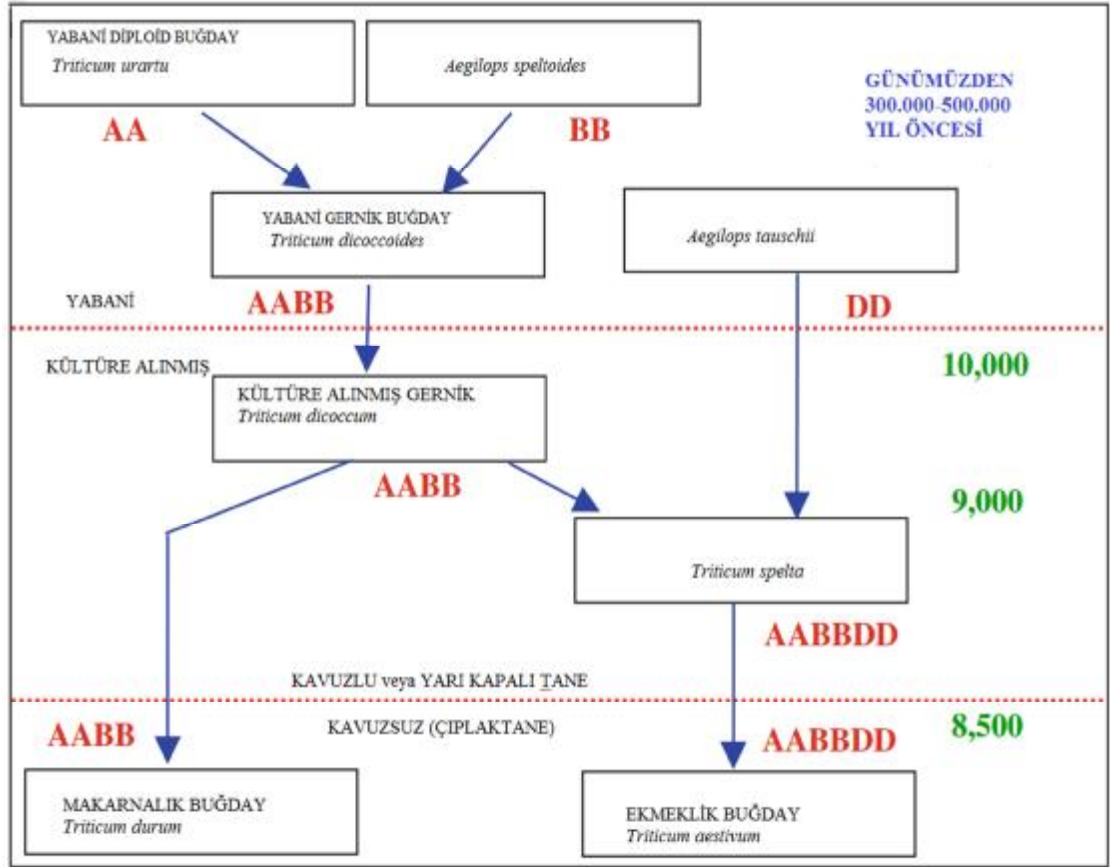
NaCl	: Sodyum klorür
Na ₂ S ₂ O ₅	: Sodyum metabisülfid
ng:	: Nanogram
P	: Fosfor
PBI	: Polimorfizm bilgi içeriđi
PCR	: Polimeraz Zincir Reaksiyonu
PCoA	: Principal Coordinate Analysis
PVP	: Polivinilpirolidon
RAPD	: Random Amplified Polimorphic DNA
RFLP	: Restriction fragment lenght polymorphism
rpm	: Revolutions per minute
s	: Saniye
SNP	: Single nucleotide polymorphism
SSR	: Simple sequence repeat
Taq	: <i>Thermus aquaticus</i>
TBE	: Tris-Borikasit-EDTA tampon çözeltisi
Tris-HCl	: Tris hidroklorür
UPGMA	: Unweighted Pair Group Method with Aritmetic Average

1. GİRİŞ

Buğday grubu olarak adlandırılan *Triticum* ve *Aegilops* cinsleri, Poaceae (Gramineae) familyasının Triticeae oymağına girmektedir. *Triticum* cinsi, kromozom sayısına göre diploid ($2n=14$), tetraploid ($2n=28$) ve hekzaploid ($2n=42$) olmak üzere üç gruba ayrılır (Feldman ve ark., 1988). Kültürü yapılan buğdaylar; bir diploid (*T. monococcum* ssp. *monococcum*, $2n=14$, AA), iki tetraploid (*T. turgidum* ssp. *dicoccoides*, $2n=28$, AABB ve *T. timopheevii*, $2n=28$, AAGG) ve bir hekzaploid (*T. Aestivum*, $2n=42$, AABBDD) olmak üzere dört türden oluşur (Shizuka ve ark., 2015). Kullanım alanlarına göre bu türler farklı şekilde sınıflandırılabilirler. Hekzaploid buğdaylar ekmek ve pasta yapımında, tetraploid buğdaylar ise makarna yapımında yoğun olarak kullanılmaktadır. Diploid buğdayların ise günümüzde herhangi bir kullanım alanı bulunmamaktadır. Buğday insan beslenmesi için gerekli olan kalori ve proteinin önemli bir kısmını karşılamakta olup, dünya nüfusunun % 35'ini oluşturan yaklaşık 40 ülkenin temel gıda maddesidir (Atlı ve ark.,1999). İnsanların değişen tüketim alışkanlıkları ve gelişen teknolojiye bağlı olarak, buğday ürünleri çeşitlenmiş ve tüketici istekleri de değişmiştir. Buğdayın en yaygın tüketim şekilleri un, ekmek, makarna, irmik, bisküvi, bulgur ve eriştedir. Dünya'da ve Türkiye'de bu ürünlerin dışında geleneksel ürünler, tatlılar, nişasta vb. amaçla da tüketimi yapılmaktadır (Atlı ve ark.,1999).

Modern ekmeklik ve makarnalık buğdaylarda genetik varyasyonun oldukça sınırlı olması buğday ıslahçıların farklı gen kaynaklarına yönlendirmiştir. Özellikle son yüzyılda abiotik ve biotik stres faktörleri buğday tarımını olumsuz etkilemeye başlamıştır. Söz konusu faktörlerin neden olduğu verim azalmalarını en aza düşürmek için ilk önce 'Yerel Buğday' çeşitlerine kurtarıcı gözüyle bakılmış, ancak bundan istenen netice alınamayınca da yabancı gen kaynakları üzerinde durulmaya başlanmıştır. Buğday için en önemli gen kaynağı *Aegilops* cinsi içinde yer alan tür ve alt türler ile *Triticum* cinsi içinde bulunan diploid ve tetraploid seviyedeki yabancı progenitörlerdir. Özellikle 1909 yılında Aaronsohn tarafından Carmel dağında (İsrail) bulunan yabancı gernik (*T. turgidum* ssp. *dicoccoides*) 1960 yılından sonra doğrudan buğday ıslahında kullanılmaya başlanmıştır. Bu yabancı buğday kültüre

alınmadan önce o zamanlar avcı olan insanlar tarafından toplanmakta ve elde edilen tohumlar gıda olarak kullanılmaktaydı. Yabani gernik buğdayının başak eksenini kırılıcı olup, olgunlaşınca başak kırılmakta ve başakçıklar dağılmaktadır. Bu şekilde yabani gernik türü neslinin devamlılığını garanti altına almaktadır. Yabani gernik buğdayı (*T.turgidum* ssp. *dicoccoides*) morfolojik olarak kırmızı/beyaz çiçek rengine sahip olup, iki danelidir. Buğdayın anası olarak adlandırılan yabani gernik, hem tetraploid buğdayın progenitörü hemde ekmeklik buğdaydaki A ve B genomlarının vericisidir (Şekil 1.1). Dolayısıyla makarnalık ve ekmeklik buğday ile melezlendiğinde sırasıyla fertil ve yarı fertil döller elde edilmekte ve kromozomlarının parça değişimiyle istenilen genler makarnalık ve ekmeklik buğday çeşitlerine kolaylıkla aktarılabilir. Bugüne kadar yapılan çalışmalarda yabani gerniğin makarnalık ve ekmeklik buğday için mükemmel bir gen kaynağı olduğu tespit edilmiştir. Yabani gerniğin ekmeklik ve makarnalık buğday için gen kaynağı olabileceği özellikler; a) Agronomik özelliklerdeki genetik varyasyon (çimlenme, erkencilik, azot içeriği, verim, biomass vb.) (Nevo ve ark., 1984, Grama ve ark., 1987a, 1987b), b) Aminoasit içeriği (Nevo ve Beiles,1992), c) Protein içeriği (Gerchter-Amitai ve Grama, 1977; Grama ve ark.1983; Avivi 1978 ve Avivi 1979; Nevo ve ark., 1986a, 1995; Levy 1987; Levy ve Feldman,1987) d) depo proteinleri ve HMW glutenin alt üniteleri (Nevo ve Payne, 1987; Felsenburg ve ark., 1991; Pagnotta ve ark.,1995; Nevo ve ark.,1995) e) Hastalıklara dayanıklılık: külleme (Moseman ve ark., 1984; Nevo ve ark., 1985), kahverengi pas (Moseman ve ark., 1985), sarı pas (Nevo ve ark., 1986b) kara pas (Nevo ve ark., 1991) f) tuza toleranslılık (Nevo ve ark., 1992a, 1993a), g) Herbisitlere dayanıklılık (Snape ve ark., 1991a, 1991b; Nevo ve ark., 1986b) h) Amilaz içeriği (Nevo ve ark., 1993b) ve i) Mikro besin elementleri (Çakmak ve ark., 2000) olarak sayılabilir. Avivi (1978) İsrail'in farklı ekolojik yerlerinden toplanan *T. turgidum* ssp. *dicoccoides* populasyonlarında yapmış olduğu SDS-PAGE analizinde hem populasyonlar içinde hem de populasyonlar arasında HMW glutenleri bakımından allelik varyasyonların olduğunu ve bunların buğday ıslahında kullanılabileceğini bildirmiştir.



Şekil 1.1. Ekmeklik ve Makarnalık Buğdayın Prehistorik Taş Devrinden Günümüze Uzanan Evrim Süreci (Peng ve ark., 2011)

Bitkiler arasındaki genetik çeşitliliğin belirlenmesinde ve bunların tanımlanmasında ilk önce morfolojik ve sitolojik markörler kullanılmış, daha sonra ise biyokimyasal markörler geliştirilmiştir. Son zamanlarda ise yoğun olarak DNA'nın doğrudan kullanıldığı DNA moleküler markörleri kullanılmaktadır (Scarano ve ark., 2002). Moleküler markörler, bitki popülasyonundaki çeşitlilik veya o popülasyondaki genotipler arasındaki ilişkilerin tespitinde %100'e yakın güvenilirlikle kullanılabilir. DNA moleküler markörlerinden; bitki sistematğinde, ıslahında ve gen kaynaklarının değerlendirilmesinde etkin olarak yararlanılmaktadır (Gülşen ve Mutlu, 2005).

Moleküler markörler PCR temelli ve hibridizasyon temelli olmak üzere ikiye ayrılırlar. Hibridizasyon temelli moleküler markörlerin masraflı ve yavaş olması PCR'a dayalı markörlerin geliştirilmesine neden olmuştur. Mikrosatellitler, ökaryotik

türlerin genomlarında ard arda tekrarlanan ikili, üçlü, dördlü, beşli nükleotid kümesi halindeki DNA uzantılarıdır. Örneğin (AT)_n; (GC)_n; (ATT)_n gibi. Bu tekrarlar bireyden bireye farklılık gösterir ve tekrar sayısı yani “n” deki değişimler aynı lokusta genotipler arasında farklı uzunluktaki PCR ürünlerine yol açmaktadır. Mikrosatellitlerin kodominant ve kararlı markör sistemi olması, tekrarlanabilir ve otomasyona uygun olması, az miktarda DNA gerektirmesi, bazen çoklu allel vermesi ve yüksek polimorfizm göstermesi (Powell ve ark., 1996) yöntemin avantajları arasında yer alırken, bu markörlerin geliştirilmesi için DNA dizilim bilgisine ihtiyaç duyulması, türe spesifik markör olması ve kullanılacak primerlerin belirlenmesi için ön çalışma yapılması zorunluluğu nedeniyle maliyetli bir yöntem (Goulao ve ark., 2001) olması ise dezavantajları arasında yer almaktadır. SSR (Simple Sequence Repeats) markörleri polimorfizm seviyesi düşük olan türlerde çeşitlerin ayırt edilmesinde ve genetik haritaların oluşturulmasında son derece etkin bir şekilde kullanılmaktadır (Staub ve ark., 1996).

Üzerinde yoğun çalışmaların yapıldığı ve insanlık için çok önemli olan buğdayın ilk kültüre nerede alındığı sorusu birçok bilim adamı tarafından üzerinde durulan bir konudur. Özellikle son yıllarda çok hızlı bir şekilde gelişen biyoteknolojik yöntemler, bu sorunun cevabını verecek düzeydedir. İnsanlığın ilk yerleşim yeri olan ve bazı baklagillerle buğday ve arpanın ilk kültüre alındığı yer olarak kabul edilen Ürdün, İsrail, Suriye, Lübnan ve Türkiye’nin Güneydoğu Anadolu bölgesini içine alan ve ‘verimli hilal’ olarak tanımlanan yer bu konuda çalışan araştırmacıların ilgi merkezi olmuştur. Ürdün, İsrail ve Suriye’de yabani gerniğin (*T.turgidum* ssp. *dicoccoides*) surveyi yapılmış olup, veriler düzenli bir şekilde muhafaza edilmiştir. Ancak ülkemiz için hem survey yeterli derecede yapılmamış hem de toplanan gen kaynaklarının detaylı bir kaydı tutulmamıştır. Ülkemiz buğdaygillerin gen merkezlerinden birisidir. Özellikle ülkemizin Güneydoğu Anadolu bölgesi hem diploid buğdayın hem de tetraploid buğdayın ilk kültüre alındığı bölgedir (Özkan ve ark., 2002; 2005; Kilian ve ark., 2007). Bundan dolayı bu bölgenin gen kaynakları bakımından iyi karakterize edilmesi ve elde edilecek sonuçların, hem gen kaynaklarının değerlendirilmesinde hem de ileride yapılacak yerinde korumada (*in situ*) kullanılması önemlidir. Bu çalışma; 2003-2006

yılları arasında Güneydoğu Anadolu bölgesinden toplanmış olan yabani gernik buğday popülasyonlarını morfolojik ve moleküler olarak karakterize etmek ve kayıt altına almak amacıyla yürütülmüştür.

2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

Tez konusu ile ilgili olarak daha önce yürütülen bazı araştırmalara ilişkin bulgular aşağıda kronolojik olarak verilmiştir.

Avivi ve ark. (1983), *T. turgidum* var. *durum* cv. Inbar ile yüksek protein oranına sahip (% 23-27) 4 adet yabancı makarnalık buğday genotipini (*T. turgidum* var. *dicoccoides*) melezleyerek elde ettikleri 4 adet melez kombinasyonunda danede protein oranını araştırdıkları çalışmada, incelenen F₂ melez populasyonlarının her birinde protein oranı yönünden dağılımın farklılık gösterdiğini, bu durumun kültür çeşitlerinin sahip olduğu düşük protein oranına neden olan genlerin yeterince etkisini gösterememesinden kaynaklandığını bildirerek; protein oranı için saptanan kalıtım derecesinin oldukça yüksek (%64-74) olduğunu, bunun bitki ıslahında yüksek protein içeriğine sahip bitkilerin seçiminde etkin olacağını, diğer bir ifade ile seleksiyon etkinliğini arttıracak ve yabancı makarnalık buğday genotiplerinde protein oranının bir çok gen tarafından kontrol edildiğini bildirmişlerdir. İlave olarak araştırmacılar bu melez kombinasyonlarının F₆ kademesinde seçtikleri 9 ileri hattı arazi koşullarında test ettiklerini, tüm hatlarda protein oranının %18 ile %23 arasında değiştiğini, ancak kontrol çeşidinde protein oranının %15.6 olarak saptandığını, seçilen iki adet ileri hattın kontrole göre daha yüksek dane verimi verdiğini rapor etmişlerdir. Çalışma sonucunda, yabancı gen kaynaklarının protein oranını yükseltmeye yönelik buğday ıslahı programlarında başarılı bir şekilde kullanılabileceğinin ortaya çıktığını bildirmişlerdir.

Nevo ve ark. (1984), İsrail'in farklı ekolojik bölgesinden toplanan ve daha önce yapılan çalışmalarla hem allozim analizlerine tabi tutulan (Nevo,1982) hem de hastalıklara dayanıklılık yönünden incelenen (Moseman ve ark., 1983a, 1983b; Nevo ve ark., 1984a, 1984b) yabancı emmer populasyonlarının (*Triticum dicoccoides*) tarımsal açıdan önemli fenotipik özelliklerini incelemek ve karşılaştırmak için yürüttükleri çalışmada; çimlenme, erkencilik, biyolojik verim ve verim unsurlarını içeren yaklaşık 10 özelliği incelemişlerdir. Denemelerin üç yıl boyunca farklı ekolojik bölgeleri yansıtmaları bakımından hem yağışlı (Carmel Dağı, Haifa) hem de kurak (Negev Çölünün kuzeyinde, Avedat Çiftliği ve SedeBoqer) bölgelerde

kurulduğunu, incelenen özelliklerin bölgelere göre farklılık gösterdiğini ve genotip x çevre interaksiyonunun önemli bulunduğunu bildirerek, söz konusu yabancı makarnalık buğday popülasyonlarının incelenen fenotipik özellikler bakımından önemli varyasyona sahip olduğunu ve bu varyasyonun buğday ıslahında kullanılabileceğini rapor etmişlerdir.

Nevo (1986), abiyotik ve biyotik stres faktörlerine karşı dayanıklı buğday gen kaynaklarının yoğun olarak Verimli Hilal ve Verimli Hilal bölgesi içerisinde bulunan İsrail'de saptandığını rapor etmiştir. Yapmış olduğu biyokimyasal analizler (allozim) ve morfolojik analizler sonucunda İsrail'in farklı bölgelerinden toplanan yabancı makarnalık buğday popülasyonlarında genetik varyasyonun oldukça yüksek olduğunu ve bunların da amaca uygun makarnalık buğday ıslahında kullanılabileceğini bildirmiştir.

Flavell ve ark. (1986), İsrail'in farklı ekolojik bölgelerinden toplanmış 12 yabancı makarnalık buğday popülasyonunu temsil eden 112 adet bitkide ITS bölgesini inceledikleri çalışmada, incelenen bölge için popülasyonların homojen dağılım gösterdiğini ve genetik çeşitliliğin düşük bulunduğunu rapor etmişlerdir.

Kato ve ark. (1997) yürüttükleri araştırmada, İsrail'den toplanan yabancı emmer buğday popülasyonlarının vernalizasyona karşı reaksiyonları ve erkencilik açısından coğrafi dağılımlarını araştırmışlardır. Her iki özellik bakımından popülasyon içi ve popülasyonlar arasında önemli varyasyonlar gözlemlemişlerdir. Vernalizasyon gözlemleri sonucunda, Tabigha bölgesinden toplanan 2 genotipin yazlık büyüme özelliğine sahip olduğunun saptandığını rapor ederek, mevcut yabancı emmer genotiplerini kendi içinde; yazlık tip, orta yazlık tip, alternatif tip ve mutlak kışlık tip olmak üzere 4 farklı gruba ayırmışlardır. Tabigha'dan toplanan popülasyonlar dışındaki popülasyonlarda, kışlık genotiplerin sıklıkla görüldüğünü, ancak yazlık genotiplerin dağılımının seyrek olduğunu ve bu tip genotiplerin ılıman bölgelerle sınırlı bulunduğunu bildirmişlerdir. Bundan dolayı, yazlık yabancı emmer genotiplerinin ılıman bölgeye adapte olmuş kışlık genotiplerden evrimleşmiş olabileceğini rapor etmişlerdir. İsrail'in farklı ekolojik bölgelerinden toplanmış olan yabancı emmer popülasyonlarında vernalizasyona duyarlılık bakımından popülasyonlar arası ve popülasyon içinde saptanan varyasyonun her yabancı emmer

popülasyonunun yetiştiği koşullarla ilgili olduğunu ifade etmişlerdir. Bundan dolayı da çevresel faktörlerin İsrail'deki yabani emer popülasyonlarında genetik farklılaşmayı sağladığını bildirmişlerdir. Aynı zamanda yabani emmer popülasyonlarında erkencilik yönünden önemli farkların (32.9 ile 69.5 gün) olduğu, ancak bu farklılığı basit olarak çevresel faktörlerle açıklamanın çok zor olduğunu bildirmişlerdir.

Kato ve ark. (1998), yürüttükleri araştırmada İsrail'in farklı ekolojik bölgelerinden toplanan yabani emmer popülasyonlarında başaklanma tarihi bakımından varyasyonu araştırmışlardır. Çalışma sonucunda inceledikleri 404 yabani emer genotipinde başaklanma tarihinin 6 Nisan ile 8 Mayıs arasında değiştiğini, popülasyon içi ve popülasyonlar arası varyasyonların bulunduğunu rapor etmişlerdir. Eko-coğrafik değişkenlerle başaklanma tarihi arasında yapılan korelasyon analizinin sonucunda; geç başaklanan yabani emer genotipleri daha soğuk ve nemli şartlara adapte olurken, erken başaklanan yabani emer genotiplerinin daha ılık ve daha kuru şartlara adapte olduğunu saptandığını bildirmişlerdir. Popülasyonlar arası varyasyonun yaklaşık üçte ikisinin yükselti, yağış, sıcaklık, nem ve buharlaşma olarak ifade edilen eko-coğrafik değişkenlerden kaynaklandığını, popülasyon içi varyasyonun ise çoğunlukla sıcaklık ve su faktörlerinden kaynaklandığını saptamışlardır. Araştırmacılar, İsrail'in batı kısmında yetişen yabani emer popülasyonlarının uniform olduğunu, ancak ülkenin kurak bölgesi olan güney bölgesinde varyasyonun daha geniş olduğunu rapor etmişlerdir.

Li ve ark. (2000), İsrail'in Kuzeyindeki Galilee Denizinin Ammiad mikro-ekolojik bölgesinde bulunan *Triticum dicoccoides* doğal popülasyonunda 28 mikrosatellit lokusu çalışarak, genetik çeşitliliği araştırmışlardır. Bu mikro-ekolojik bölgeyi dört ana habitata (Kuzey, Vadi, Tepe ve Karst) ayırmışlar ve ayrıca 9 alt habitata bölmüşlerdir. Bu şekilde tanımlanmış kısımların ekolojik bakımdan önemli seviyede farklılıklar gösterdiğini belirtmişlerdir (özellikle toprak örtüsüyle birlikte, yakınlık ve kayaların yüksekliği erken yağmurlar sonrası oluşan yüzey toprak nemi gibi faktörler açısından). Elde etmiş oldukları sonuçlara göre; mikrosatellit lokuslarının allel dağılımının rastgele olmadığını ve habitatlar ile ilişkili olduğunu saptamışlardır. Dört ana habitat ve dokuz alt habitat boyunca önemli genetik

farklılaşmalar ve tekrarlanan sayılarda çeşitlenmeleri bulmuşlardır. Karst alt populasyonlarında habitata özgü ve tek alleller ile linkage (bağlanım) dengesizlikleri gözlemlemişlerdir. Daha kuru habitat ve alt-habitatlarda yaşayan *Triticum dicoccoides* populasyonlarının mikrosatellit lokusları bakımından daha yüksek genetik çeşitlilik gösterdiğini ifade etmişlerdir. Bu sonuçlara dayanarak kuraklıkla bağlı bulunan SSR markörlerinin bulunabileceğini ileri sürmüşlerdir.

Li ve ark (2000), İsrail'in 3 farklı bölgesinden (Galilee Denizi'nin kuzeyinden; Ammiad, Tabigha ve Yehudiyya) toplamış oldukları *Triticum dicoccoides* popülasyonlarını 27 adet SSR primer çifti ile moleküler düzeyde karakterize ederek, genetik çeşitliliği, mevcut genetik çeşitliliğin ekolojik parametrelerle ilişkilerini araştırdıkları bir araştırmada, genetik çeşitliliğin ekolojik faktörlerle bir etkileşim içinde olduğunu, makarnalık buğdayın A ve B genomlarının en azından çalışılan SSR bölgeleri için bu ekolojik faktörlerden farklı düzeyde etkilendiğini, popülasyonlar arasında yetiştirme yerine göre, diğer bir ifade ile toprak yapısına göre moleküler analizler sonucunda bir farklılığın bulunduğunu, bu farklılıkların da çevresel faktörlerden kaynaklandığını rapor etmişlerdir.

Li ve ark. (2000), İsrail Galilee Denizi'nin kuzeyinde Tabigha'nın mikro-ekolojik bölgesinden toplanan terrarossa ve bazalt gibi birbirine zıt iki ayrı toprakta yetişen iki *Triticum dicoccoides* alt-populasyonu arasındaki ardışık dinükleotit tekrarlı DNA bölgelerindeki genetik farklılığın incelenmesi için yirmi sekiz mikrosatellit markörü kullandıkları bir çalışmada, terrarossa topraklarının yetiştirme mevsimi boyunca (Kasım'dan Mayıs'a kadar) bazalt topraklarına göre daha kuru olduğunu, iki tür toprakta yetişen emmer buğdayları arasında allel dağılımında, tekrar uzunluğunda, genetik çeşitlilikte ve linkage dengesizliklerinde mikrosatellit analizler sonucu farklılıkların bulunduğunu, yapmış oldukları permütasyon testi ile iki alt-popülasyon arasında mikrosatellit lokuslarında önemli derecedeki farklılığın farklı toprak tiplerine adaptasyon ile açıklanabileceğini bildirmişlerdir.

Li ve ark. (2002), Galilee Denizi'nin kuzeydoğusundaki Yehudiyya bölgesinde bulunan 1) ağaçlar arasındaki açık, güneşli alan, ve 2) ağaç tac bölgesi altında gölgeli alan olmak üzere iki mikro bölgeden topladıkları 105 *Triticum dicoccoides* genotipinde 28 mikrosatellit lokusu kullanarak genetik çeşitliliği

inceledikleri çalışmada, yaptıkları SSR analizleri sonucunda toplanma bölgelerine göre genotipler arasında genetik farklılık bulunduğunu, bunun da üzerinde çalışılan genotiplerin yetiştiği mikro bölge ile ilişkili olduğunu belirtmişlerdir.

Fahima ve ark. (2002), İsrail ve Türkiye'nin toprak, sıcaklık ve su bakımından farklılık gösteren ve bu ekolojik şartları geniş ölçekte temsil eden 15 yabani emmer (*Triticum dicoccoides*) buğday popülasyonunda (135 genotip) 20 mikrosatellit kullanarak genetik çeşitliliği inceledikleri bir çalışmada, oldukça yüksek bir genetik çeşitliliğin bulunduğunu, çalışmada kullanılan 20 adet SSR primer çiftinin ortalama 18 allel (aralık 5-26) verdiğini, toplamda 364 allel elde edildiğini, her bir popülasyon için polimorfik lokus oranının ortalama 0.90 (aralık: 0.45-1.00); genetik çeşitliliğin (GÇ) ortalama 0.50 (aralık 0.094-0.736); ve Shannon'un bilgi indeksi ortalamasının 0.84 (aralık 0.166-1.307) olarak bulunduğunu rapor ederek, popülasyonlar arasındaki genetik uzaklığın popülasyonlar arası coğrafi uzaklık ile herhangi bir bağlantısının bulunmadığını rapor etmişlerdir.

Li ve ark. (2003), Galilee Denizi'nin kuzeydoğusundaki Yehudiyya bölgesinde bulunan gölgeli ve güneşli mikro alanlardan toplamış oldukları yabani makarnalık buğday popülasyonlarını 28 adet SSR primer çifti ile analiz etmiş, analiz sonucunda yabani makarnalık buğday popülasyonlarının yetiştirildiği bölgelerin, güneşli ya da gölge olmasının mutasyon oranını farklı şekilde etkileyebildiğini ve bunun da incelenen yabani makarnalık buğday popülasyonlarında SRR lokusları bakımından bir genetik çeşitliliğe neden olduğunu rapor etmişlerdir.

Tanyolaç ve ark. (2003), Ülkemizin Güneydoğu Anadolu Bölgesinden toplanan 17 yabani emer popülasyonu arasındaki genetik farklılıkları incelemek için yürüttükleri çalışmada, genomik analizler için 11 RFLP klonu ve 4 restriksiyon enzimi kullanılmışlar ve enzim-probe kombinasyonundan toplam 151 polimorfik lokus tespit etmişlerdir. Genetik uzaklık değerlerinin 0.019 (Gaziantep-3 ve Şanlıurfa-4) ve 0.200 (Gaziantep-1 ve K.Maraş) değerleri arasında değiştiğini, Gaziantep-1 popülasyonunun tek ve genetik olarak diğer 16 popülasyondan farklı olduğunu, popülasyonlar arası ortalama genetik uzaklık sonuçlarına dayanarak; çalışmadaki 17 popülasyon arasında genetik varyasyonun dar bulunduğunu tespit etmişlerdir.

Medini ve ark. (2005), Tunus orijinli makarnalık buğday koleksiyonunu temsil eden 34 makarnalık buğday çeşidi ve 7 akraba yabancı buğday türünü (*Triticum turgidum* L., *T. dicoccon* Schrank., *T. dicoccoides* (Körn) Schweinf., *T. araraticum* Jakubz., *T. monococcum* L., *Aegilops geniculata* Roth, ve *Aegilops ventricosa* Tausch) AFLP ve SSR markörleriyle analiz etmişler ve her iki DNA markör sisteminin makarnalık buğday çeşitlerinin yabancı buğday türlerinden ayrılmasında ve özellikle üzerinde çalışılan genotiplerin her birinin parmak izinin çıkartılmasında kullanılabileceğini bildirmişlerdir. AFLP ve SSR DNA markörleri ile yaptıkları çalışmada, iki DNA markörünün polimorfizm seviyesinin farklı olduğunu, 15 SSR markörün bütün genotipler için polimorfik olduğunu, SSR analizi sonucu 156 markörün elde edildiğini, SSR markörü başına allel sayısının 3 ile 24 arasında değiştiğini ve ortalama 1.4 olduğunu, iki SSR markörünün (XWMS47 ve XWMS268), 34 makarnalık buğday genotiplerini ayırmak için yeterli olduğunu saptamışlardır. Beş adet AFLP primer kombinasyonu kullanarak toplam 283 bant elde edildiğini, bunun %31'inin polimorfik olduğunu rapor etmişlerdir. En yüksek polimorfik bilgi içeriğinin (PIC) SSR marköründen (0.68), en yüksek markör indeksi değerinin ise AFLP marköründen (7.16) elde edildiğini saptamışlardır. Makarnalık buğdayda AFLP ve SSR verileri kullanılarak hesaplanan genetik çeşitliliğin sırasıyla %31.3 ve 81 (ort. %54.2) ve %3.6 ve 72.7 (ort. 19.9) arasında değiştiğini, iki DNA markör sistemi arasında korelasyon derecesinin $r=0.57$ olduğunu rapor etmişlerdir. SSR markörleri baz alındığında en yüksek genetik benzerlik değeri %37.3 ile yeni çeşitlerde bulunurken, en düşük genetik benzerlik %19.9 ile eski çeşitlerde saptamışlar ve düşük PIC ve MI değerlerinin de yeni çeşitlerde görüldüğünü ifade etmişlerdir. Birleştirilmiş AFLP ve SSR verileri baz alınarak yapılan UPGMA küme analizi sonucu yabancı buğday türlerinin makarnalık buğday çeşitlerinden ayrıldığını, aynı zamanda yeni çeşitlerin eski çeşitlerden ayrılarak farklı bir grup oluşturduklarını saptamışlardır.

Özkan ve ark. (2005), makarnalık buğdayın nerede kültüre alındığını, veya hangi yabancı makarnalık buğday popülasyonunun kültürü yapılan makarnalık buğday çeşidine daha yakın olduğunu belirlemek için, Verimli Hilal bölgesinde dağılım gösteren yabancı makarnalık buğday örneklerini kullanarak bir çekirdek koleksiyonu

oluşturduklarını, bu kolleksiyonu AFLP DNA markörü kullanarak analiz ettiklerini, analiz sonucunda 169 adet polimorfik markör bulduklarını, elde ettikleri DNA verilerini kullanarak yapmış oldukları UPGMA ve PCo analizi sonucunda Verimli Hilal bölgesi içinde iki farklı yabancı makarnalık populasyonunun bulunduğunu, bu grupların birincisinin İsrail, Suriye, Lübnan ve Ürdün bölgelerini kapsadığını, diğer grubun ise Türkiye'nin Güneydoğu Anadolu bölgesi ile kısmen İran ve Irak bölgelerini kapsadığını, çalışma sonucunda özellikle makarnalık buğdayın Türkiye orijinli yabancı makarnalık buğday popülasyonlarından kültüre alındığının ortaya çıktığını rapor etmişler, özellikle Türkiye'nin Gaziantep ve Diyarbakır bölgeleri arasında kalan bölgelerin kültüre alınmada önemli rol oynadığını ve daha detaylı bilimsel araştırmaların yapılması gerektiğini ifade etmişlerdir.

Özbek ve ark. (2007), İsrail ve Türkiye orijinli yabancı makarnalık buğday popülasyonlarında genetik çeşitliliği araştırdıkları bir çalışmada, hem İsrail'i hem de Türkiye'yi temsil eden toplam 116 genotipi yedi adet AFLP primer kombinasyonu ile moleküler olarak karakterize ettiklerini, toplam 788 adet bant elde edildiğini, bunun %48.6'sının İsrail orijinli yabancı makarnalık buğday popülasyonlarında polimorfik olurken, %40.5'inin Türkiye orijinli yabancı makarnalık buğday popülasyonlarında polimorfik olduğunu, genetik çeşitliliğin İsrail popülasyonlarında Türkiye popülasyonlarına göre daha yüksek bulunduğunu, İsrail ve Türkiye yabancı makarnalık buğday populasyonlarının önemli bir şekilde birbirinden farklılık gösterdiğini ve popülasyon içi genetik varyasyonun İsrail popülasyonlarında Türkiye popülasyonlarına göre daha yüksek saptandığını bildirmişlerdir.

Haudry ve ark. (2007), allotetraploid yapıdaki yabancı emmer buğdayının kültüre alınma sırasında, birçok demografik yayılma ve seleksiyon olayının meydana geldiğini, kültürü yapılan buğdayların o zamandan beri birçok evrimsel süreçten geçtiğini bildirmişlerdir. Araştırmacılar, kültür buğdayının evrimsel geçmişini çözümlemek ve genetik çeşitliliği üzerine etkilerini incelemek için, 4 farklı buğday türünü (*T. dicoccoides*, *T.dicoccum*, *T.aestivum* ve *T.durum*) temsil eden 101 genotipte 21 adet gen bölgesini sekansladıklarını ve bunları birlikte analiz ettiklerini, analiz sonucunda ekmeklik buğdayların iki farklı grup altında toplandığını, evrimleşme süresinin bir defaya mahsus ve bir bölgede meydana geldiği, diğer bir

ifade ile farklı yerlerde ve zamanlarda birbirlerinden bağımsız olarak kültüre almanın olmadığına ortaya çıktığını, bu araştırmada saptadıkları genetik dağılımın önceki çalışmalarda belirlenenden farklılık gösterdiğini bildirmişlerdir.

Luo ve ark.(2007), makarnalık buğdayın kültüre alınışını anlamak ve kültüre alındığı yerden dünyanın farklı coğrafyalarına gidişinin ayak izlerini belirlemek için, 277 adet yabancı makarnalık buğday genotipi, 186 adet kültürü yapılan emmer buğday genotipi ve 55 adet yerel buğday ve makarnalık buğday çeşidini 131 adet RFLP moleküler markörü ile analiz ettikleri çalışmada, yabancı makarnalık buğdayın Güneydoğu ve Kuzeydoğu populasyonları olarak iki farklı gruba ayrıldığını, yabancı makarnalık buğdayın kuzeydoğu popülasyonlarından evrimleşmiş olabileceğini, sınırlı da olsa yabancı emmer buğdayı ile emmer buğdayı arasında gen kaçışlarının olabileceğini, özellikle de makarnalık buğdayın Diyarbakır bölgesinde kültüre alınmış olma olasılığının yüksek olduğunu rapor etmişlerdir.

Khalighi ve ark. (2008), buğdayın bazı yabancı akrabaları arasındaki genetik çeşitliliği belirlemek için AFLP DNA markörü kullanarak yaptıkları çalışmada, İran'ın farklı ekolojik bölgelerinden toplanmış 5 diploid (*T. baeoticum*, *T. monococcum*, *A. umbellulata*, *A. caudata* ve *A. tauschii*), 5 tetraploid (*T. dicoccoides*, *T. dicoccum*, *A. crassa* (4X), *A. cylindrica*, *A. triuncialis*) ve 2 hekzaploid (*T. compactum*, *A. crassa*(6X)) seviyede olan 15 adet *Triticum* ve *Aegilops* türlerini kapsayan 31 adet genotipile birlikte “Langdon” makarnalık buğday çeşidi, “Roshan” yerel buğday çeşidi, “Chinese Spring” buğday çeşidi ve dört sentetik buğday genotipini 14 adet AFLP primer kombinasyonu ile moleküler olarak karakterize ettiklerini, AFLP analizi sonucunda 414 adet bandın elde edildiğini, 387 (%93.5) adet markörün polimorfik olduğunu, primer çifti başına ortalama polimorfik markör sayısının 28 olarak bulunduğunu, jaccard genetik benzerlik katsayısına göre yapılan UPGMA analizinde 15 türe ait olan 31 adet genotipin türlerin genom kompozisyonunu yansıtan iki gruba ayrıldığını, birinci grupta A ve AB genomunu içeren türler yer alırken, ikinci grupta C, D, AB, CD, UC, DM, DDM ve ABD genomlarına sahip türlerin yer aldığını, Jaccard genetik benzerlik katsayısının 0.12 (*Ae. glabra* ile *T. monococcum*'un 3 numaralı genotipi arasında) ile 0.57 (*A. grassa*(6x) ile *A. grassa*(4x-6x) arasında) arasında değiştiğini rapor etmişlerdir.

Peleg ve ark. (2008 a), yabancı makarnalık buğday popülasyonlarında genomik SSR ile EST-SSR DNA markörlerinin etkinliğini araştırmak için yapmış oldukları çalışmada, 8 yabancı makarnalık buğday popülasyonu kullandıklarını, bu popülasyonları hem gSSR hem de EST-SSR primer çiftleri ile moleküler olarak analiz ettiklerini, genomik SSR primer çiftlerinden elde edilen ortalama allel sayısının EST-SSR primerlerinden elde edilen ortalama allel sayısından daha fazla olduğunu (gSSR: 14.92; EST-SSR:7.4), aynı şekilde incelenen polimorfik bilgi içeriği ve gen çeşitliliği parametrelerinde de aynı durumun belirlendiğini, sonuç olarak herhangi bir genetik çeşitlilik çalışmasında genomun farklı bölgelerini hedef almış olan gSSR ve EST-SSR DNA markörlerinin birlikte kullanılmasının popülasyonun genetik yapısının daha iyi anlaşılmasına zemin hazırlayacağını bildirmişlerdir.

Peleg, ve ark. (2008 b), yabancı makarnalık buğdayda allelik çeşitlilik ile eko-coğrafik çeşitlilik arasında nasıl bir ilişkinin bulunduğunu araştırmak için yapmış oldukları çalışmada, yabancı makarnalık buğdayı temsil eden 25 adet popülasyonu temsilen 145 genotipi 54 adet SSR primer çifti ile analiz ettiklerini, analiz sonucunda popülasyon içi varyasyonun %56, popülasyonlar arası varyasyonun ise %44 olduğunu, yapılan UPGMA analizi sonucunda 25 adet yabancı makarnalık buğday popülasyonunun kendi içinde altı farklı gruba ayrıldığını, bu gruba ayrılmada eko-coğrafik özelliklerin etkisinin bulunduğu, ancak popülasyonların kendi içinde genetik olarak farklılaşmasının nedeninin coğrafik uzaklıkla ilgili olmadığını, yıllık yağışla popülasyonların sahip olduğu allelik çeşitlilik arasında ilişki bulunduğu ($r = 0.74$, $P < 0.0002$), özellikle 350-550 mm yağış alan bölgelerden toplanan yabancı makarnalık buğday popülasyonlarında allelik çeşitliliğin yüksek bulunduğu rapor edilmiştir.

Takumi ve ark. (2009), Farklı ekolojik bölgelerden toplanmış 205 adet *Aegilops tauschii* coss genotipinin morfolojik özelliklerini araştırdıkları çalışmada, toplam 27 adet özellik incelendiğini, incelenen tüm özellikler bakımından genetik çeşitliliğin mevcut olduğunu, farklı ekolojik bölgelerden toplanan *Aegilops tauschii* genotiplerinde toplanma yerine göre anter boyu, boğum uzunluğu, başak genişliği ve uzunluğu bakımından farklılıklar olduğunu ve bu farklılıkların incelenen

popülasyonların birbirlerinden ayrılmasına temel teşkil ettiğini, örneğin; doğu bölgesinden toplanan *Aegilops tauschii* genotiplerinin anter uzunluğu küçük iken, batı bölgesinden toplanan örneklerin anter boyutlarının biraz daha iri bulunduğunu rapor etmişlerdir. Sonuç olarak araştırmacılar, *Ae. tauschii*'nin batıdan doğuya dağılma sürecinde geniş morfolojik ve genetik değişikliğin meydana geldiğini bildirmişlerdir.

Özkan ve ark. (2010), diploid ve tetraploid yabani buğday türlerine ait doğal popülasyonların genom büyüklüklerine ait varyasyonu ve bu varyasyonun ekolojik parametrelerle olan ilişkilerini araştırdıkları bir çalışmada, diploid ve tetraploid yabani buğday türlerine ait toplam 41 popülasyonunu temsil eden 376 tek bitkide 1 C komplementer DNA içeriğini FCM (Flow Cytometry) yöntemi ile saptamışlar ve ekolojik parametrelerle ilişkilendirmişlerdir. Yaptıkları varyans analizi sonucunda diploid ve tetraploid *Triticum* türleri arasında önemli farklılıkların bulunduğunu, *T. boeoticum* ve *T. dicoccoides* popülasyonları arasındaki farklılıkların istatistik olarak önemli olduğunu, ancak popülasyon içi varyasyonun istatistiki olarak önemli bulunmadığını rapor etmişlerdir. Araştırmacılar, popülasyonlar arası maksimum genom büyüklüğü farklılıklarının *T. boeoticum* için 0.143 pg (%2,32), *T. dicoccoides* için 0.314 pg (%2.49) ve *T. araraticum* için 0.116 pg (%98) olduğunu, *T. boeoticum* ve *T. dicoccoides* için genom büyüklüğü ile ekolojik parametreler arasında önemli bir ilişkinin olmadığını bildirmişlerdir. Tür içinde genom büyüklüğü bakımından çok sınırlı bir varyasyon saptanırken, türler arası diploid düzeyde (*T. boeoticum* *T. urartu*'ya göre) yaklaşık olarak 0.5pg/1C (%8) ve tetraploid düzeyde (*T. dicoccoides* *T. araraticum*'a göre) yaklaşık 1 pg/1C (%9.7) farklılığın saptandığını belirtmişlerdir. Sonuç olarak, diploid ve tetraploid yabani buğday türlerinde genom büyüklüğü bakımından varyasyonun çok sınırlı olduğunu ve bu sınırlı varyasyonun ekolojik parametrelerle ilişkili olmadığını, türler arası varyasyonun ise önemli olduğunu vurgulamışlardır. İncelenen türlerin, özellikle diploidleri kendi içinde, tetraploidleri kendi içinde birbirlerinden morfolojik olarak ayırt etmenin çok zor olduğunu, ancak Flowsitometri tekniği kullanarak hızlı ve çok net biçimde ayırt edilebileceğini ifade etmişlerdir.

Rawashdeh ve ark. (2010), RAPD DNA markör tekniğini kullanarak 2001 yılında toplanmış olan 30 yerel makarnalık genotipinden geliştirilmiş olan 4

makarnalık buğday çeşidini, 10 adet *Triticum dicoccoides* genotipini ve bazı çiftçiler tarafından yetiştirilen ‘Noorseh’ olarak bilinen yerel çeşitten 6 örneği kullanarak genetik çeşitliliği araştırdıkları çalışmada, 9 adet RAPD primeri kullanarak skorlanabilir 1650 bant elde ettiklerini, 257 adedinin polimorfik olduğunu, genetik benzerlik katsayısının 0.00 ile 0.45 arasında değiştiğini, en yüksek benzerlik değerlerinin; Koufranjeh ve Srabeesten bölgesinden toplanmış yerel çeşitler arasında ve siyah kılçıklı *Triticum dicoccoides* popülasyonunun iki genotipi arasında olduğunu, özellikle Srabees ve Mutahgenotipleri arasında ise hiçbir benzerliğin bulunmadığını tespit etmişlerdir. Yaptıkları RAPD analizleri sonucunda, test ettikleri makarnalık buğday ve *T. dicoccoides* popülasyonları arasında genetik çeşitliliğin var olduğunu ve bu genetik çeşitliliğin makarnalık buğday ıslahında amaca göre kullanılabileceğini bildirmişlerdir.

Dong ve ark. (2010), İsrail’in farklı ekolojik bölgesinden toplanmış olan 15 yabani emmer buğday (*Triticum dicoccoides*) popülasyonunun genetik çeşitliliğini ve popülasyon yapısını 30 SRAP primer çiftiyle araştırdıkları çalışmada, 30 SRAP primer çiftinin 438 skorlanabilir bant ürettiğini, bu bantlardan 244 adedinin polimorfik olduğunu, polimorfik lokus oranı (PLO), genetik çeşitlilik (GÇ) ve Shannon’un bilgi indeksinin sırasıyla; 0.557, 0.198, ve 0.295 olarak saptandığını, Tabigha popülasyonunun en düşük genetik çeşitliliğe sahipken, Amirim popülasyonunun en yüksek genetik çeşitliliğe sahip olduğunu rapor etmişlerdir. Araştırmacılar, yaptıkları moleküler varyans analizi ile (AMOVA) en fazla çeşitliliğin popülasyonlar içerisinde olduğunu, popülasyonlar arasındaki genetik uzaklık değerinin (GU) 0.027- 0.165 arasında değiştiğini ve ortalama değerin 0.079 olduğunu bildirerek, 14 SRAP lokusu ile 12 eko-coğrafik parametre arasında toplam 30 önemli ($P < 0.05$) korelasyonun bulunduğunu rapor etmişlerdir.

Shavrukov ve ark. (2010), yabani emmer buğdayının tetraploid buğdayların atası olduğunu ve günümüzde yüksek tuzluluğun da dahil olduğu abiyotik stres koşullarının yoğun yaşandığı bölgelerde dağılım gösterdiğini, bundan dolayı da yabani emmer buğdayının bitki ıslahında bu amaçlar için kullanılabileceğini ifade ederek, İsrail’in 9 farklı ekolojik bölgesinden topladıkları 54 yabani emmer buğday genotipi ve standart olarak 3 makarnalık ve 2 ekmeklik buğday çeşidinin su

kültüründe tuz stresine karşı dayanıklılıklarını inceledikleri araştırmada, kontrol şartlarına göre tuzlu şartlarda sürgün gelişimini (oransal kuru ağırlık) ve tuza maruz bırakılmış bitkilerin yapraklarında NA^+ birikimini gözlemlemişlerdir. Çalışma sonunda, incelenen özellikler bakımından oldukça yüksek bir varyasyonun olduğunu, orta tuzlu çözeltide gelişimini sürdürme yeteneğine sahip bazı yabancı emmer buğday genotiplerinin tesbit edildiğini bildirmişlerdir. Araştırma sonunda, yabancı emmer buğday genotiplerinin tuza dayanıklılıkta gen kaynağı olarak kullanılabileceğini bildirmişlerdir.

Sela ve ark. (2010), rekombinasyonun genetik çeşitliliği arttırmada önemli bir evrimsel faktör olduğunu belirterek, kendine döllen bitki gruplarında rekombinasyonun genetik çeşitlilik üzerine etkisinin düşük olduğu hipotezini öne sürmüşlerdir. Kendine döllen bitkilerde bu etkiyi tahmin etmek için kahverengi pasa dayanıklılık sağlayan *Lr10* geninin rekombinasyon oranı ile genetik çeşitlilik durumunu yabancı emmer buğday (*Triticum dicoccoides*) popülasyonunda çalışmışlardır. Araştırmacılar, İsrail'in 12 farklı ekolojik bölgesini temsil eden 58 adet yabancı emmer buğdayında *Lr10* genini sekansladıklarını, NBS-LRR domainde sinonim ve sinonim olmayan nükleotid eklemelerinin olduğunu, diğer dayanıklılık genlerine göre *Lr10* geninin CC domain bölgesinin genetik çeşitliliğinin NBS-LRR domain bölgesine göre daha yüksek olduğunu ve bu bölgenin pozitif seleksiyona uğradığını saptamışlardır. Belirlenen haploidler içinde 17 adet rekombinasyon olayının belirlendiğini, rekombinasyon oranlarının özellikle CC domain bölgesinde fazla olduğunu rapor etmişlerdir.

Morihiro ve Takumi (2010), buğdayın iki diploid türü olan *T.urartu* ile *T. boeoticum* arasındaki hem morfolojik hem de genetik farklılıkları belirlemek ve ileride bunların teşhisinde kolaylık sağlayacak bazı kriterler tanımlamak için yapmış oldukları çalışmada, morfolojik farklılıkları belirlemek için yaprak özellikleri ile ilgili 12 kantitatif özellik incelediklerini, çalışmada 29 adet *T. urartu*, iki adet *T. boeoticum* ve iki *T. monococcum* genotipi kullandıklarını, inceledikleri 12 kantitatif özellik sonucunda *T.uratu*'nun *T. boeoticum* ve *T. monococcum*'dan ayrıldığını ve bu kriterlerin doğal şartlar altında bu bitkileri doğada tanımlamada kullanılabileceğini rapor etmişlerdir.

Özkan ve ark. (2011), avcılıktan ve toplayıcılıktan tarıma geçişin insan toplumunun gelişiminde devrimsel sonuçlarının olduğunu ifade etmişlerdir. Güney Batı Asya’da kompleks medeniyetlerin kurulmasında buğday, arpa, mercimek, bezelye ve nohut gibi tarla bitkilerinin önemli derecede rol oynadığını bildirmişlerdir. Yabani emmer buğdayının 10.000 - 12.000 yıl önce Bereketli Hilal (Mezopotamya) denilen bölgede kültüre alınan ilk tahıllardan biri olduğunu bildirerek sonradan gelen ekmeklik buğdayın evrimi için bu aşamanın anahtar olduğunu ifade etmişlerdir. Yabani emmer buğdayının bugün Batı Mezopotamya, Ürdün, Suriye, İsrail, Türkiye’nin Güneydoğu Anadolu bölgesinde, Irak’ın doğusunda ve İran’ın batısındaki dağlık bölgede dağılım gösterdiğini bildirmişlerdir. Yapmış oldukları bu derlemede; yabani emmer buğdayının coğrafi dağılımı ve kültüre alınması konusunda daha önce rapor edilen moleküler ve arkeobotanik verileri ile yapmış oldukları araştırma sonuçlarını karşılaştırmışlar, elde ettikleri karşılaştırmalı verilere göre kültüre alınan tetraploid buğdayın Türkiye’nin Güneydoğu Anadolu bölgesindeki yabani emmer buğdayından orijin aldığını, bununla birlikte evrimleşme sürecinin halen tam anlaşılmadığını bildirmişlerdir.

Peng ve ark. (2011), insanoğlunun medeniyet tarihini anlamada anahtar faktörlerin bitkiler ve hayvanların evcilleştirilme tarihçesi olduğunu, kültürü yapılan buğdaylar içerisinde %95’inin ekmeklik (*Triticum aestivum*), %5’inin makarnalık (*Triticum durum*) olduğunu, ekmeklik buğdayların yüksek ihtimalle, 9000 yıl önce Caspian denizinin güney ya da batısında kültürü yapılan *T. dicoccum* ile yabani formdaki *Aegilops tauschii* melezlenmesinden evrimleştiğini bildirmişlerdir. Araştırmacılar, yabani emmerin günümüzde kültürü yapılan makarnalık ve ekmeklik buğdayın progenitörü olmasından dolayı buğdayın kültüre alınmasında oldukça önemli olduğunu rapor etmişlerdir. Buğdayın kültüre alınmasında sadece başak kırılgenliği, kolay harmanlanabilirlik ve sert dış kavuz yapısında değil, verim ve verim komponentlerinde de önemli ilerlemeler sağlandığını, günümüzde moleküler genetik alanındaki ileri düzey çalışmaların, mevcut evrimleşme teorilerine yenilerinin de eklenmesine neden olduğunu, *Triticum dicoccoides*’in çevresel koşullara dayanıklılık ve adaptasyon yeteneğinin yüksek olmasının, günümüzdeki modern buğdayın geliştirilmesinde temel faktör olduğunu bildirmişlerdir.

Ren ve ark. (2013), İsrail ve Türkiye'nin farklı ekolojik bölgelerini temsil eden 25 yabancı emmer buğday popülasyonunun genetik çeşitlilik ve genetik yapısını 1000 adet SNP markörü ile araştırdıkları çalışmada, SNP markörlerinin bialellik özellikleri nedeniyle genetik çeşitliliğin orta seviyede belirlenebildiğini, yapılan kümeleme analizinde elde edilen grupların yabancı emmer buğdayının coğrafi dağılımlarına göre gerçekleştiğini, SNP lokusları ile eko-coğrafik parametreler arasında önemli korelasyonların saptandığını, doğal seleksiyonun yabancı emmer buğdayında adaptasyon ile ilgili gen bölgelerinin modifiye edilmesinde temel bir rol oynadığını bildirerek, SNP markörlerinin buğdayda genetik çeşitliliği ve yapısını tanımlamada rahatlıkla kullanılabileceğini rapor etmişlerdir.

Shizuka ve ark. (2015), Türkiye orijinli yabancı makarnalık buğday popülasyonlarında kloroplast SSR markörlerini kullanarak genetik çeşitliliği inceledikleri çalışmada, Gaziantep bölgesinden toplanmış 91 adet yabancı makarnalık buğday genotipini 24 adet cSSR primer çifti ile moleküler olarak analiz etmişler, 15 adet cSSRprimer çiftinde herhangi bir polimorfizm saptanmadığını, geri kalan 9 adet cSSRprimer çiftinde polimorfik bant elde ettiklerini, cSSRprimeri başına allel sayısının 1-4 arasında değiştiğini ve ortalama allel sayısının 2.17 olduğunu, popülasyonlar için tahmin edilen genetik çeşitliliğin (H_e) 0.00 ile 0.70 arasında ve yine genetik çeşitlilik ortalamasının 0.28 - 0.29 olarak değiştiğini, toplam 23 kloroplast haplotipinin saptandığını, iki haplotipin tüm popülasyonlarda yoğun olarak görüldüğünü saptayarak, Türkiye'nin Güney bölgesinden toplanmış olan (Gaziantep) bu yabancı makarnalık buğday popülasyonlarında genetik varyasyonun oldukça yüksek olduğunu rapor etmişlerdir.

3. MATERYAL VE METOD

3.1. Materyal

3.1.1. Yabani Gernik (*T.turgidum ssp. dicoccoides*) Buğday Popülasyonları

Çalışmada, bitki materyali olarak 2004, 2005, 2006, 2007 ve 2010 yıllarında Güneydoğu Anadolu bölgesinden toplanmış olan 38 yabani gernik buğday (*T. turgidum ssp. dicoccoides*) popülasyonunu temsil eden 176 adet genotip kullanılmış olup, detaylı bilgi Çizelge 3.1’de verilmiştir.

Yabani gernik buğday popülasyonları toplanma yerine göre kendi içinde Doğu-1, Batı-1 ve Batı-2 olmak üzere üç bölgeye ayrılmış olup, detaylı bilgi Şekil 3.1’de verilmiştir. Şekil 3.1’de görüldüğü gibi Doğu-1 bölgesi ile Batı-1 bölgesi arasındaki uzaklık yaklaşık olarak 200 km iken Doğu-1 ile Batı-2 bölgesi arasındaki uzaklık yaklaşık olarak 230 km olarak belirlenmiştir. Aynı şekilde Batı-1 ile Batı-2 bölgeleri arasındaki uzaklık ise yaklaşık olarak 55 km olarak belirlenmiştir.

Doğu-1, Batı-1 ve Batı-2 bölgelerinin topografik yapısı incelendiğinde; Dicle ve Orta Fırat bölümü olmak üzere iki kısma ayrıldığı, bölgelerin yüzey şekillerinin engebeli olmadığı ve batıdan doğuya doğru gidildikçe yüksekliğin arttığı saptanmıştır.

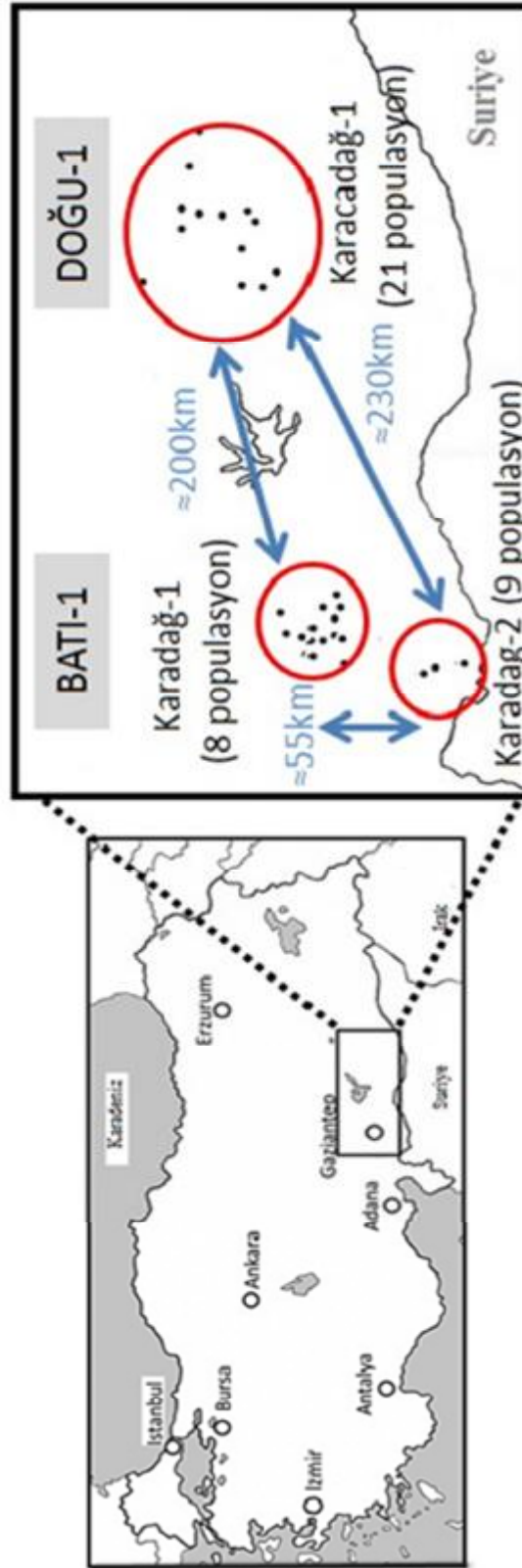
Doğu-1 bölgesinden toplanmış olan yabani gernik buğday popülasyonları; denizden yüksekliği 645 m ile 1300 m, enlem ve boyları ise sırasıyla 37°33'09" - 38°00'56" ve 39°16'34" - 40°12'14" arasında değişen, Diyarbakır’a bağlı Pirinçlik mevki, Çermik, Siverek, Azemi, Ovabağ ve Karabahçe köyü alanlarından toplanmıştır. Doğu-1 bölgesinde ikinci dağ kuşağı olan Diyarbakır sınırına yakın Karacadağ bulunur. Doğu- 1 bölgesinde bulunan Siverek ve çevresinin hemen her yerinde sönmüş Karacadağ Volkanı’nın püskürtmüş olduğu lavların soğumasından oluşan siyah taşlar görülmektedir.

Çizelge 3.1. İncelenen 38 yabancı gemicik buğday (*T.turgidum ssp. dicoccoides*) popülasyonuna ait toplanma yeri ve bölgesi, yükseklik, enlem ve boylam değerleri

Popülasyon No	Toplanma Yeri	Yayılım			Enlem	Boylam
		Bölgesi	Yükseklik	Yayılım		
2004-6-29-3-4	Diyarbakırın 24.5 km güneybatısından Ovabağa kadar	Doğu 1	780		37°47'38"	40°12'14"
2004-6-29-7-4	Ovabağın 12.9 km kuzeybatısından Pirinçliğe kadar	Doğu 1	1007		37°47'31"	39°57'18"
2004-6-29-8-5	Ovabağın 18.5 km kuzeybatısından Pirinçliğe kadar	Doğu 1	920		37°49'17"	39°59'34"
2004-6-29-9-4	Pirinçlikten 20.1 km güneybatıya	Doğu 1	1080		37°52'02"	39°51'05"
2004-6-29-10-7	Pirinçlikten 20 km güneybatıya	Doğu 1	1260		37°50'40"	39°47'58"
2004-6-29-11-4	Karabahçenin 2.9 km kuzeydoğusundan Pirinçliğe kadar	Doğu 1	1300		37°49'12"	39°46'29"
2004-6-29-13-4	Pirinçlikten 41.2 km güneybatıya	Doğu 1	1250		37°46'42"	39°44'50"
2004-6-30-1-9	Karabahçeden 6.3 km kuzeye	Doğu 1	1070		37°50'21"	39°43'23"
2004-6-30-2-8	Karabahçeden 4.6 km güneybatıya	Doğu 1	1180		37°46'19"	39°44'03"
2004-6-30-3-7	Karabahçeden 17.9 km güneybatıya	Doğu 1	1160		37°44'29"	39°42'50"
2004-6-30-4-6	Karabahçeden 21.7 km güneybatıya	Doğu 1	1235		37°42'51"	39°44'03"
2004-6-30-5-5	Karabahçeden 28.1 km güneybatıya	Doğu 1	1170		37°39'49"	39°42'49"
2004-6-30-7-6	Karabahçeden 37.9 km güneybatıya	Doğu 1	1180		37°36'27"	39°43'41"
2004-6-30-8-6	Karabahçeden 41.6 km güneybatıya	Doğu 1	1170		37°35'08"	39°44'36"
2004-6-30-9-6	Karabahçeden 48.7 km güneybatıya	Doğu 1	1030		37°33'09"	39°42'06"
2004-6-30-10-5	Karacadağdan 27.6 km güneybatıya	Doğu 1	950		37°37'40"	39°33'40"
2004-7-2-6-6	Çermiğin 30.2 km güneybatısından Sivereğe kadar	Doğu 1	800		38°00'56"	39°22'11"
2007-6-19-1	Siverek Karakeçiyolu Azemi köyü	Doğu 1	733		37°36'51"	39°20'12"
2007-6-19-2	Karakeçi yolu	Doğu 1	737		37°33'27"	39°20'35"
2007-6-19-3	Karakeçi otlağı	Doğu 1	758		37°32'22"	39°21'52"
2007-6-20-1	Siverekten 5 km Siverek Hilvan yolu	Doğu 1	645		37°42'23"	39°16'34"
2005-7-5-11-3	Türkoglundan 72 km güneydoğusu (Karadağın batısı)	Batı 1	800(853)		37°19'46"	37°16'29"

Çizelge 3.1'in Devamı.

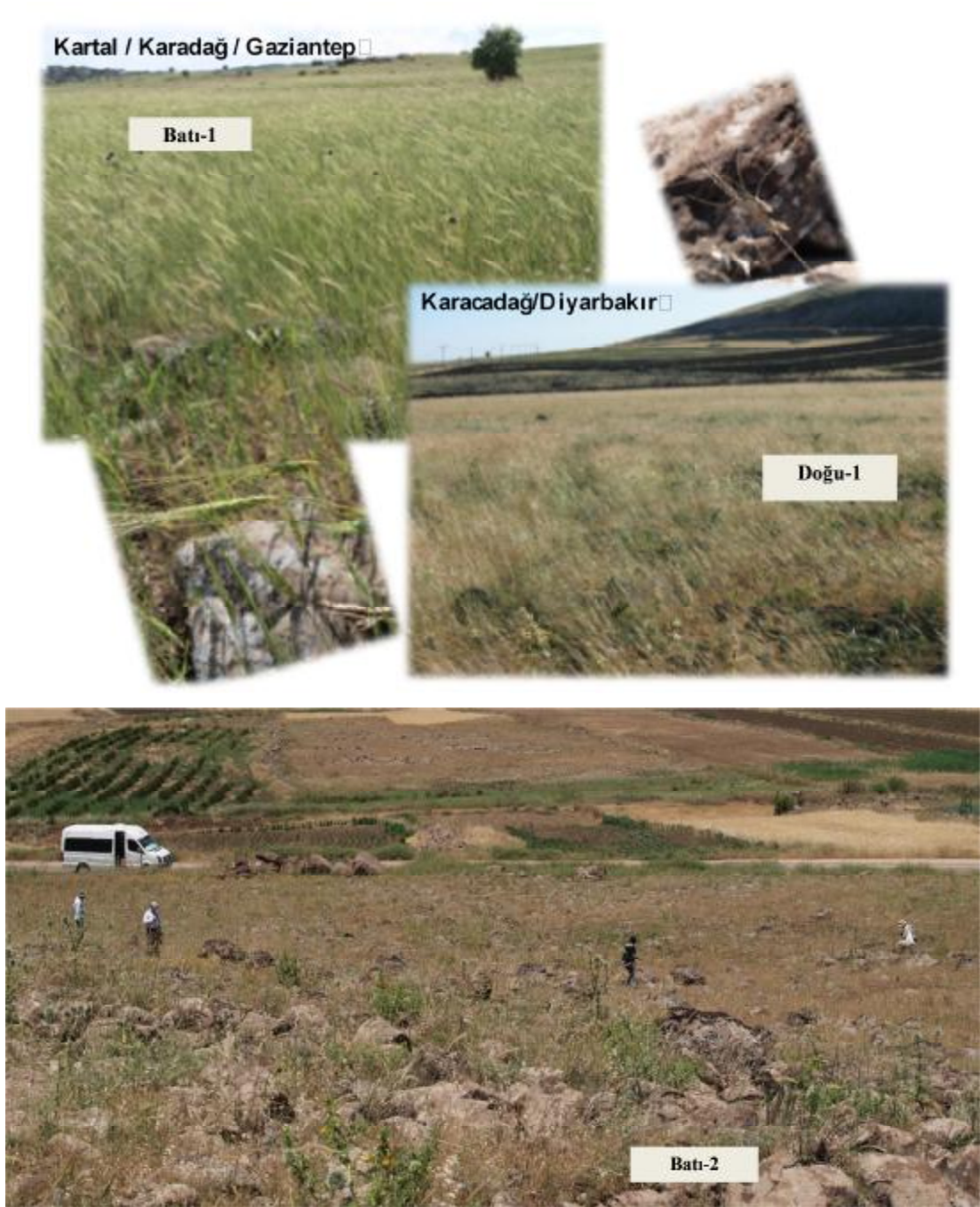
Populasyon No	Toplanma Yeri	Yayılım			
		Bölgesi	Yükseklik	Enlem	Boylam
2005-7-5-11-4	Türkoğlunun 72 km güneydoğusu	Batı 1	800(853)	37°19'46"	37°16'29"
2005-7-5-15-3	Narlının 34 km doğu güneydoğusu	Batı 1	840 (877)	37°18'53"	37°15'41"
2005-7-5-15-4	Narlının 34 km doğu güneydoğusu	Batı 1	780 (813)	37°20'12"	37°17'53"
2005-7-5-16-4	Narlının 39 km doğu güneydoğusu	Batı 1	760 (793)	37°17'06"	37°17'39"
2005-7-5-16-6	Narlının 39 km doğu güneydoğusu	Batı 1	760 (793)	37°17'06"	37°17'39"
2010-6-23-3	Kahramanmaraş Kelleş köyü Yiğitce köyü arası	Batı 1	791	37°20'25"	37°17'54"
2010-6-23-6	Gaziantep Tekirsin köyü Dünderli köyü arası	Batı 1	882	37°15'20"	37°23'26"
2006-6-20-3-4	Kilis'in 37 km kuzeydoğusundan Gaziantep'e kadar	Batı 2	830	37°20'19"	37°16'50"
2006-6-20-5-3	Kilis'in 39 km kuzeydoğusundan Gaziantep'e kadar	Batı 2	920	37°19'50"	37°18'51"
2006-6-20-7-7	Kilis'in 41 km kuzeydoğusundan Gaziantep'e kadar	Batı 2	770	37°24'23"	37°25'47"
2006-6-20-8-5	Kilis'in 42 km kuzeydoğusundan Gaziantep'e kadar	Batı 2	750	37°24'58"	37°24'50"
2006-6-21-13-1	Kilis'in 58 km kuzeydoğusundan Gaziantep'e kadar	Batı 2	720	37°16'01"	37°30'52"
2006-6-21-14-3	Kilis'in 59 km kuzeydoğusundan Gaziantep'e kadar	Batı 2	770	37°15'33"	37°29'03"
2006-6-16-8-5	Kilis'in 21 km kuzeydoğusundan Gaziantep'e kadar	Batı 2	620	36°45'52"	37°15'04"
2006-6-17-2-1	Kilis'in 24 km kuzeydoğusundan Gaziantep'e kadar	Batı 2	700	36°52'20"	37°12'12"
2006-6-17-3-5	Kilis'in 25 km kuzeydoğusundan Gaziantep'e kadar	Batı 2	830	36°33'25"	37°11'57"



Şekil 3.1. Çalışmada kullanılan *T. turgidum* ssp. *dicoccoides* popülasyonlarının Güneydoğu Anadolu Bölgesindeki yayılış

Batı-1 bölgesinden toplanmış olan yabancı gernik buğday popülasyonları; denizden yüksekliği 720 m ile 920 m, enlem ve boyları ise sırasıyla 37°15'20" - 37°24'58" ve 37°16'29" - 37°30'52" arasında değişen, Kahramanmaraş'a bağlı Keleş ve Yiğitçe köyü, Türkoğlu'nun güneydoğusu, Narlı'nın 34-39 km güneydoğusu, Kilis'in kuzeydoğusundan Gaziantep'e kadar olan bölgeler arasından toplanmıştır. Batı-1 bölgesinde, Karacadağ'ın batısındaki Şanlıurfa, Gaziantep, Adıyaman platoları Fırat ve kolları tarafından derin bir şekilde yarılmıştır ve Gaziantep platosu üzerinde Kartal dağları yükselmiştir.

Batı-2 bölgesinden toplanmış olan yabancı gernik buğday popülasyonları; denizden yüksekliği 620 - 830 m, enlem ve boyları sırasıyla 36°33'25" - 36°52'20" ve 37°11'57"-37°15'04" arasında değişen, Kilis'in kuzeydoğusundan Gaziantep'e kadar olan bölgelerden toplanmıştır. Batı-2 bölgesinin alçak kesimlerinde ve batısında bozkır görülürken, dağ yamaçları yüksek yerler ve akarsu kenarlarında orman ve çalı tipi ağaçlara da rastlanmıştır. Yabancı gernik buğday popülasyonlarının toplanma alanlarına ait genel görünüm Şekil 3.2'de verilmiştir.



Şekil 3.2. Yabani gernik (*T. turgidum ssp. dicoccoides*) buğday popülasyonlarının Doğu-1, Batı-1ve Batı-2 toplanma alanına ait genel görünüm

3.1.2. Deneme Yılı ve Yeri

Agro-morfolojik özellikleri incelemek için yabani gernik populasyonları 2010-2011 yetiştirme mevsiminde Çukurova Üniversitesi Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkileri Araştırma ve Uygulama Alanındaki tel kafese 30 Aralık 2010 tarihinde el ile ekilmiştir.

3.1.3. Deneme Yerinin İklim Özellikleri

Araştırmanın yapıldığı Adana ili, yazları sıcak ve kurak, kışları serin ve yağışlı geçen Akdeniz iklimine sahiptir. Araştırmanın yürütüldüğü dönem ve bu dönem ile ilgili uzun yıllar ortalama iklim değerleri Çizelge 3.2’de verilmiştir.

Çizelge 3.2. Adana İli Kasım 2010 Haziran 2011 Dönemi ve Bu Döneme Ait Uzun Yıllar (1983-2012) Ortalaması İklim Değerleri

Aylar	Ortalama Sıcaklık (°C)		Toplam Yağış (mm)		Nisbi Nem (%)	
	Uzun Yıllar*	2010- 2011	Uzun Yıllar	2010-2011	Uzun Yıllar	2010 -2011
Kasım	15.2	18.2	85.8	11.0	65.4	63.5
Aralık	10.9	12.7	126.3	194.5	68.4	76.9
Ocak	9.5	10.4	101.2	76.5	66.1	64.0
Şubat	10.3	11.2	86.3	92.4	64.8	60.7
Mart	13.4	13.6	62.7	107.0	65.7	65.2
Nisan	17.7	16.0	50.3	78.3	67.3	68.6
Mayıs	21.9	21.2	46.9	105.6	66.9	65.7
Haziran	25.9	25.3	15.9	49.4	68.0	67.8
Ortalama		16.1		79.8		66.6

Kaynak: Adana Meteoroloji Bölge Müdürlüğü

Çizelge 3.2’de yağış ile ilgili veriler incelendiğinde, deneme yılında denemenin yapıldığı alanın bağlı bulunduğu meteorolojik ölçüm istasyonlarına düşen toplam yağış miktarının uzun yıllar ortalamasından daha fazla olduğu; Kasım,

Aralık, Ocak, Şubat, Mart, Nisan, Mayıs aylarında düşen yağışın uzun yıllar ortalamasının üstünde olduğu görülmüştür. Çalışmanın yürütüldüğü Kasım 2010-Haziran 2011 döneminde en düşük ortalama sıcaklık Ocak ayında 10.4°C olarak kaydedilmiştir. Bitki başaklanma ve dane doldurma devresine rastlayan Mart ve Nisan aylarında düşen toplam yağış miktarı, uzun yıllar ortalamasına göre daha yüksek olmuştur.

3.2. Metod

3.2.1. Ekim, Bakım ve Hasat İşleri

Yabani gernik buğday (*T. turgidum ssp. dicoccoides*) popülasyonlarını temsil eden 176 genotipin her birisinden 10 adet başak tesadüfen seçilmiş ve bu başakların her birinden 1'er tohum alınarak viyollere ekilmiştir. Viyollerde çimlenen ve 2-3 yapraklı seviyeye gelen buğday fideleri, 1 m uzunluğundaki sıralara sıra üzeri 30 cm ve sıra arası 30 cm olacak şekilde şaşırtılmışlardır. Yabani gernik (*T. turgidum ssp. dicoccoides*) buğdayının başak kırılıcılığından dolayı başak ve başakçık kaybını önlemek, aynı zamanda %100 kendine döllenmeyi sağlamak ve tohum saflığını korumak amacıyla tüm yabani gernik buğday bitkilerinin ana başakları izolasyon poşetleri kullanılarak kendileme işlemi gerçekleştirilmiştir. Aynı zamanda her bitkiden tohum almak, başak dökülmesini en aza indirmek için, her bir bitki hava geçirgenliği olan plastik torbalar kullanılarak izole edilmiştir. Bitkiler hasat olgunluğuna ulaştıkları dönemde makas yardımıyla hasat edilmiştir (Şekil 3.3).



Şekil 3.3. Yabani gernik (*T. turgidum ssp. dicoccoides*) buğday popülasyonlarının viyollere ekimi, araziye şaşırtılması, kendilemenin yapılması ve hasat

3.2.2. Denemede İncelenen Morfolojik ve Tarımsal Özellikler

Yabani gernik (*T.turgidum ssp. dicoccoides*) buğday genotiplerinin her birisinden tesadüfen seçilen 5 adet bitkisinde aşağıda verilmiş olan özellikler Takumi ve ark. (2009) tarafından kullanılan yöntemle göre incelenmiştir.

İlk Gelişme Dönemindeki Koleoptil Rengi: Toprakta çıkan genotiplerin koleoptil rengine bakılarak mor renkli olanlar belirlenmiştir.

Kulakçık Rengi: Tüm genotiplerin vejetatif büyüme döneminde kulakçık renklerine bakılarak yeşil, mor ve beyaz olarak belirlenmiştir.

Sapta Tüylülük: Tüm genotiplerin vejetatif büyüme döneminde gövde tüylülüğüne bakılmıştır ve gövdesinde tüy olanlar saptanmıştır.

Büyüme Habitusu: Bitkilerin gelişim durumları; yatık, yarı yatık ve dik olarak belirlenmiştir.

Başaklanma Süresi: Bitkilerin çıkış tarihi ile her bitkide başakların %75'inin yaprak kınından çıkışın gözlemlendiği tarih arasındaki gün sayılarak başaklanma süresi hesaplanmıştır.

Olgunlaşma Süresi: Yabani gernik buğday populasyonundaki her bitkinin başaklanmasından itibaren danenin sarı olum dönemine eriştiği tarihe kadar geçen süre hesaplanmıştır.

Bitki Boyu (cm): Her genotipten hasat öncesi tesadüfen seçilen 5 adet bitkide, ana sapın toprak yüzeyinden başlayarak başağın ucuna kadar olan kısmın (kılçıklar hariç) uzunlukları ölçülmüş ve ortalaması alınarak cm olarak belirlenmiştir.

En Üst Boğum (Pedinkul) Uzunluğu (cm): Her genotipten 5 adet bitki belirlenerek en üst boğum uzunluğu ile başak arası cm olarak belirlenmiş ve ortalaması alınmıştır.

Bayrak Yaprak Uzunluğu (cm): Yabani gernik buğday genotiplerinde pher genotipten seçilen üçer adet bayrak yaprak uzunluğu ölçülmüş ve cm olarak belirlenmiştir.

Bayrak Yaprak Alanı (cm²): Her genotipte uzunluğu ölçülen bayrak yaprakların alanı 3 yaprakta LI-3100 cihazı ile cm² olarak ölçülmüştür[RH1].

Bin Dane Ağırlığı (g): Yabani gernik buğday genotiplerinin her biri ayrı ayrı el yardımı ile harmanlanmıştır. Başaklardan elde edilen daneler 4'er defa 50'şer dane tartılarak ortalaması alındıktan sonra ortalama değerin 20 ile çarpımı 1000 dane ağırlığı olarak hesaplanmıştır.

Aşağıdaki başak özellikleri yabani gernik buğday genotiplerinin her birinden tesadüfen seçilen üç başakta yapılmıştır.

Başak Uzunluğu (cm): Tesadüfen seçilen 3 adet başağın, başak alt boğumundan, üstteki başakçık ucuna kadar olan kısım (kılçıklar hariç) cm olarak ölçülerek bulunmuştur.

Başaktaki En Üst Kılçık Uzunluğu (cm): 3 adet başaktaki en üst kılçık uzunluğu cm olarak ölçülmüştür.

Başaktaki 4. Çiçek Kılçık Uzunluğu (cm): 3 adet başaktaki 4. çiçeğin kılçık uzunluğu cm olarak ölçülmüştür.

Başaktaki En Alt Kılçık Uzunluğu (cm): 3 adet başaktaki en alt kılçık uzunluğu cm olarak ölçülmüştür.

Başakçık Uzunluğu (mm): Tesadüfi olarak seçilen üçer adet başakçık uzunluğu kumpas yardımıyla mm olarak ölçülmüştür.

Başakçık Genişliği (mm): Tesadüfi olarak seçilen üçer adet başakçığın genişliği kumpas yardımıyla mm olarak ölçülmüştür.

Başakçıkta Kavuz Genişliği (mm): Tesadüf olarak seçilmiş olan üçer adet başakçıkta kavuz genişliği kumpas yardımıyla mm olarak ölçülmüştür.

Başakçık Sayısı (adet): Başak uzunluğu alınan başakların başakçıkları sayılarak bir başaktaki başakçık sayısı adet olarak saptanmıştır.

Başakçıkta Boş Kavuz Uzunluğu, Genişliği ve Yüksekliği (mm): Üç adet başağın orta kısımlarından alınan başakçıkların boş kavuz uzunluğu, genişliği ve yüksekliği kumpas yardımıyla ölçülmüş ve mm olarak bulunmuştur.

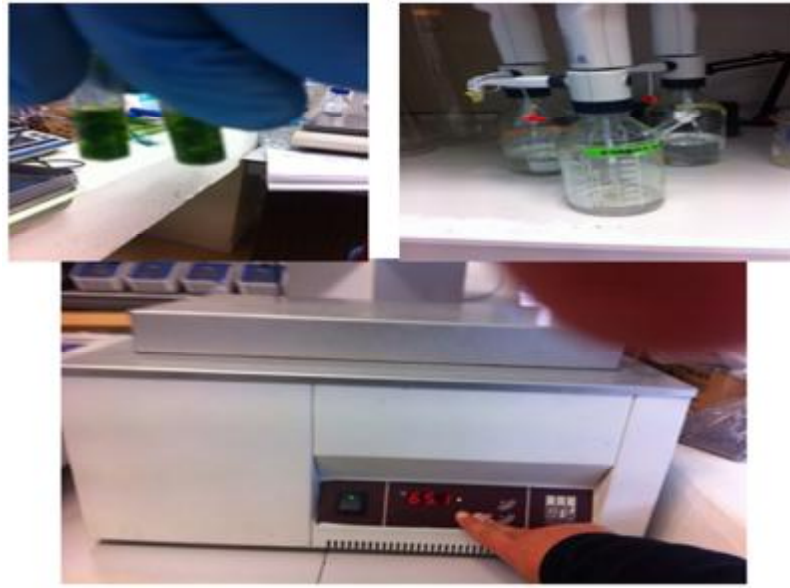
Başakçıkta Lemma (alt iç kavuz)-kapçık (üst iç kavuz) Uzunluk ve Genişliği (mm): Üç adet başağın alt kısmındaki başakçık uzunluğu ölçülmüş olan genotiplerin, lemma ve kapçık uzunluk ve genişlikleri kumpas yardımıyla ölçülmüş ve mm olarak bulunmuştur.

Başakçıktaki Anter Uzunluğu ve Genişliği (mm): Uzunluğu ve genişliği ölçülmüş olan 3 adet ana sap başağındaki başakçıkların orta kısımlarından sağ ve sol çiçekleri içinde bulunan (3'er adet) anter uzunlukları ve anter genişlikleri kumpas yardımıyla ölçülmüş ve mm olarak kaydedilmiştir.

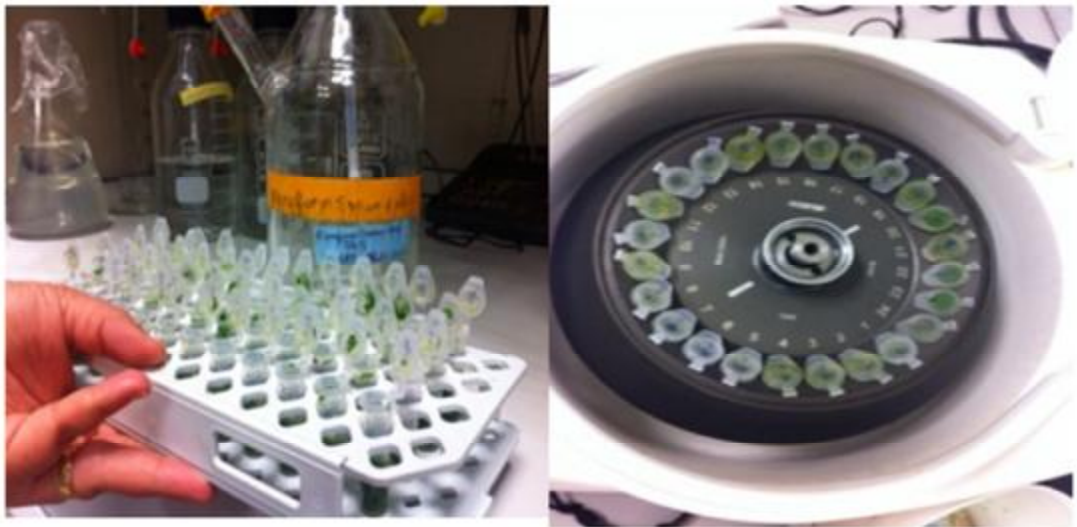
3.2.3.1. DNA İzolasyonu

Çukurova Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümü Uygulama ve Araştırma alanında bulunan tel kafeste yetiştirilen yabani gernik (*T. turgidum ssp. dicoccoides*) buğday genotiplerine ait genç yaprak örnekleri hasat edilmiş ve liyofirizatörde kurutulmuştur. Genomik DNA izolasyonu, Doyle ve Doyle (1987)'nin geliştirdiği, Kafkas ve ark. (2006) tarafından modifiye edilen CTAB yöntemine göre yapılmıştır. Bu yöntemde; liyafirizatörde kurutulmuş yaprak örneklerinin her birinden 0.7 g tartılarak 2 ml'lik tüplere konulmuş ve sıvı azotla muamele edilerek öğütücü aletinde öğütülmüştür. Öğütülmüş yaprak örnekleri bulunan tüpler içerisine, 0.9 ml CTAB tampon çözeltisi (100 mMTris-HCl, 1,4 M NaCl, 20 mM EDTA, %2 CTAB, %2 PVP, %0.1 Na₂S₂O₅) ilave edilmiş ve örnekler sıcaklığı 65°C olan su banyosuna konulmuştur. İçerisinde ezilmiş yaprak örnekleri bulunan tüpler her 10 dakikada bir karıştırılmak suretiyle 60 dakika boyunca sıcak su banyosunda tutulmuştur (Şekil 3.4). Su banyosundan çıkarılan örnekler oda sıcaklığında 5 dk bekletilmiş ve daha sonra tüpler içerisine, ekstraksiyon tampon çözeltisi ile eşit oranda (0.9 ml), kloroform: isoamyl alkol (24:1) ilave edilmiştir. Tüpler yavaşça ve sürekli olarak 15 dk boyunca çalkalanmıştır. Çalkalanan tüpler 14000 rpm'de 15 dk süre ile santrifüj edilmiştir (Şekil 3.5). Santrifüj olan örneklerin üst fazları alınarak (yaklaşık 0.70 ml) yeni bir tüpe aktarılmış, yeni tüpün içerisine soğuk (-25°C'de bekletilmiş) isopropanol (0.65ml) ilavesi yapılmıştır. DNA görünür hale gelinceye kadar tüpler yavaşça çalkalanmış, eğer çökme olmamışsa daha iyi bir çökme sağlamak amacıyla örnekler 2 saat -80°C'de veya 1 gece -25°C'de bekletilmiştir (Şekil 3.6). Soğuk ortamda isopropanol eklenerek bekleyen tüpler 8000 rpm'de 30 saniye santrifüj edilerek tüp içerisindeki DNA'nın çökmesi sağlanmış ve isopropanol tüpten boşaltılmıştır. Daha sonra tüpün içerisine, içerisinde 10 mM

amonyum asetat bulunan %76'lık etanol'den 1 ml ilave edilmiş ve tüpler 15 dakika çalkalandıktan sonra 6000 rpm'de 30 saniye santrifüj edildikten sonra üst faz dökülerek kurutmaya bırakılmıştır (Şekil 3.7). Kurutulan DNA'nın üzerine ultra saf su eklenerek DNA çözündürme işlemi gerçekleştirilmiş ve çözündürülen DNA örnekleri -25°C saklanmıştır.



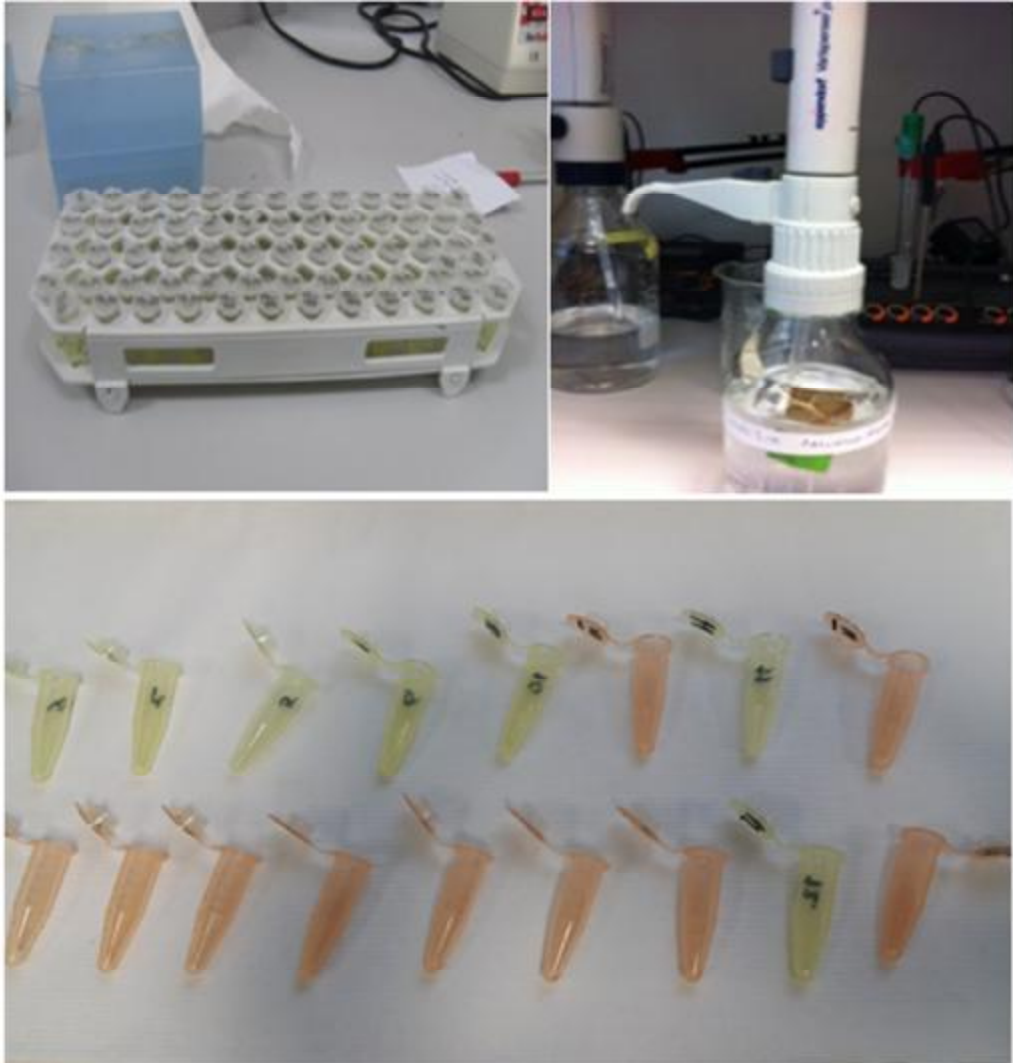
Şekil 3.4. Öğütülmüş yaprak örnekleri üzerine CTAB eklenmesi ve sıcak su banyosunda 1 saat bekletilmesi.



Şekil 3.5. Kloroform-izoamil alkol eklenmiş örneklerin iki faza ayrılması için santrifüj yapılması



Şekil 3.6. DNA'nın bulunduğu üst fazın alınması, isopropanol eklenmesi ve soğuk isopropanol eklenmiş örneklerde DNA'nın çökelme aşaması



Şekil 3.7 Örneklerin %76 amonyum asetat ile yıkanması ve kurumaya bırakma

3.2.3.2. DNA Konsantrasyonunun Belirlenmesi

DNA moleküler markör tekniklerinden biri ile çalışılırken bitki örneklerinden elde edilen DNA'nın kalitesi ve konsantrasyonunun bilinmesi oldukça önemlidir. Bu sebeple DNA konsantrasyonunun çok iyi ayarlanması ve kalitesinin iyi olması gerekmektedir. Elde edilmiş olan DNA örneklerinde DNA kalitesini ve konsantrasyonunu belirlemek için 2 µl'lik DNA örneği 0.5 ml'lik tüplere konulmuş, bunun üzerine 4 µl bluedye ve 14 µl ddH₂O eklenerek toplam 20 µl olacak şekilde hazırlanarak karıştırıcı yardımıyla karıştırılmış, daha sonra da 30 saniye santrüfj yapılmıştır. Hazırlanan örnekler içerisinde alınan 10 µl örnek, 0.5X TBE solüsyonu

içerisinde bulunan daha önceden hazırlanmış % 0.8'lik agaroz jele yüklenmiş ve agaroz jele yüklenen bu örnekler 120 voltta 40 dakika koşturulmuştur. Agaroz jelde koşan DNA örnekleri daha sonra ethidiumbromid ile boyanarak, agaroz jeldeki DNA örnekleri UV transilluminatör yardımıyla görüntülenmiştir. Örneklerin DNA kalitesini belirlemek için agaroz jellere standart olarak λ DNA (mikrolitrede 5ng-10ng-20ng) koşulmuş ve bunlar yardımıyla DNA konsantrasyonları belirlenmiştir. Stok DNA konsantrasyonları esas alınarak, PCR analizleri için her bir DNA örneğinin konsantrasyonu 5 ng/ μ l olacak şekilde ayarlanmıştır. Bu işlem de %0.8'lik agaroz jelde yapılmıştır. Bunun için toplam hacmi 12 μ l olacak şekilde 10 μ l seyreltik DNA, 2 μ l jel yükleme boyası konularak örnekler hazırlanmıştır. Daha sonra bu hazırlanan örneklerden 12 μ l'si agaroz jeldeki yuvalara yerleştirilmiş ve 120 voltta 40 dakika süre ile elektroforez işlemi yapılmıştır. Böylece her bir örneğin 5 ng/ μ l olup olmadığı kontrol edilmiştir. 5 ng/ μ l'den fazla olan örneklerle saf su, az olan örneklerle ise orantılı olarak DNA eklenerek tüm örneklerin konsantrasyonunun 5 ng/ μ l olması sağlanmıştır. Böylece tüm DNA örnekleri PCR'a hazır hale getirilmiştir.

3.2.3.3. SSR Analizi

SSR (Simple Sequence Repeat) analizleri Röder ve ark. (1998)'na göre yapılmıştır. Bu çalışmada, otuz sekiz yabancı gernik (*T. turgidum* ssp. *dicoccoides*) buğday popülasyonunu temsil eden 176 adet genotipte SSR analizlerine başlamadan önce 50 adet SSR primer çifti tesadüfen seçilen sekiz genotipte tarama işlemine tabi tutulmuştur. Daha sonra *Triticum dicoccoides* popülasyonunu temsil eden 176 genotipte tarama işlemi sonucunda skorlanabilir ve polimorfik bant vermiş 16 adet SSR primer çifti moleküler analizde kullanılmıştır (Çizelge 3.3).

Çalışmada kullanılan PCR amplifikasyon reaksiyonu toplam hacmi 12 μ l olarak hazırlanmıştır. Bu PCR reaksiyonu; 0.9 μ l 10X Taqbuffer (20 mM MgCl₂ içerir; ayrıca KCl ve (NH₄)₂SO₄, geniş ölçüde yapışma sağlamak için (NH₄)₂SO₄ içeriğinde mevcuttur; Fermantes), 0.96 μ l dNTPs (100mM/5mL dATP, 100mM/5mL dTTP, 100mM/5mL dGTP, 100mM/5mL dCTP), 0.12 μ l ileri

(Forward) primer, 0.48 µl geri (Reverse) primer, 0.12 µl (mikrolitrede 5 ünite) Taq DNA polimeraz (Fermantes) 7.04 µl ddH₂O ve 2 µl 10ng DNA içermiştir. Aynı zamanda çalışmada kullanılan 16 çift SSR ileri primerlerinin 5' ucuna M13 üniversal (5-TGTAAAACGAAGGCCAGT-3) primeri eklenerek SSR analizi yapılmıştır. PCR reaksiyonlarında M13 üniversal primerlerine özgü floresan boyalı FAM (Mavi), VIC (Yeşil), NED (Sarı), PET (Kırmızı) kullanılmıştır. PCR reaksiyonunun sıcaklık ve döngü koşulları olarak Schuelke (2000)'nin protokolü bağlı baz alınarak bazı modifikasyonlar yapılmıştır. Sıcaklık ve döngü koşulları olarak, 94°C 5 dakika ön denatürasyon gerçekleştikten sonra, 30 döngü süresince örnekler denatürasyon için 94 °C 1 dk, primerin DNA'ya yapışması primere göre değişmek üzere 60°C - 62°C 1 dk ve uzama safhası için 72°C 1 dk bekletilmiştir. PCR protokolünün ikinci safhasında 10 döngü boyunca 94°C 45 sn, 53°C 1 dk ve 72°C 1:30 dk bekletilerek son uzama 72°C 10 dk süre ile yapılmıştır.

Elektroforez işlemleri, kapiler elektroforez yöntemi ile ABI 3130 X l genetik analizör cihazı kullanılarak yapılmıştır. Elde edilen PCR ürünlerine ait bant büyüklüklerinin belirlenmesinde LIZ ile etiketli 500 bazlık size standart kullanılmıştır. İlk önce 96'lık bir platenin her bir kuyucuğa 9.8 µl Hi-DiFormamide ve 0.25 µl LIZ-500 size standart eklenmiştir. Daha önceden elde edilen PCR ürünlerinden her kuyucuğa FAM (1µl), VIC (1µl), NED (1.5µl) ve PET(1.5µl) PCR ürünleri eklenmiş ve 95°C'de 5 dk denatürasyon işlemine bırakılmıştır. Bu işlem tamamlandıktan hemen sonra örnekler bir süre buz içerisinde bekletilmiş ve ABI 3130X l cihazına yüklenmiştir.

Çizelge 3.3. Araştırmada Kullanılan SSR Primerlerinin Adı ve DNA Dizilimleri

Primer Adı	Primer Sekansları	Tekrar Sayısı	YS	BBU (bç)	Kr. Kol
wmc312	F:TGTGCCCCGCTGGTGCGAAG R:CCGACGCAGGTGAGCGAAG	(GA)10	62	231-249	1A
cfa2219	F:TCTGCCGAGTCACTTCATTG R GACAAGGCCAGTCCAAAAGA	(GT)21	60	216-246	1A
wmc658	F CTCATCGTCCTCCTCCACTTTG R GCCATCCGTTGACTTGAGGTTA	-----	65	193-200	2A
wmc313	F GCAGTCTAATTATCTGCTGGCG R GGGTCCTTGTCTACTCATGTCT	(CA)18	62	195-209	4A
cfa2190	F CAGTCGTCAATCCACTCTTGC R AAAAGGAACTAAAGCGATGGA	(TC)31	62	141-176	5A
wmc110	F GCAGATGAGTTGAGTTGGATTG R GTACTTGGAAGTGTGTTTGGG	(GT)11	62	169-170	5A
wmc626	F AGCCCATAAACATCCAACACGG R AGGTGGGCTTGGTTACGCTCTC	-----	62	177-196	1B
gwm498	F GTGGTATGGACTATGGACACT R TTTGCATGGAGGCACATACT	(CA)10(TA)4	61	159-161	1B
wmc128	F CGGACAGCTACTGCTCTCCTTA R CGTTTGCTTGCTCTGCACCCTT	(GA)10	62	206-220	1B
gwm630	F GTGCCTGTGCCATCGTC R CGAAAGTAACAGCGCAGTGA	(GT)16	61	120-????	2B
wmc332	F CATTTACAAAGCGCATGAAGCC R GAAAACCTTTGGGAACAAGAGCA	(CT)12	62	174-205	2B
wmc149	F CAGACTTGGTTGGTGCCGAGC R TGGGCGGGGGTGTAGAGTTTG	(CT)24	61	211-????	2B
gwm335	F CGTACTCCACTCCACACGG R CGGTCCAAGTGCTACCTTTC	(GA)14(GCGT)3	62	203-243	5B
wmc76	F CTTCAGAGCCTCTTTCTCTACA R CTGCTTCACTTGCTGATCTTTG	(GT)19	62	251-261	7B
gwm146	F CCAAAAAAAGTGCCTGCATG R CTCTGGCATTGCTCCTTGG	(GA)5GG(GA)20	61	160-174	7B
gwm333	F GCCCGGTCATGTAAAACG R TTTCAGTTTGCGTTAAGCTTTG	(GA)19	62	145-166	7B

Y.sıc: Yapışma sıcaklığı BBU: Beklenen baz çifti uzunluğu bç: Baz Çifti Kr. Kol.: Kromozom kolu

3.2.4. Verilerin Değerlendirilmesi

Yabani gernik (*T.turgidum ssp. dicoccoides*) buğday genotiplerinden elde edilen verilere SPSS paket programı kullanılarak varyans analizi uygulanmış ve standart sapmaları hesaplanmıştır.

Çalışmadadan elde edilen SSR verileri hem tüm populasyonlar için hemde ayrı ayrı populasyonlar için PowerMarker v.3.25 paket programı kullanılarak analiz edilmiş; allel büyüklüğü (Al.Bü), allel sayısı (Na), Shannon Sabiti (I), heterozigotluk (He), beklenen heterozigotluk (uHe) ve polimorfik bilgi içeriği (PBI) gibi parametreler hesaplanmıştır (Liu ve Muse, 2005). Moleküler varyans (AMOVA) analizleri, temel bileşen koordinat analizi (PCoA), genetik yakınlık/uzaklık katsayı değerleri GenAIEx 6.5 paket programı kullanılarak yapılmıştır. Elde edilen genetik uzaklık katsayı kullanılarak UPGMA (Aritmetik ortalamalı Ağırlıksız Çift Grup Yöntemi) soy ağacı çizilmiştir.

4. BULGULAR VE TARTIŞMA

4.1. Morfolojik ve Tarımsal Özelliklerin Karakterizasyonu

4.1.1. Büyüme Habitusu, Koleoptil Rengi, Kulakçık rengi, Tüylülük

Güneydoğu Anadolu Bölgesinden toplanan 38 yabancı gernik buğday (*T.turgidum ssp. dicoccoides*) popülasyonunu temsil eden 176 genotipin; büyüme habitusları, koleoptil rengi, kulakçık rengi, anter rengi ve tüylülüğe ait gözlemleri Çizelge 4.1’de verilmiştir.

Doğu-1 bölgesinden toplanmış 21 adet yabancı gernik buğday popülasyonuna ait 109 genotip incelendiğinde; 3 popülasyonda dik/yarı, yatık/yatık, 3 popülasyonda yatık, 7 popülasyonda yarı yatık/yatık ve geriye kalan 8 popülasyonda yarı yatık büyüme habitusu gözlenmiştir. Batı-1 bölgesinden toplanmış 8 adet yabancı gernik buğday popülasyonuna ait 32 genotip incelendiğinde; 4 popülasyonda yatık, 2 popülasyonda yarı yatık/yatık ve geriye kalan 2 popülasyonda yarı yatık büyüme habitusu gözlenmiştir. Batı-2 bölgesinden toplanmış 9 adet yabancı gernik buğday popülasyonuna ait 35 genotip incelendiğinde ise; 7 popülasyonda yatık geriye kalan 2 popülasyonda ise yarıyatık/yatık büyüme habitusu tespit edilmiştir. Bu özellikler incelenen popülasyonların içerisinde yazlık, alternatif ve kışlık genotiplerin bulunabileceğini bize göstermektedir.

Güneydoğu Anadolu Bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonları sapta tüylülük bakımından incelendiğinde; Doğu-1 bölgesinden toplanan popülasyonların sadece bir tanesinde (Pirinçlik köyünden güneydoğuya doğru olan 2004-6-29-10-7 popülasyonunda) tüylülük tespit edilmiştir. Batı-1 bölgesinden toplanan 2005-7-5-11-3, 2005-7-5-11-4, 2005-7-5-15-4 ve 2005-7-5-16-6 nolu (Türkoğlu’nun 72 km güneydoğusundan (Karadağ’ın batısı), Narlının 34 km doğu güneydoğusundan ve Narlının 39 km doğu güneydoğusundan toplanan) 4 yabancı gernik buğday popülasyonunda tüylülük saptanmıştır. Batı-2 bölgesinden toplanan; 2006-6-20-3-4, 2006-6-20-5-3, 2006-6-20-7-7, 2006-6-20-8-5, 2006-6-21-13-1 ve 2006-6-21-14-3 nolu (Kilis’in 37 km kuzeydoğusundan Gaziantep’e, Kilis’in

39 km kuzeydoğusundan Gaziantep'e, Kilis'in 41 km kuzeydoğusundan Gaziantep'e, Kilis'in 42 km kuzeydoğusundan Gaziantep'e, Kilis'in 58 km kuzeydoğusundan Gaziantep'e, Kilis'in 59 km kuzeydoğusundan Gaziantep'e uzanan) 6 yabancı gernik buğday popülasyonunda tüylülük saptanmıştır. İncelenen 176 genotip birlikte değerlendirildiğinde genotiplerin %29'unun sapta tüylülük gösterdiği tespit edilmiştir. Ancak sapta tüylülük durumunun coğrafik bölgelere göre bir dağılım göstermediği, sapta tüylülüğün tüm bölgelerde tespit edildiği belirlenmiştir.

Doğu-1 bölgesinden toplanmış 21 adet yabancı gernik buğday popülasyonunun 109 genotipi koleoptil rengi bakımından incelendiğinde; 19 popülasyonda koleoptil renginin mor olduğu, geriye kalan 2 popülasyonda ise koleoptilin renksiz olduğu belirlenmiştir. Batı-1 bölgesinden toplanmış 8 adet yabancı gernik buğday popülasyonunun 32 genotipi koleoptil rengi bakımından incelendiğinde; 5 popülasyonda koleoptil renginin mor olduğu tespit edilirken geriye kalan 3 popülasyonda koleoptilin renksiz olduğu tespit edilmemiştir. Batı-2 bölgesinden toplanmış 9 adet yabancı gernik buğday popülasyonunun 35 genotipi koleoptil rengi bakımından incelendiğinde; 6 popülasyonda koleoptil rengi saptanırken, geriye kalan 3 popülasyonda koleoptilin renksiz olduğu saptanmamıştır. Doğu-1, Batı-1 ve Batı-2 bölgesinden toplanmış yabancı gernik buğday popülasyonlarının %79'unda koleoptil rengi saptanmıştır. Bu sonuç koleoptil renginin bir adaptasyon kriteri olmadığına göstergesi olarak düşünülebilir.

Doğu-1 bölgesinden toplanmış yabancı gernik buğday popülasyonuna ait 109 genotipin kulakçık rengi incelendiğinde; 9 popülasyonda kulakçık renginin mor olduğu, Batı-1 bölgesinden toplanmış yabancı gernik buğday popülasyonlarının 32 genotipi incelendiğinde ise; popülasyonların 3 tanesinde kulakçık renginin bulunduğu saptanmıştır. Batı-2 bölgesinde toplanmış yabancı gernik buğday popülasyonlarının 35 genotipi incelendiğinde; 4 tane popülasyonda kulakçık renginin bulunduğu saptanmıştır. Böylece yabancı gernik buğday popülasyonlarının %42'sinde kulakçık rengi tespit edilmiş olup, kulakçık renginin popülasyonların toplanma yeri ile ilişkili olmadığına sonucuna varılmıştır.

Doğu-1 bölgesinden toplanmış 21 adet yabancı gernik buğday popülasyonunun 109 genotipi anter rengi bakımından incelendiğinde; 3

popülasyonda anter rengi mor olarak saptanırken, geriye kalan 18 popülasyonda anter rengi saptanmamıştır. Batı-1 bölgesinden toplanmış 8 adet yabani gernik buğday popülasyonunun 32 genotipi anter rengi bakımından incelendiğinde; 3 popülasyonunda anter rengi tespit edilirken, geriye kalan 5 popülasyonda anter rengi tespit edilmemiştir. Batı-2 bölgesinden toplanmış 9 adet yabani gernik buğday popülasyonunun 35 genotipi anter rengi bakımından incelendiğinde; 4 popülasyonda anter rengi saptanırken, geriye kalan 5 popülasyonda anter rengi saptanmamıştır. Doğu-1, Batı-1 ve Batı-2 bölgesinden toplanmış yabani gernik buğday popülasyonlarının %32'sinde anter rengi saptanmıştır.

Çizelge 4.1. Denemede Kullanılan Tüm Yabancı Genetik Buğday Populasyonlarının Büyüme Habitusu, Tüylülük, Koleoptil Rengi, Kulakçık Rengi, Kulakçık Rengi ve Anter Rengi

POPULASYON	NO	BÜYÜME HABİTUSU	TÜYLÜLÜK	KOLEOPTİL RENGİ	KULAKÇIK RENGİ	ANTER RENGİ
2004-6-29-3-4	Doğu-1	Y.Yatık/Yatık	Yok	Var	Var	Var
2004-6-29-7-4	Doğu-1	Y.Yatık/Yatık	Yok	Var	Yok	Yok
2004-6-29-8-5	Doğu-1	Dik/Y.Yatık/Yatık	Yok	Var	Yok	Yok
2004-6-29-9-4	Doğu-1	Y.Yatık/Yatık	Yok	Var	Var	Var
2004-6-29-10-7	Doğu-1	Y.Yatık	Var	Var	Yok	Var
2004-6-29-11-4	Doğu-1	Y.Yatık	Yok	Var	Yok	Yok
2004-6-29-13-4	Doğu-1	Y.Yatık/Yatık	Yok	Var	Var	Var
2004-6-30-1-9	Doğu-1	Y.Yatık	Yok	Var	Yok	Yok
2004-6-30-2-8	Doğu-1	Y.Yatık	Yok	Var	Yok	Yok
2004-6-30-3-7	Doğu-1	Y.Yatık	Yok	Var	Yok	Yok
2004-6-30-4-6	Doğu-1	Yatık	Yok	Var	Yok	Yok
2004-6-30-5-5	Doğu-1	Y.Yatık/Yatık	Yok	Var	Yok	Yok
2004-6-30-7-6	Doğu-1	Y.Yatık/Yatık	Yok	Var	Var	Yok
2004-6-30-8-6	Doğu-1	Yatık	Yok	Var	Yok	Yok
2004-6-30-9-6	Doğu-1	Yatık/Y.Yatık	Yok	Yok	Yok	Yok
2004-6-30-10-5	Doğu-1	Y.Yatık	Yok	Yok	Yok	Yok
2004-7-2-6-6	Doğu-1	Dik/Y.Yatık/Yatık	Yok	Var	Yok	Yok
2007-6-19-1	Doğu-1	Dik/Y.Yatık/Yatık	Yok	Var	Var	Var
2007-6-19-2	Doğu-1	Yatık	Yok	Var	Var	Yok
2007-6-19-3	Doğu-1	Y.Yatık	Yok	Var	Var	Yok
2007-6-20-1	Doğu-1	Y.Yatık	Yok	Var	Yok	Yok
2005-7-5-11-3	Bati-1	Y.Yatık	Var	Var	Yok	Var
2005-7-5-11-4	Bati-1	Y.Yatık	Var	Yok	Var	Var
2005-7-5-15-3	Bati-1	Y.Yatık	Yok	Var	Yok	Yok
2005-7-5-15-4	Bati-1	Y.Yatık/Yatık	Var	Yok	Var	Yok
2005-7-5-16-4	Bati-1	Yatık/Y.Yatık	Var	Yok	Var	Yok
2005-7-5-16-6	Bati-1	Yatık	Yok	Yok	Yok	Yok
2010-6-23-3	Bati-1	Yatık	Yok	Var	Yok	Var
2010-6-23-6	Bati-1	Yatık	Yok	Var	Yok	Yok
2006-6-16-8-5	Bati-2	Yatık	Yok	Var	Yok	Yok
2006-6-17-2-1	Bati-2	Y.Yatık/Yatık	Yok	Yok	Yok	Var
2006-6-17-3-5	Bati-2	Y.Yatık/Yatık	Yok	Var	Yok	Var
2006-6-20-3-4	Bati-2	Yatık	Var	Var	Yok	Yok
2006-6-20-5-3	Bati-2	Yatık	Var	Var	Var	Var
2006-6-20-7-7	Bati-2	Yatık	Var	Var	Yok	Var
2006-6-20-8-5	Bati-2	Yatık	Var	Yok	Yok	Yok
2006-6-21-13-1	Bati-2	Yatık	Var	Yok	Var	Yok
2006-6-21-14-3	Bati-2	Yatık	Var	Var	Var	Yok

4.1.2. Morfolojik Özellikler

Doğu-1, Batı-1 ve Batı-2 alanında dağılım gösteren 38 yabancı gernik (*T.turgidum ssp. dicoccoides*) buğday popülasyonunu temsil eden 176 genotipin incelenen morfolojik özelliklerine ait; ortalama, standart sapma, en yüksek ve en düşük değerleri Çizelge 4.2’de verilmiştir.

Çizelge 4.2. Yabancı Gernik Buğday (*T. turgidum ssp. dicoccoides*) Popülasyonlarının Morfolojik Özellikleri İle İlgili İstatistiksel Değerler

<i>Triticum dicoccoides</i>					
ÖZELLİKLER	Ort.	±	St.Sp	Minimum	Maksimum
Bitki Boyu (cm)	126.04	±	19.58	61.67	166.00
Başaklanma süresi (gün)	166.06	±	8.36	147.00	187.00
Üst Boğum Arası Uzunluğu (cm)	38.76	±	6.99	16.70	53.20
Bayrak Yaprak Uzunluğu (cm)	22.83	±	4.40	7.00	32.60
Bayrak Yaprak Alanı (cm ²)	16.36	±	6.21	2.65	31.09
Kulakçık Uzunluğu (mm)	4.50	±	0.65	2.66	6.27
Kulakçık Genişliği (mm)	5.40	±	0.90	2.76	8.18
Başak Uzunluğu (cm)	9.14	±	1.19	5.50	12.03
Başakçık Sayısı (adet)	19.98	±	2.54	12.00	26.33
Başaktaki En Üst Kılçık Uzunluğu (mm)	76.16	±	18.69	31.26	124.68
Başakçıkta 4.Çiçek kılçık Uzunluğu (mm)	96.05	±	19.50	40.32	141.06
Başaktaki En Alt Kılçık Uzunluğu (mm)	59.20	±	22.01	8.84	114.32
Başakçık Uzunluğu (mm)	15.74	±	1.47	12.30	19.97
Başakçık Genişliği (mm)	4.66	±	0.83	2.30	7.21
Lemma (Alt İç kavuz) Uzunluğu (mm)	13.50	±	1.69	9.96	28.62
Lemma (Alt iç kavuz) Genişliği (mm)	2.53	±	0.35	1.51	3.45
Kapçık(Üst iç kavuz) Uzunluğu (mm)	12.51	±	1.14	8.24	15.17
Kapçık(Üst iç kavuz) Genişliği (mm)	1.79	±	0.41	1.06	5.79
Glume (Dış Kavuz) Uzunluğu (mm)	12.28	±	1.13	9.26	15.14
Glume (Dış Kavuz) Kalınlığı (mm)	0.24	±	0.09	0.10	0.49
Glume (Dış Kavuz) Yüksekliği (mm)	2.45	±	0.35	1.66	3.53
Anter Uzunluğu (mm)	3.73	±	0.51	2.10	5.02
Anter Genişliği (mm)	0.58	±	0.10	0.33	0.93
Olgunlaşma süresi (gün)	198.12	±	4.56	167.00	215.00
Bin dane ağırlığı (g)	13.48	±	4.65	2.40	34.00

Ort: Ortalama St.Sp.: Standart sapma

Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nden toplanmış 176 adet yabani gernik buğday genotipinde en kısa bitki boyu 61.67 cm ile Batı1-122 genotipinde, en uzun bitki boyu ise 166.00 cm ile Doğu-1-48 genotipinde ölçülmüş olup, ortalama bitki boyu 126.04 cm olarak saptanmıştır. Yalçın (2007) ekmeklik buğday için; ortalama bitki boyunun 93.2 cm, makarnalık buğday için ise ortalama 95.5 cm olduğunu rapor etmiştir. Makarnalık ve ekmeklik buğday çeşitleri için açıklanan bu bitki boyu değerleri bu çalışmada yabani gernik buğday popülasyonlarında saptanan bitki boyu ortalamasından daha düşüktür. Yücel ve ark. (2003) yapmış oldukları çalışmada yabani makarnalık buğday popülasyonlarında bitki boyunun 95.8 cm ile 108.9 cm arasında değiştiğini ve ortalama bitki boyunun 113.0 cm olduğunu rapor etmişlerdir. Özellikle yabani gernik genotiplerinin bitki boyu bakımından büyük bir varyasyon göstermesinin nedeninin, genotiplerin farklı ekolojik ve coğrafik alanlardan toplanması olduğu söylenebilir. Bitki besin elementlerince fakir topraklardan toplanan yabani gernik buğday popülasyonlarına ait genotiplerin, Çukurova gibi verimli toprak koşullarında yetiştirildiği zaman topraktaki besin elementlerinin zenginliği ve iklim koşullarının uygunluğu nedeniyle genellikle uzun bitki boyu gösterdiği tespit edilmiştir. Bu araştırma sonucunda elde edilen bitki boyu değerleri; Yalçın, (2007)'nın yabani gernikte (*T.turgidum ssp. dicoccoides*) saptadığı ortalama bitki boyu değerinden (ortalama:151.4 cm; en düşük 83.0cm; en yüksek 190.8cm) daha düşük bulunmuştur.

Yabani gernik buğday popülasyonlarında başaklanma süresi en kısa 147 gün ile Doğu-1-30 genotipinde saptanırken, en uzun başaklanma süresi Batı-1-144 genotipinde 187.00 gün olarak saptanmıştır. Ortalama başaklanma süresi 166.00 gün olarak tespit edilmiştir. Yabani gernik buğdayın başaklanma süresinin büyük bir olasılıkla çalışmada kullanılan genotiplerin genetik yapısına bağlı olduğu düşünülmektedir. Elde edilen bu sonuçlar; hem Yücel ve ark. (2003)'nın 114.8 gün olarak tespit etmiş oldukları ortalama başaklanma süresinden, hem de Yalçın (2007)'nin 101 gün olarak tespit etmiş olduğu ortalama başaklanma süresinden daha yüksek bulunmuştur. Ancak her üç çalışmada da kullanılan genotiplerin farklı olması genel bir değerlendirme yapmayı engellemektedir. Bununla birlikte başaklanma süresi bakımından yabani gernik buğday genotipleri içerisinde geniş bir varyasyonun

olduğu ve bu varyasyonun da makarnalık buğday ıslahında amaca göre kullanılabileceğini göstermektedir.

Araştırmada incelenen 176 adet yabani gernik buğday genotipinin üst boğum arası uzunluğuna ait değerler incelendiğinde; en düşük üst boğum arası uzunluğu 16.70 cm ile Batı-1-136 genotipinde ve en yüksek üst boğum arası uzunluğu 53.20 cm ile Doğu-1-39 genotipinden elde edilmiştir. Üst boğum arası uzunluğu ortalaması 38.76 cm olarak bulunmuştur. Üst boğum arası uzunluğu bakımından bir genel değerlendirme yapılacak olursa buğdayda bitki boyu üzerine en büyük etkiyi üst boğum arası uzunluğu sağlamaktadır. Üst boğum arası uzunluğu fazla olan genotiplerde bayrak yaprak kını da uzun olmaktadır. Bitkinin diğer organlarında sentezlenen besin maddelerinin bir kısmının depolanması ve kuruyuncaya kadar fotosentez yapmaya devam etmesi nedeniyle üst boğum arası ve bayrak yaprak kını uzunluğu çok önemlidir (Akçura ve Topal, 2006). Soylu ve Sade (2003), dane verimiyle üst boğumarası uzunluğu arasında olumlu ilişkinin bulunması sebebiyle, buğday ıslahı çalışmalarında yapılacak melezlemelerde üst boğumarası uzun olan anaçların seçilmesi gerektiğini rapor etmişlerdir. Ancak üst boğum arası uzunluğunun fazla olması aynı zamanda bitki boyunun daha uzun olmasına neden olacağı için yatma problemlerini de beraberinde getireceği Soylu ve Sade (2003) tarafından ifade edilmiştir. Bu yüzden makarnalık buğday ıslahında bitki boyunun 80-100 cm civarında olması, ancak üst boğum uzunluğunun uzun olmasının verimi artıracak bir faktör olacağı aynı araştırmacılar tarafından ifade edilmiştir. Bu bağlamda yabani makarnalık buğday genotipleri içinde üst boğumarası uzunluğu fazla olan ancak bitki boyu kısa olan genotiplerin makarnalık buğday ıslahında bu amaç için kullanılabileceği sonucuna varılmıştır.

Yabani gernik buğday (*T.turgidum ssp. dicoccoides*) genotipleri içinde en kısa bayrak yaprak uzunluğu 7.00 cm ile Doğu-1-17, en uzun bayrak yaprak uzunluğu 32.60 cm ile Doğu-1-95 genotipinde ölçülmüş olup, ortalama bayrak yaprak uzunluğu 22.83cm olarak tespit edilmiştir. İncelenen yabani gernik buğday genotiplerine ait en düşük bayrak yaprak alanı 2.65 cm² ile Doğu-1-66 genotipinde, en yüksek bayrak yaprak alanı ise 31.09 cm² ile Doğu-1-84 genotipinde elde edilirken, ortalama bayrak yaprak alanı 16.36 cm² olarak bulunmuştur. İncelenen

yabani gernik genotipleri içinde hem bayrak yaprak ayası uzunluk hem de bayrak yaprak alanı bakımından varyasyon bulunmuştur. Buğdayda bayrak yaprak uzunluğu ve alanının yüksek olması ve aynı zamanda yeşil kalma süresi başağın fotosentezini arttırarak tane verimine daha fazla katkıda bulunmaktadır (Balkan ve Gençtan 2009). Bu araştırmadaki bulgular Aktaş (2010)'ın ekmeklik buğdayda yapmış olduğu çalışmasında saptadığı bayrak yaprak uzunluğu ve bayrak yaprak alanı ortalaması değerleri (sırasıyla 23.80-17.03) ile benzerlik göstermektedir.

İncelenen yabani gernik buğday genotiplerine ait en kısa kulakçık uzunluğu 2.66 mm ile Doğu-1-7 genotipinde, en uzun kulakçık uzunluğu ise 6.27 mm ile Doğu-1-100 genotipinde, aynı bölgeden toplanan ancak farklı populasyonlarda bulunmuştur. Yabani gernik buğday genotiplerine ait kulakçık uzunluğu ortalaması ise 4.50 mm olarak bulunmuştur. Yabani gernik buğday genotiplerinde en düşük kulakçık genişliği 2.76 mm ile Batı-1-122 genotipinde ve en yüksek kulakçık genişliği 8.18 mm ile Doğu-1-84 genotipinde bulunmuştur. İncelenen tüm yabani gernik buğday genotiplerine ait kulakçık genişliği ortalaması 5.40 mm bulunmuştur.

Güneydoğu Anadolu bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinde en kısa başak uzunluğu 5.50 cm ile Batı-1-122 ve en uzun başak uzunluğu 12.03 cm ile Doğu-1-67 genotipinde bulunmuştur. İncelenen tüm yabani gernik buğday popülasyonunda başak uzunluğu ortalaması 9.14 cm bulunmuştur. Yalçın, (2007); yabani gernik buğday (*T.turgidum ssp. dicoccoides*) popülasyonlarının ortalama başak uzunluğunu 12.10 cm (9.3-15.4) olarak tespit etmiş ve incelenen popülasyonların bu açıdan geniş bir varyasyon gösterdiğini belirtmiştir. Yücel ve ark. (2003) yabani gernikte başak uzunluğunun 5.62 cm ile 6.16 cm arasında değiştiğini rapor etmişlerdir. Bu çalışma sonucu elde edilen başak uzunluğu değerlerinin yıllara göre değişebileceği, özellikle kurak yıllarda başak uzunluğunun kısa, ancak normal yağışlı yıllarda daha uzun olacağı söylenebilir. Yabani gernik buğday genotiplerinde en düşük başakçık sayısının 12adet/başak ile Doğu-1-104 genotipinde en yüksek başakçık sayısının 26.33 adet/başak ile Doğu-1-80 genotipinde elde edildiği, ortalama başakçık sayısının ise 19.98 adet/başak olduğu saptanmıştır. Yücel ve ark. (2003) yabani gernik genotiplerinde başakta başakçık sayısının 14.0 ile 18.0 arasında değiştiğini rapor etmişlerdir. Bu çalışmada elde

edilen sonuçlar Yücel ve ark. (2003) elde ettiği sonuçlardan oldukça farklı bulunmuş olup, bunun nedeninin de çalışmada kullanılan yabani gernik genotiplerinin farklı olmasından ve denemelerin yürütüldüğü yıllardaki ekolojik koşulların farklılığından kaynaklandığı düşünülmektedir.

Başaktaki en üst kılçık uzunluğu en kısa 31.26 mm ile Doğu-1-223 genotipinde elde edilirken, en uzun değer 124.68 mm ile Doğu-1-35 genotipinde elde edilmiştir. İncelenen yabani gernik buğday genotiplerinde başaktaki en üst kılçık uzunluğu ortalaması 76.16 mm olarak bulunmuştur. Başakçığındaki 4. çiçek kılçık uzunluğunun en kısa değeri ve en uzun değeri sırasıyla; 40.32 mm ile Doğu-1-79 genotipinde ve 141.06 mm ile Doğu-1-36 genotipinde tespit edilmiştir. İncelenen yabani gernik buğday genotiplerinde başakçığındaki 4. çiçek kılçık uzunluğu ortalaması 96.05 mm tespit edilmiştir. Başaktaki en alt kılçık uzunluğu; en kısa 8.84 mm ile Doğu-1-65 genotipinde, en uzun 114.32 mm ile Doğu-1-47 genotipinde bulunmuş olup, başaktaki en alt kılçık uzunluğu ortalamasının 59.20 mm olduğu saptanmıştır.

Yabani gernik buğday genotiplerinde başakçık uzunlukları incelendiğinde en kısa başakçık uzunluğu 12.30 mm ile Doğu-1-5 genotipinde, en uzun başakçık uzunluğunun ise 19.97 mm ile Doğu-1-218 genotipinde ölçülmüştür. Başakçık uzunluğu ortalaması 15.74 mm olarak bulunmuştur. Yabani gernik buğday genotiplerinin başakçık genişliği incelendiğinde; en düşük başakçık genişliği 2.30 mm ile Doğu-1-7 genotipinde, en yüksek başakçık genişliği ise 7.21 mm ile Doğu-1-89 genotipinde saptanmıştır. Başakçık genişliği ortalaması ise 4.66 mm olarak saptanmıştır.

Yabani gernik buğday genotiplerinde en kısa lemma (alt iç kavuz) uzunluğu 9.96 mm ile Doğu-1-5 genotipinde, en uzun lemma uzunluğu ise 28.62 mm ile Doğu-1-74 genotipinde tespit edilmiş olup, ortalama 13.50 mm olarak tespit edilmiştir. Yabani gernik buğday genotiplerindeki en düşük lemma genişliği 1.51 mm ile Batı-2-172 genotipinde, en yüksek lemma genişliği ise 3.45 mm ile Doğu-1-53 genotipinde saptanmıştır. Yabani gernik buğday populasyonundaki lemma genişlik ortalaması 2.53 mm olarak tespit edilmiştir.

Yabani gernik buğday genotiplerinde en kısa kapçık uzunluğu 8.24 mm ile Doğu-1-213 genotipinde, en uzun kapçık uzunluğu ise 15.17 mm ile Doğu-1-218

genotipinde bulunmuştur. Yabani gernik buğday genotiplerinde kapçık (üst iç kavuz) uzunluk ortalaması 12.51 mm olarak bulunmuştur. İncelenen yabani gernik buğday genotiplerinde en düşük kapçık genişliği 1.06 mm ile Doğu-1-72 genotipinde, en yüksek kapçık genişliği ise 5.79 mm ile Batı-2-191 genotipinde saptanmıştır. Yabani gernik buğday populasyonlarında kapçık genişlik ortalaması ise 1.79 mm olarak saptanmıştır.

Yabani gernik buğday genotiplerinde kavuz uzunluğu en kısa ve en uzun değerleri sırası ile 9.26 mm ile Doğu-1-22 genotipi ve 15.14 mm ile Batı-2-198 genotiplerinden elde edilmiş olup, ortalama 12.28 mm olarak bulunmuştur. Kavuz kalınlığı en düşük ve en yüksek değerleri sırası ile; 0.10 mm ile Batı-2-174 genotipi ve 0.49 mm ile Doğu-1-32 genotipinde bulunmuş olup, ortalama 0.24 mm olarak saptanmıştır. Yabani gernik buğday genotiplerinde kavuz yüksekliği en düşük ve en yüksek sırasıyla 1.66 mm ile Doğu-1-213 genotipi ve 3.53 mm ile Batı-1-148 genotipinde elde edilmiş olup, ortalama 2.45 mm olarak bulunmuştur.

Yabani gernik buğday genotiplerinde en kısa anter uzunluğu 2.10 mm ile Doğu-1-5 genotipinde, en uzun anter uzunluğu 5.02 mm ile Batı-2-178 genotipinde bulunmuştur. Yabani gernik buğday genotiplerinde anter uzunluğu ortalaması 3.73 mm olarak bulunmuştur. Yabani gernik buğday genotiplerinde en düşük anter genişliği 0.33 mm ile Doğu-1-22 genotipinde, en yüksek anter genişliği ise 0.93 mm ile Batı-2-174 genotipinde saptanmıştır. Yabani gernik buğday populasyonlarında anter genişliği ortalaması 0.58 mm olarak bulunmuştur.

Çizelge 4.2 incelendiğinde; yabani gernik buğday genotiplerinin olgunlaşma süresinin en kısa 167.00 gün ile Doğu-1-60 genotipinde saptanırken, en uzun olgunlaşma süresinin 215.00 gün ile Doğu-1-17 genotipinde saptandığı anlaşılmaktadır. Yabani gernik buğday populasyonlarında ortalama olgunlaşma süresi 198.00 gün olarak tespit edilmiştir. Mayıs ve Haziran aylarında sıcaklığın artmasının yanında yağışın da giderek düşmesi, bitkiden ve topraktan su kaybını artırmıştır. Bu durum, *Triticum dicoccoides* genotiplerinin erken ve geç başaklanan genotiplerinin yaklaşık olarak benzer tarihlerde olgunlaşmalarına neden olmuştur. Bunun sonucu olarak, erken başaklanan hatlarda başaklanmadan olgunlaşmaya kadar geçen süre uzamış, buna karşılık geç başaklanan hatlarda bu süre kısalmıştır.

Başaklanma-olgunlaşma süresinin populasyonlara göre önemli derecede varyasyon gösterdiği tespit edilmiştir.

T. turgidum ssp. dicoccoides genotiplerinde en düşük bin dane ağırlığı 2.40 g ile Doğu-1-3 genotipinde, en yüksek bin dane ağırlığı 34.00 g ile Batı-1-135 genotipinde tespit edilmiştir. Tüm populasyonlardaki bin dane ağırlığı ortalaması 13.48 g olarak tespit edilmiştir. Özellikle bazı genotiplerde adaptasyon probleminden dolayı bin dane ağırlığı oldukça düşük bulunmuştur. Yücel ve ark. (2003) yabancı gernik buğday genotiplerinde bindane ağırlığının 9.7 g ile 17.6 g arasında değiştiğini rapor etmişlerdir. Yabancı gernik buğday genotiplerinin bin dane ağırlığı ortalaması düşük olmasına rağmen genotipler arasında büyük bir varyasyon saptanmıştır. Bu genetik varyasyonun makarnalık buğday ıslahında amaca uygun olarak kullanılabileceği düşünülmektedir.

4.1.3. Doğu-1 bölgesinden Toplanan Yabancı Gernik Buğday (*T. turgidum ssp. dicoccoides*) Populasyonlarının Morfolojik Özellikleri

Doğu-1 bölgesinden toplanmış olan 21 yabancı gernik buğday populasyonunu (*T. turgidum ssp. dicoccoides*) temsil eden 109 genotipinde incelenmiş olan bazı morfolojik özelliklere ait istatistiksel değerler Çizelge 4.3'te verilmiştir.

Çizelge 4.3. Doğu-1 Yabani Gernik Buğday (*T.turgidum ssp. dicoccoides* Popülasyonlarından Elde Edilen Genotiplerde Morfolojik Özelliklerle İlgili İstatistiksel Değerler

	<i>Triticum dicoccoides</i>				
	Ort.	±	St.Sp	Minimum	Maksimum
Bitki Boyu (cm)	126.33	±	19.67	70.20	166.00
Başaklanma Süresi(gün)	164.37	±	9.12	147.00	187.00
Pedinkul Uzunluğu (cm)	39.15	±	6.81	22.70	53.20
Bayrak Yaprak Uzunluğu (cm)	21.83	±	4.21	7.00	32.60
Bayrak Yaprak Alanı (cm ²)	15.77	±	6.42	2.65	31.09
Kulakçık uzunluğu(mm)	4.49	±	0.68	2.66	6.27
Kulakçık Genişliği (mm)	5.43	±	0.87	3.90	8.18
Başak Uzunluğu (cm)	9.28	±	1.24	5.67	12.03
Başakçık Sayısı (adet)	20.69	±	2.63	12.00	26.33
Başaktaki En Üst Kılçık Uzunluğu (mm)	74.78	±	19.51	31.26	124.68
Başakçıkta 4. Kılçık Uzunluğu (mm)	93.68	±	20.35	40.32	141.06
Başaktaki En Alt Kılçık Uzunluğu (mm)	56.36	±	22.61	8.84	114.32
Başakçık Uzunluğu (mm)	15.52	±	1.49	12.30	19.97
Başakçık Genişliği (mm)	4.74	±	0.88	2.30	7.21
Lemma Uzunluğu (mm)	13.30	±	1.93	9.96	28.62
Lemma Genişliği (mm)	2.50	±	0.34	1.68	3.45
Palea (kapçık) Uzunluğu (mm)	12.32	±	1.20	8.24	15.17
Palea (kapçık) Genişliği (mm)	1.77	±	0.26	1.06	2.45
Glume (kavuz) Uzunluğu (mm)	12.09	±	1.15	9.26	15.02
Glume (kavuz) Kalınlığı (mm)	0.26	±	0.09	0.11	0.49
Glume (kavuz) Yüksekliği (mm)	2.44	±	0.33	1.66	3.35
Anter Uzunluğu (mm)	3.61	±	0.49	2.100	4.57
Anter Genişliği (mm)	0.59	±	0.10	0.33	0.79
Olgunlaşma Süresi (gün)	197.18	±	4.97	167.00	215.00
Bin Dane Ağırlığı (g)	13.69	±	4.69	2.40	25.20

Doğu-1 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinde en kısa bitki boyu 70.20 cm ile Doğu-1-22 genotipinde ve en uzun bitki boyu 166.00 cm ile Doğu-1-48 genotipinde bulunmuştur. Doğu-1 (Diyarbakır ve çevresi) bölgesinden toplanan yabani gernik buğday popülasyonlarının bitki boyu ortalaması 126.33 cm bulunmuştur.

Doğu-1 bölgesindeki yabani gernik buğday genotiplerinin başaklanma süresi; en kısa 147 gün ile Doğu-1-30 genotipinde, en uzun 187 gün ile Doğu-1-17 genotipinde tespit edilmiştir. Ortalama başaklanma süresi ise 164 gün tespit edilmiştir.

Yabani gernik buğday genotiplerinden en üst boğum uzunluğuna ait değerler incelendiğinde; en kısa üst boğum uzunluğu 22.70 cm ile Doğu-1-104 genotipinde ve en uzun üst boğum uzunluğu 53.20 cm ile Doğu-1-39 genotipinde saptanmıştır. Doğu-1 (Diyarbakır ve çevresi) bölgesinden toplanan popülasyonların üst boğum uzunluğu ortalaması 39.15 cm olarak belirlenmiştir. İftikhar ve ark. (2012), yapmış oldukları çalışmada üst boğum uzunluğunun başaklanma ve dane ağırlığı için pozitif etkisi olduğunu belirtmişler, aynı zamanda üst boğum uzunluğunun hem tane veriminin yüksek olmasına hem de başaktaki dane sayısının yüksek olmasına etkisi olduğunu belirtmişlerdir.

Doğu-1 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinde en kısa bayrak yaprak uzunluğu 7.00 cm ile Doğu-1-17 genotipinde en uzun bayrak yaprak uzunluğu 32.60 cm ile Doğu-1-95 genotipinde ölçülmüştür. Doğu-1 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinde bayrak yaprak uzunluk ortalaması 21.83 cm olarak bulunmuştur.

Yabani gernik buğday genotiplerinde en düşük bayrak yaprak alanı 2.65 cm² ile Doğu-1-66 genotipinde, en yüksek bayrak yaprak alanı 31.09 cm² ile Doğu-1-84 genotipinde bulunmuştur. Doğu-1 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinde bayrak yaprak alanı ortalaması 15.77 cm² olarak saptanmıştır. Ünay ve ark. (2005) yapmış oldukları çalışmada bayrak yaprak alanı geniş olan bitkilerin yüksek verimli olabileceğini belirtmişlerdir.

Doğu-1 bölgesinden toplanmış yabani gernik buğday genotiplerinde en kısa kulakçık uzunluğu 2.66 mm ile Doğu-1-7 genotipinde, en uzun kulakçık uzunluğu 6.27 mm ile Doğu-1-100 genotipinde bulunmuştur. İncelenen yabani gernik buğday popülasyonunda kulakçık uzunluğu ortalaması; 4.49 mm olarak saptanmıştır.

Doğu-1 bölgesinden toplanmış yabani gernik buğday genotiplerinin en düşük kulakçık genişliği 3.90 mm ile Doğu-1-71 genotipinde, en yüksek kulakçık genişliği ise 8.18 mm ile Doğu-1-84 genotipinde tespit edilmiştir. İncelenen yabani gernik buğday genotiplerinde kulakçık genişliği ortalaması 5.43 mm olarak bulunmuştur.

Çizelge 4.3 incelendiğinde, Doğu-1 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinde en kısa başak uzunluğunun 5.67 cm ile Doğu-1-104 genotipinde, en uzun başak uzunluğunun ise 12.03 cm ile Doğu-1-67 genotipinde

saptandığı anlaşılmaktadır. Doğu-1 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinin başak uzunluk ortalaması 9.28 cm olarak bulunmuştur.

Doğu-1 popülasyonlarına ait yabani gernik genotiplerinde en az başakçık sayısı 12 adet ile Doğu-1-104 genotipinde, en fazla başakçık sayısı 26.33 adet ile Doğu-1-80 genotipinde tespit edilmiştir. Doğu-1 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday popülasyonlarının başakçık sayısı ortalaması 20.69 adet olarak bulunmuştur.

Doğu-1 bölgesinden toplanmış yabani gernik genotiplerinde başaktaki en üst kılçık uzunluğunun en kısa değeri 31.26 mm ile Doğu-1-223 genotipinde, en uzun değeri ise 124.68 mm ile Doğu-1-35 genotipinde bulunmuştur. İncelenen yabani gernik buğday popülasyonlarında başaktaki en üst kılçık uzunluğu ortalaması ise 74.78 mm olarak saptanmıştır.

Yabani gernik buğday genotiplerindeki başakçıkta 4. çiçek kılçık uzunluğunun en kısa değeri ve en uzun değeri sırasıyla 40.32 mm ile Doğu-1-79 genotipinde, 141.06 mm ile Doğu-1-36 genotipinde tespit edilmiş olup, başakçıkta 4. çiçek kılçık uzunluğu ortalaması 93.68 mm olarak bulunmuştur.

Doğu-1 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinde başaktaki en alt kılçık uzunluğu en kısa 8.84 mm ile Doğu-1-65 genotipinde, en uzun 114.32 mm ile Doğu-1-47 genotipinde bulunmuştur. Doğu-1 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinin başaktaki en alt kılçık uzunluk ortalaması ise 56.36 mm olarak bulunmuştur. Başak kavuzları ve özellikle de kılçıklar tane dolumuna önemli katkı sağlamaktadır (Jianng ve ark., 2006). Li ve ark., (2006), kılçıkların özellikle tane doldurma döneminde iri taneler elde edilmesine katkı sağladığını rapor etmiştir.

İncelenen Doğu-1 yabani gernik buğday genotiplerinde en kısa başakçık uzunluğu 12.30 mm ile Doğu-1-5 genotipinde bulunurken, en uzun başakçık uzunluğu 19.97 mm ile Doğu-1-218 genotipinde bulunmuştur. Başakçık uzunluğu ortalaması 15.52 mm olarak saptanmıştır. Doğu-1 bölgesinden toplanmış yabani gernik buğday genotiplerinde en kısa başakçık genişliği 2.30 mm ile Doğu-1-7 genotipinde tespit edilirken, en uzun başakçık genişliği 7.21 mm ile Doğu-1-89 genotipinde tespit edilmiştir. Başakçık genişliği ortalaması 4.74 mm olarak bulunmuştur.

Doğu-1 bölgesinden toplanmış yabani gernik buğday genotiplerinde en kısa lemma uzunluğu 9.96 mm ile Doğu-1-5, en uzun lemma uzunluğu 28.62 mm ile Doğu-1-74 genotipinde tespit edilmiştir. Lemma (alt iç kavuz) uzunluk ortalaması 13.30 mm olarak tespit edilmiştir.

Doğu-1 bölgesinden (Diyarbakır ve çevresi) toplanan yabani gernik buğday genotiplerinde en düşük lemma genişliği 1.68 mm ile Doğu-1-63 genotipinde, en yüksek lemma genişliği 3.45 mm ile Doğu-1-53 genotipinde belirlenmiştir. Lemma (alt iç kavuz) genişlik ortalaması 2.50 mm olarak saptanmıştır.

Yabani gernik buğday genotiplerinde kapçık uzunluğu 15.17 mm ile Doğu-1-218 genotipinde saptanmıştır. Doğu-1 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday popülasyonlarındaki kapçık uzunluk ortalaması 12.32 mm olarak belirlenmiştir.

Doğu-1 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinde en düşük kapçık genişliği 1.06 mm ile Doğu-1-72 genotipinde, en yüksek kapçık genişliği 2.45 mm ile Doğu-1-32 genotipinde bulunurken, kapçık (üst iç kavuz) genişlik ortalaması 1.77 mm olarak saptanmıştır.

Doğu-1 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinin kavuz uzunluğuna ait en kısa ve en uzun değerleri sırası ile 9.26 mm ile Doğu-1-22 genotipinde ve 15.02 mm ile Doğu-1-8 genotipinde tespit edilmiştir. Doğu-1 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinin kavuz uzunluğu ortalaması ise 12.09 mm olarak tespit edilmiştir.

Doğu-1 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinin kavuz kalınlığına ait en düşük ve en yüksek değerleri sırasıyla 0.11 mm ile Doğu-1-57 genotipinde ve 0.49 mm ile Doğu-1-32 genotipinde bulunmuştur. Doğu-1 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday popülasyonlarının kavuz kalınlığı ortalaması ise 0.26 mm olarak saptanmıştır.

Doğu-1 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinin kavuz yüksekliği; en düşük 1.66 mm ile Doğu-1-213 genotipinde ve en yüksek 3.35 mm ile Doğu-1-48 genotipinde tespit edilmiştir. Kavuz yüksekliği ortalaması ise 2.44 mm olarak tespit edilmiştir.

Doğu-1 bölgesinden toplanmış yabani gernik buğday genotiplerinin en kısa anter uzunluğu 2.10 mm ile Doğu-1-5 ve en uzun anter uzunluğu 4.57 mm ile Doğu-

1-37 bulunmuştur. Genotiplerin anter uzunluğu ortalaması ise 3.61 mm olarak saptanmıştır.

Doğu-1 bölgesinden toplanmış yabani gernik buğday genotiplerinde en düşük anter genişliği 0.33 mm ile Doğu-1-22 genotipinde, en yüksek anter genişliği 0.79 mm ile Doğu-1-44 genotipinde bulunmuştur. Anter genişliği ortalaması 0.59 mm olarak saptanmıştır.

Çizelge 4.3 incelendiğinde yabani gernik buğdayın Doğu-1 popülasyonlarına ait genotiplerin olgunlaşma süresinin en kısa gün 167 gün ile Doğu-1-60 genotipinde saptanırken, olgunlaşma süresi en uzun 215 gün ile Doğu-1-17 genotipinde saptanmıştır. Doğu-1 bölgesi yabani gernik buğday popülasyonlarında ortalama olgunlaşma süresi 197 gün olarak tespit edilmiştir.

Doğu-1 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinin en düşük bin dane ağırlığı 2.40 g ile Doğu-1-3 genotipinde, en yüksek bin dane ağırlığı 25.20 g ile Doğu-1-59 genotipinde tespit edilmiştir. Bin dane ağırlığı ortalaması ise 13.69 g olarak bulunmuştur.

4.1.4. Batı-1 Yabani Gernik Buğday (*T. turgidum* ssp. *dicoccoides*) Populasyonlarında Morfolojik Özellikleri

Batı-1 bölgesinden toplanmış olan 8 yabani gernik buğday popülasyonunun (*T.turgidum* ssp. *dicoccoides*) temsil eden 32 genotipinden elde edilen morfolojik özelliklere ait ortalama, standart sapma, en düşük ve en yüksek değerler Çizelge 4.4'te verilmiştir.

Çizelge 4.4. Batı-1 Yabani Gernik Buğday (*T. turgidum ssp. dicoccoides*) Popülasyonlarına ait Genotiplerde Saptanan Morfolojik Özelliklerle İlgili İstatistik Değerler

<i>Triticum dicoccoides</i>					
ÖZELLİKLER	Ort.	±	St.Sp	Minimum	Maksimum
Bitki Boyu (cm)	120.86	±	21.13	61.67	147.20
Başaklanma süresi (gün)	170.38	±	7.08	158.00	187.00
Peduncul Uzunluğu (cm)	33.52	±	6.50	16.70	45.60
Bayrak Yaprak Uzunluğu (cm)	24.61	±	4.18	14.13	32.27
Bayrak Yaprak Alanı (cm ²)	16.74	±	5.34	8.66	25.23
Kulakçık Uzunluğu (mm)	4.42	±	0.56	2.80	5.54
Kulakçık Genişliği (mm)	5.53	±	1.01	2.76	7.11
Başak Uzunluğu (cm)	8.88	±	1.09	5.50	10.90
Başakçık Sayısı (adet)	18.54	±	1.87	15.00	22.33
Başaktaki En Üst Kılçık Uzunluğu(mm)	80.65	±	16.12	42.44	115.70
Başakçıkta4.ÇiçekKılçıkUzunluğu(mm)	99.49	±	15.98	52.18	126.71
Başaktaki En Alt Kılçık Uzunluğu (mm)	67.22	±	20.27	26.99	108.49
Başakçık Uzunluğu (mm)	16.14	±	1.52	13.27	19.53
Başakçık Genişliği (mm)	4.39	±	0.71	3.22	7.11
Lemma (Altıç Kavuz) Uzunluğu (mm)	13.90	±	1.31	10.80	15.92
Lemma (Alt İç Kavuz) Genişliği (mm)	2.51	±	0.28	2.13	3.20
Kapçık (Üstüç Kavuz) Uzunluğu (mm)	12.85	±	1.01	10.92	14.62
Kapçık (Üst İç Kavuz) Genişliği (mm)	1.74	±	0.24	1.35	2.48
Glume (Kavuz) Uzunluğu (mm)	12.64	±	1.06	10.48	14.44
Glume (Kavuz) Kalınlığı (mm)	0.21	±	0.08	0.13	0.45
Glume (Kavuz) Yüksekliği (mm)	2.42	±	0.31	1.94	3.53
Anter Uzunluğu (mm)	3.79	±	0.46	2.84	4.70
Anter Genişliği (mm)	0.54	±	0.09	0.40	0.74
Olgunlaşma süresi (gün)	199.48	±	4.03	190.00	207.00
Bin dane ağırlığı (g)	13.10	±	5.08	7.10	34.00

Ort: Ortalama St.Sp.: Standart sapma

Çizelge 4.4 incelendiğinde Batı-1 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinde en kısa bitki boyunun 61.67 cm ile Batı-1-122 genotipinde ve en uzun bitki boyu ise 147.20 cm ile Batı-1-233 genotipinde saptandığı izlenmektedir. Batı-1 bölgesinden (Kahramanmaraş ve çevresi) toplanan yabani gernik buğday popülasyonlarının bitki boyu ortalaması 120.86 cm olarak bulunmuştur.

Batı-1 bölgesinden toplanmış yabani gernik buğday genotiplerinin başaklanma süresi en kısa 158 gün ile Batı-1-133 genotipinde, en uzun 187 gün ile

Batı-1-144 genotipinde tespit edilmiştir. Ortalama başaklanma süresi 170 gün olarak tespit edilmiştir.

Çalışmada incelenen Batı-1 yabani gernik buğday genotiplerinin kısa üst boğum arası uzunluğu 16.70 cm ile Batı-1-136 genotipinde ve en uzun üst boğum arası uzunluğu ise 45.60 cm ile Batı-1-148 genotipinde bulunmuştur. Batı-1 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinin üst boğum arası uzunluğu ortalaması 33.52 cm olarak tespit edilmiştir.

Batı-1 bölgesinden toplanmış yabani gernik buğday genotiplerinde en düşük bayrak yaprak uzunluğu 14.13 cm ile Batı-1-144 genotipinde, en yüksek bayrak yaprak uzunluğu 32.27 cm ile Batı-1-233 genotipinde saptanmıştır. Batı-1 bölgesinden toplanmış yabani gernik buğday genotiplerinin bayrak yaprak uzunluğu ortalaması 24.61 cm olarak bulunmuştur.

Batı-1 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinde en düşük bayrak yaprak alanı 8.66 cm² ile Batı-1-122 genotipinde, en yüksek bayrak yaprak alanı ise 25.23 cm² ile Batı-1-233 genotipinde bulunmuştur. Batı-1 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinde bayrak yaprak alanı ortalaması ise 16.74 cm² olarak bulunmuştur.

Batı-1 yabani gernik buğday genotiplerinin en kısa kulakçık uzunluğu 2.80 mm ile Batı 1-122 genotipinde, en uzun kulakçık uzunluğu ise 5.54 mm ile Batı 1-233 genotipinde bulunmuştur. Batı 1 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday popülasyonlarında kulakçık uzunluğu ortalaması 4.42 mm olarak saptanmıştır. Yaprak ayasının devamı durumunda olan kulakçık; boğum arasını sıkıca sararak hastalık etmenlerini engellemekte, ayrıca oluk görevi görerek suyun kınla sap arasına girmesini engellemektedir.

Çizelge 4.4 incelendiğinde Batı-1 bölgesinden toplanmış yabani gernik buğday genotiplerinde en düşük kulakçık genişliğinin 2.76 mm ile Batı 1-122 genotipinde ve en yüksek kulakçık genişliğinin ise 7.11 mm ile Batı 1-131 genotipinde saptandığı anlaşılmaktadır. Batı 1 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday popülasyonunda kulakçık genişliği ortalaması 5.53 mm olarak saptanmıştır.

Batı-1 bölgesinden toplanmış yabani gernik buğday genotiplerinde en kısa başak uzunluğu 5.50 cm ile Batı 1-122 genotipinde ve en uzun başak uzunluğu 10.90

cm ile Batı 1-249 genotipinde bulunmuştur. Batı-1 bölgesinden toplanmış yabancı gernik buğday popülasyonlarının başak uzunluğu ortalaması 8.88 cm olarak bulunmuştur.

İncelenen yabancı gernik buğday genotiplerinde en az başakçık sayısı 15adet ile Batı-1-122 genotipinde ve en fazla başakçık sayısı ise 22.33 adet ile Batı-1-133 genotipinde bulunmuştur. Batı-1 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının başakçık sayısı ortalama 18.54 adet olarak bulunmuştur.

Batı-1 bölgesinden toplanmış yabancı gernik buğday genotiplerinde başaktaki en üst kılçık uzunluğunun en kısa değeri 42.44 mm ile Batı-1-125 genotipinde, en uzun değeri ise 115.70 mm ile Batı-1-142 genotipinde bulunmuştur. Batı-1 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday genotiplerinin başaktaki en üst kılçık uzunluğu ortalaması 80.65 mm olarak bulunmuştur.

Yabancı gernik buğday genotiplerinin başakçıktaki 4. çiçek kılçık uzunluğunun en kısa ve en uzun değeri sırasıyla 52.18 mm ile Batı-1-125 genotipinde ve 126.71 mm ile Batı-1-249 genotipinde tespit edilmiştir. Batı-1 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday genotiplerinin başakçıktaki 4. çiçek kılçık uzunluğu ortalaması 99.49 cm olarak tespit edilmiştir.

Batı-1 bölgesini temsil eden yabancı gernik buğday genotiplerinde başaktaki en alt kılçık uzunluğu en kısa 26.99 cm ile Batı-1-145 genotipinde, en uzun ise 108.49 cm ile Batı-1-150 genotipinde bulunmuştur. Batı-1 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday genotiplerinde en alt kılçık uzunluğu ortalaması 67.22 cm olarak bulunmuştur.

Batı-1 bölgesinden toplanmış yabancı gernik buğday genotiplerinde en kısa başakçık uzunluğu 13.27 mm ile Batı-1-143 genotipinde bulunurken, en uzun başakçık uzunluğu 19.53 mm ile Batı-1-138 genotipinde bulunmuştur. Batı-1 bölgesinden toplanmış yabancı gernik buğday popülasyonlarında başakçık uzunluğu ortalaması 16.14 mm olarak saptanmıştır.

Batı-1 bölgesinden toplanmış yabancı gernik buğday genotiplerinde en düşük başakçık genişliği 3.22 mm ile Batı-1-122 genotipinde, en yüksek başakçık genişliği ise 7.11 mm ile Batı-1-148 genotipinde bulunmuştur. Batı-1 bölgesinden toplanan

yabani gernik buğday genotiplerinde başakçık genişliği ortalaması 4.39 mm olarak bulunmuştur.

Batı-1 bölgesinden toplanmış yabani gernik buğday genotiplerinde en kısa lemma uzunluğu 10.80 mm ile Batı-1-143 genotipinde, en uzun lemma uzunluğu 15.92 mm ile Batı-1-138 genotipinde saptanmıştır. Batı-1 bölgesi yabani gernik buğday genotiplerinde lemma uzunluk ortalaması 13.90 mm olarak bulunmuştur.

Batı-1 bölgesinden toplanmış yabani gernik buğday genotiplerinde en düşük lemma genişliği 2.13 mm ile Batı-1-123 genotipinde, en yüksek lemma genişliği 3.20 mm Batı-1-148 genotipinde tespit edilmiştir. Batı-1 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday popülasyonlarında lemma genişlik ortalaması 2.51 mm olarak saptanmıştır.

Batı-1 bölgesinden toplanmış yabani gernik buğday genotiplerinin en kısa kapçık uzunluğu 10.92 mm ile Batı-1-32 genotipinde, en uzun kapçık uzunluğu ise 14.62 mm ile Batı-1-38 genotipinde bulunmuştur. Batı-1 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday popülasyonunda kapçık uzunluk ortalaması 12.85 mm olarak saptanmıştır.

Batı-1 bölgesinden toplanmış yabani gernik buğday genotiplerinde en düşük kapçık genişliği 1.35 mm ile Batı-1-136 genotipinde, en yüksek kapçık genişliği ise 2.48 mm ile Batı-1-124 genotipinde bulunmuştur. Batı-1 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinde kapçık genişlik ortalaması 1.74 mm olarak bulunmuştur.

Batı-1 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinin kavuz uzunluğunun en kısa ve en uzundeğerleri sırasıyla 10.48 mm ile Batı-1-135 genotipinde, 14.44 mm ile Batı-1-141 genotipinde tespit edilmiştir. Batı-1 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinin kavuz uzunluğu ortalaması 12.64 mm olarak saptanmıştır.

Yabani gernik buğday genotiplerinin kavuz yüksekliğinin en düşük ve en yüksek değerleri sırasıyla 1.94 mm ile Batı-1-122 genotipinde, 3.53 mm ile Batı-1-148 genotipinde tespit edilmiştir. Batı-1 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinin kavuz yüksekliği ortalaması 2.42 mm olarak bulunmuştur.

Batı-1 bölgesinden toplanmış yabancı gernik buğday genotiplerinin en kısa anter uzunluğu 2.84 mm ile Batı-1-137 genotipinde, en uzun anter uzunluğu 4.70 mm ile Batı-1-249 genotipinde bulunmuştur. Batı-1 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday genotiplerinin anter uzunluğu ortalaması 3.79 mm olarak saptanmıştır.

Batı-1 bölgesinden toplanmış yabancı gernik buğday genotiplerinin en düşük anter genişliği 0.40 mm ile Batı-1-151 genotipinde, en yüksek anter genişliği ise 0.74 mm ile Batı-1-122 genotipinde bulunmuştur. Batı-1 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday genotiplerinin anter genişliği ortalaması 0.54 mm olarak saptanmıştır.

Batı-1 bölgesinden toplanmış yabancı gernik buğday genotiplerinin olgunlaşma süresi; en kısa 190 gün ile Batı-1-143 genotipinde, en uzun 207 gün ile Batı-1-144 genotipinde tespit edilirken, ortalama olgunlaşma süresi 199 gün tespit olarak edilmiştir. Genç., (1974), yapmış olduğu bir araştırmada erken başaklanan bireylerin olgunlaşma süresinin daha uzun olduğunu belirtmiştir.

Batı-1 bölgesinden toplanmış yabancı gernik buğday genotiplerinde en düşük bindane ağırlığı 7.10 g ile Batı-1-145 genotipinde ve en yüksek bindane ağırlığı 34 g ile Batı-1-135 genotipinde bulunurken, bin dane ağırlığı ortalaması 13.10 g olarak saptanmıştır.

4.1.5. Batı-2 Yabancı Gernik Buğday (*T. turgidum* ssp. *dicoccoides*) Popülasyonlarında Morfolojik Özellikleri

Batı-2 bölgesinden toplanmış olan 9 yabancı gernik buğday popülasyonunu (*T.turgidum* ssp. *dicoccoides*) temsil eden 35 genotipin bazı morfolojik özelliklerine ait ortalama, standart sapma, en yüksek ve en düşük değerler Çizelge 4.5'te verilmiştir.

Çizelge 4.5. Batı-2 Yabani Gernik Buğday (*T.turgidum ssp. dicoccoides*) Popülasyonlarına Ait Genotiplerde Morfolojik Özelliklerle ilgili İstatistik Değerler Varyasyonu

<i>Triticum dicoccoides</i>					
ÖZELLİKLER	Ort.	±	St.Sp.	Minimum	Maksimum
Bitki Boyu (cm)	129.73	±	17.32	95.20	163.60
Başaklanma süresi (gün)	167.49	±	4.58	156.00	174.00
Peduncul Uzunluğu (cm)	42.28	±	5.21	34.20	52.00
Bayrak Yaprak Uzunluğu (cm)	24.39	±	4.34	14.77	31.00
Bayrak Yaprak Alanı (cm ²)	17.85	±	6.12	4.18	28.02
Kulakçık Uzunluğu (mm)	4.60	±	0.63	3.65	5.93
Kulakçık Genişliği (mm)	5.21	±	0.90	3.44	6.95
Başak Uzunluğu (cm)	8.96	±	1.10	6.73	11.33
Başakçık Sayısı (adet)	19.02	±	1.87	14.33	23.33
Başaktaki En Üst Kılçık Uzunluğu(mm)	76.57	±	17.98	45.82	111.11
Başakçiktaki4.ÇiçekKılçıkUzunluğu(mm)	100.50	±	18.76	65.34	137.20
Başaktaki En Alt Kılçık Uzunluğu (mm)	61.15	±	20.09	15.23	108.79
Başakçık Uzunluğu (mm)	16.08	±	1.24	13.88	18.71
Başakçık Genişliği (mm)	4.69	±	0.73	3.43	6.74
Lemma (Alt İç Kavuz) Uzunluğu (mm)	13.72	±	1.01	11.44	15.68
Lemma (Alt İç Kkavuz) Genişliği (mm)	2.62	±	0.43	1.51	3.42
Kapçık (Üs İç kavuz) Uzunluğu (mm)	12.74	±	0.97	10.42	14.82
Kapçık (Üst İç kavuz) Genişliği (mm)	1.88	±	0.75	1.09	5.79
Glume (Kavuz) Uzunluğu (mm)	12.55	±	1.02	10.54	15.14
Glume (Kavuz) Kalınlığı (mm)	0.20	±	0.06	0.10	0.38
Glume (Kavuz) Yüksekliği (mm)	2.54	±	0.42	1.72	3.25
Anter Uzunluğu (mm)	4.05	±	0.45	2.92	5.02
Anter Genişliği (mm)	0.58	±	0.12	0.40	0.93
Olgunlaşma süresi (gün)	199.86	±	2.48	194.00	203.00
Bin dane ağırlığı (g)	13.45	±	4.17	6.50	26.00

Ort: Ortalama St.Sp.: Standart sapma

Çizelge 4.5 incelendiğinde Batı-2 yabani gernik buğday genotiplerinde en kısa bitki boyunun 95.20 cm ile Batı-2-164 genotipinde ve en uzun bitki boyunun 163.60 cm ile Batı-2-172 genotipinde saptandığı izlenmektedir. Batı-2 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinde bitki boyu ortalaması 129.73 cm olarak saptanmıştır.

Batı-2 bölgesinden toplanmış yabani gernik buğday genotiplerinin başaklanma süresi en kısa 156 gün ile Batı-2-163 genotipinde, en uzun 174 gün ile Batı-2-168, Batı-2-198, Batı-2-207, Batı-2-209 genotiplerinde bulunmuş olup, ortalama başaklanma süresi 168 gün olarak tespit edilmiştir.

Batı-2 bölgesinden toplanmış yabani gernik buğday genotiplerinde en kısa üst boğum arası uzunluğu 34.20 cm ile Batı-2-154 genotipinde, en uzun üst boğum arası uzunluğu 52.00 cm ile Batı-2-172 genotipinde bulunmuştur. Batı-2 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinin üst boğum arası uzunluğu ortalaması 42.28 cm olarak saptanmıştır.

Batı-2 bölgesinden (Gaziantep ve çevresi) toplanmış yabani gernik buğday genotiplerinde en kısa bayrak yaprak uzunluğu 14.77 cm ile Batı-2-159 genotipinde ve en uzun bayrak yaprak uzunluğu 31.00 cm ile Batı-2-171 genotipinde bulunmuştur. Batı-2 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday popülasyonlarının bayrak yaprak uzunluğu ortalaması 24.39 cm olarak saptanmıştır.

Batı-2 bölgesinden toplanmış yabani gernik buğday genotiplerinde en düşük bayrak yaprak alanı 4.18 cm² ile Batı-2-168 genotipinde, en yüksek bayrak yaprak alanı ise 28.02 cm² ile Batı-2-175 genotipinde bulunmuştur. Batı-2 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinin bayrak yaprak alanı ortalaması 17.85 cm² olarak saptanmıştır.

Batı-2 bölgesinden toplanmış yabani gernik buğday genotiplerinde en kısa kulakçık uzunluğu 3.65 mm ile Batı-2-173 genotipinde, en uzun kulakçık uzunluğu ise 5.93 mm ile Batı-2-165 genotipinde bulunmuştur. Batı-2 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinin kulakçık uzunluğu ortalaması 4.60 mm olarak saptanmıştır.

İncelenen yabani gernik buğday genotiplerinde, en düşük kulakçık genişliği 3.44 mm ile Batı-2-209 genotipinde, en yüksek kulakçık genişliği ise 6.95 mm ile

Batı-2-161 genotipinde saptanmıştır. Batı-2 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinin kulakçık genişliği ortalaması 5.21 mm olarak bulunmuştur.

Batı-2 bölgesinden toplanmış yabani gernik buğday genotiplerinde en kısa başak uzunluğu 6.73 cm ile Batı-2-169 genotipinde, en uzun başak uzunluğu 11.33 cm ile Batı-2-172 genotipinde bulunmuştur. Batı-2 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinde başak uzunluğu ortalaması 8.96 cm olarak saptanmıştır.

Çizelge 4.5 incelendiğinde Batı-2 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinde en az başakçık sayısının 14.33 adet ile Batı-2-169 genotipinde, en fazla başakçık sayısı 23.33 adet ile Batı-2-210 genotipinde saptandığı anlaşılmaktadır. Batı-2 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinin başakçık sayısı ortalaması 19.02 adet olarak saptanmıştır.

Batı-2 yabani gernik buğday genotiplerinin başaktaki en üst kılçık uzunluğu; en kısa 45.82 mm ile Batı-2-162 genotipinde ve en uzun 111.11 mm ile Batı-2-198 genotipinde bulunmuştur. Batı-2 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinin başaktaki en üst kılçık uzunluğu ortalaması 76.57 mm olarak saptanmıştır.

Batı-2 bölgesinden toplanmış yabani gernik buğday genotiplerinin başakçığındaki 4. çiçek kılçık uzunluğunun en kısa ve en uzun değeri sırasıyla; 65.34 cm ile Batı-2-169 genotipinde ve 137.20 cm ile Batı-2-178 genotipinde tespit edilmiştir. Batı-2 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinin başakçığındaki 4. çiçek kılçık uzunluğu ortalaması 100.50 cm olarak saptanmıştır.

Batı-2 bölgesinden toplanmış yabani gernik buğday genotiplerinde başaktaki en alt kılçık uzunluğunun en kısa değeri 15.23 mm ile Batı-2-194 genotipinde ve en uzun değeri ise 108.79 mm ile Batı-2-178 genotipinde bulunmuştur. Batı-2 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinin başaktaki en alt kılçık uzunluğu ortalaması 61.15 mm olarak saptanmıştır.

Batı-2 bölgesinden toplanmış yabani gernik buğday genotiplerinin en kısa başakçık uzunluğu 13.88 mm ile Batı-2-179 genotipinde bulunurken, en uzunbaşakçık uzunluğu 18.71 mm ile Batı-2-198 genotipinde bulunmuştur. Batı-2

bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinin başakçık uzunluğu ortalaması 16.08 mm olarak saptanmıştır.

Batı-2 bölgesinden toplanmış yabani gernik buğday genotiplerinin en düşük başakçık genişliği 3.43 mm ile Batı-2-171 genotipinde, en yüksek başakçık genişliği ise 6.74 mm ile Batı-2-178 genotipinde bulunmuştur. Batı-2 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinin başakçık genişliği ortalaması 4.69 mm saptanmıştır.

Batı-2 yabani gernik buğday genotiplerinde en kısa lemma uzunluğu 11.44 mm ile Batı-2-171 genotipinde ve en uzun lemma uzunluğu 15.68 mm ile Batı-2-198 genotipinde tespit edilmiştir. Batı-2 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerine ait lemma uzunluk ortalaması 13.72 mm olarak bulunmuştur.

Batı-2 bölgesinden toplanmış yabani gernik buğday genotiplerinde en düşük lemma genişliği 1.51 mm ile Batı-2-171 genotipinde, en yüksek lemma genişliği ise; 3.42 mm ile Batı-2-193 genotipinde saptanmıştır. Batı-2 yabani gernik buğday genotiplerine ait lemma genişlik ortalaması 2.62 mm olarak saptanmıştır.

İncelenen Batı-2 yabani gernik buğday genotiplerinde en kısa kapçık uzunluğu 10.42 mm ile Batı-2-171 genotipinde, en uzun kapçık uzunluğu 14.82 mm ile Batı-2-178 genotipinde tespit edilmiştir. Batı-2 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerine ait kapçık uzunluk ortalaması 12.74 mm olarak tespit edilmiştir.

Batı-2 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinde en düşük kapçık genişliği 1.09 mm ile Batı-2-171 genotipinde, en yüksek kapçık genişliği 5.79 mm ile Batı-2-191 genotipinde bulunmuştur. Batı-2 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinde kapçık genişlik ortalaması 1.88 mm olarak tespit edilmiştir.

Batı-2 yabani gernik buğday genotiplerinde kavuz uzunluğu en kısa ve en uzun değerleri sırasıyla 10.54 mm ile Batı-2-171 genotipinde ve 15.14 mm ile Batı-2-198 genotipinde bulunmuştur. Batı-2 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerine ait kavuz uzunluğu ortalaması 12.55 mm olarak saptanmıştır.

Yabani gernik buğday genotiplerinde kavuz kalınlığına ait en düşük ve en yüksek değerleri sırasıyla 0.10 mm ile Batı-2-174 genotipinde ve 0.38 mm ile Batı-

2-198 genotipinde tespit edilmiştir. Batı-2 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday genotiplerine ait kavuz kalınlığı ortalaması 0.20 mm olarak bulunmuştur.

Yabancı gernik buğday genotiplerinin kavuz yüksekliğine ait en düşük ve en yüksek değerler sırasıyla 1.72 mm ile Batı-2-171 genotipinde ve 3.25 mm ile Batı-2-162 genotipinde saptanmıştır. Batı-2 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday genotiplerine ait kavuz yüksekliği ortalaması 2.54 mm olarak bulunmuştur.

Batı-2 yabancı gernik buğday genotiplerinin en kısa anter uzunluğu 2.92 mm ile Batı-2-171 genotipinde ve en uzun anter uzunluğu 5.02 mm ile Batı-2-178 genotipinde saptanmıştır. Batı-2 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday genotiplerinde anter uzunluğu ortalaması 4.05 mm olarak bulunmuştur.

Batı-2 bölgesinden toplanmış yabancı gernik buğday genotiplerinde en düşük anter genişliği 0.40 mm ile Batı-2-210 genotipinde, en yüksek anter genişliği ise 0.93 mm ile Batı-2-174 genotipinde bulunmuştur. Batı-2 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday genotiplerinde anter genişliği ortalaması 0.58 mm olarak saptanmıştır.

Batı-2 bölgesinden toplanmış 9 adet yabancı gernik buğday popülasyonlarının olgunlaşma süresi; en kısa 194 gün ile Batı-2-163 genotipinde ve en uzun 203 gün ile Batı-2-169-Batı-2-198 genotiplerinde tespit edilmiştir. Ortalama olgunlaşma süresi; 200 gün olarak tespit edilmiştir.

Batı-2 bölgesinden toplanmış yabancı gernik buğday genotiplerinde en düşük bin dane ağırlığı 6.5 g ile Batı-2-158 genotipinde bulunurken, en yüksek bin dane ağırlığı 26.00 g ile Batı-2-207 genotipinde bulunmuştur. Batı-2 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday genotiplerinde bindane ağırlığı ortalaması 13.45 g olarak saptanmıştır.

4.1.6. Doğu-1, Batı-1 ve Batı-2 Bölgelerine ait Yabancı Gernik Buğday Popülasyonlarının Morfolojik Özelliklerinin Karşılaştırılması

Çizelge 4.6 incelendiğinde, Doğu-1 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday genotiplerinin bitki boyu ortalaması 126.33 cm olarak bulunurken, Batı-1 bölgesinde bitki boyu 120.86 cm ve Batı-2 bölgesinde bitki boyu ise 129.73 cm olarak bulunmuştur.

Doğu-1 yabancı gernik buğday genotiplerinin başaklanma süresi ortalama 164 gün, Batı-1 bölgesinde ortalama 170 gün, Batı-2 bölgesinde ise ortalama 168 gün olarak saptanmıştır. Özellikle Doğu-1 bölgesindeki yabancı gernik buğday genotiplerinin Batı-1 ve Batı-2 bölgesindeki yabancı gernik buğday genotiplerine göre daha erkenci olduğu tespit edilmiştir. Kato ve ark. (1998) İsrail’den toplanmış olan 404 adet yabancı gernik buğday genotipinde başaklanma tarihlerinin 6 Nisan ile 8 Mayıs arasında değiştiğini ve başaklanma tarihi bakımından oldukça geniş bir varyasyonun bulunduğunu rapor etmişlerdir.

Doğu-1 bölgesinden toplanan üst boğum arası uzunluğu ortalaması 39.15 cm bulunmuştur. Batı-1 (33.52 cm) bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının üst boğum arası uzunluğu ortalamasından yüksek bulunurken, Batı-2 (42.28 cm) bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının üst boğum arası uzunluğu ortalamasından düşük bulunmuştur. Batı-1 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının üst boğum arası uzunluğu ortalaması Batı-2 bölgesinden toplananların üst boğum arası uzunluğu ortalamasından düşük tespit edilmiştir.

Doğu-1 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının bayrak yaprak uzunluk ortalaması 21.83 cm bulunmuştur ve bu değer Batı-1 (24.61 cm) bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının bayrak yaprak uzunluğu ile Batı-2 (24.39 cm) bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının bayrak yaprak uzunluğu ortalamasından düşük bulunmuştur. Batı-1 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının bayrak yaprak uzunluk ortalaması Batı-2 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının bayrak yaprak uzunluk ortalamasından yüksek bulunmuştur.

Doğu-1 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının bayrak yaprak alanı ortalaması 15.77 cm² olarak bulunmuş olup; bu değer Batı-1 (16.74 cm²) ve Batı-2 (17.85 cm²) bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının bayrak yaprak alanı ortalamasından düşüktür. Batı-1 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının bayrak yaprak alanı ortalaması ise Batı-2 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının bayrak yaprak alanı ortalamasından düşük bulunmuştur.

Doğu-1 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday popülasyonlarının kulakçık uzunluğu ortalaması 4.49 mm olarak tespit edilirken; bu değer Batı-1 (4.42 mm) bölgesinden toplanan yabani gernik buğday popülasyonlarının ortalamasından yüksek, Batı-2 (4.60 mm) bölgesinden toplanan yabani gernik buğday popülasyonlarının ortalamasından düşüktür. Batı-1 ve Batı-2 alanından toplanan yabani gernik buğday popülasyonlarının kulakçık uzunluğu ortalaması ise birbirine benzer bulunmuştur.

Doğu-1 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday popülasyonlarının kulakçık genişliği ortalaması 5.43 mm olarak bulunmuştur. Bu değer Batı-1 (5.53 mm) bölgesinden toplanan kulakçık genişliği ortalamasından düşük bulunurken, Batı-2 (5.21 mm) bölgesinden toplanan yabani gernik buğday popülasyonlarının ortalamasından yüksek bulunmuştur. Batı-1 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday popülasyonlarının kulakçık genişliği ortalaması Batı-2 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday popülasyonlarının kulakçık genişliği ortalamasından yüksek bulunmuştur.

Doğu-1 yabani gernik buğday popülasyonlarının başak uzunluk ortalaması 9.28 cm olarak bulunmuştur. Doğu-1 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday popülasyonlarının başak uzunluğu ortalaması, Batı-1 (8.88 mm) ve Batı-2 (8.96 mm) bölgesinden toplanan yabani gernik buğday popülasyonlarının ortalamasından yüksek bulunmuştur. Batı-1 ve Batı-2 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday popülasyonlarının başak uzunluk ortalaması kendi aralarında karşılaştırıldığında birbirine benzer değerler tespit edilmiştir.

Doğu-1 popülasyonlarının başakçık sayısı ortalaması; 20.69 adet olarak bulunmuştur. Doğu-1 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday popülasyonlarının başakçık sayısı ortalaması; Batı-1 (18.54 adet) ve Batı-2 (19.02 adet) bölgesinden toplanan yabani gernik buğday popülasyonlarının başakçık sayısı ortalamasından yüksek bulunmuştur. Batı-1 bölgesindeki yabani gernik buğday popülasyonlarının başakçık sayısı ortalaması Batı-2 alanından toplanan başakçık sayısı ortalamasına benzer bulunmuştur. Aktaş (2010) kurak koşulların, başaktaki başakçık ve başakçıkta çiçek sayısının azalmasına ya da tozlanan çiçeklerin ölümüne neden olarak başaktaki tane sayısında azalmalara neden olduğunu ifade etmiştir.

İncelenen Doğu-1 yabancı gernik buğday popülasyonlarına ait başaktaki en üst kılçık uzunluğu ortalaması 74.78 mm olarak bulunurken, bu değer Batı-1 (80.65 mm) ve Batı-2 (76.57 mm) bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının ortalamasından düşük bulunmuştur. Batı-1 ve Batı-2 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonları karşılaştırıldığında üst kılçık uzunluğu ortalaması Batı-1 de daha yüksek tespit edilmiştir.

Yabancı gernik buğday popülasyonlarının başakçığındaki 4. çiçek kılçık uzunluğu ortalaması 93.68 mm olarak tespit edilirken, bu değer Batı-1 (99.49 mm) ve Batı-2 (100.50 mm) bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının ortalamasından düşük bulunmuştur. Batı-1 ve Batı-2 yabancı gernik buğday popülasyonlarının ortalaması incelendiğinde ise Batı-1 popülasyonda başakçığındaki 4. çiçek kılçık uzunluğu ortalaması Batı-2 popülasyonlarında saptanan ortalama göre daha düşük tespit edilmiştir.

Doğu-1 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının başaktaki en alt kılçık uzunluğu ortalaması, 56.36 mm olarak bulunurken; bu değer Batı-1 (67.22 mm) ve Batı-2 (61.15 mm) bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının ortalamasından düşük bulunmuştur. Batı-1 (67.22 mm) bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının ortalaması Batı-2 (61.15 mm) bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının ortalamasından yüksek bulunmuştur.

Doğu-1 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının başakçık uzunluğu ortalaması (15.52 mm); Batı-1 (16.14 mm) ve Batı-2 (16.08 mm) bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının ortalamasından düşük bulunmuştur. Batı-1 ve Batı-2 yabancı gernik buğday popülasyonlarının başakçık uzunluğu ortalaması birbirine benzer bulunmuştur.

Doğu-1 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının başakçık genişliği ortalaması, 4.74 mm olarak bulunurken; bu değer Batı-1 (4.39 mm) ve Batı-2 (4.69 mm) bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının ortalamasından yüksek bulunmuştur. Batı-1 ve Batı-2 yabancı gernik buğday popülasyonlarının başakçık genişliği ortalaması karşılaştırıldığında Batı-1 popülasyonunun ortalaması düşük bulunmuştur.

İncelenen popülasyonlar arasında Doğu-1 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının lemma uzunluk ortalaması 13.30 mm olarak tespit edilmiştir. Doğu-1 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının lemma uzunluk ortalaması, Batı-1 (13.90 mm) bölgesinden toplanan yabancı gernik genotiplerinin lemma) uzunluk ortalamasından ve Batı-2 (13.72 mm) bölgesinden toplanan yabancı gernik genotiplerinin lemma uzunluk ortalamasından düşük bulunmuştur. Batı-1 ve Batı-2 bölgesinin lemma uzunluk ortalaması birbirine benzer bulunmuştur.

Doğu-1 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarındaki kapçık uzunluk ortalaması; 12.32 mm olarak saptanmıştır.. Doğu-1 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarındaki kapçık uzunluk ortalaması; Batı-1 (12.85 mm) ve Batı-2 (12.74 mm) bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının kapçık uzunluk ortalamasından düşük bulunmuştur. Batı-1 ve Batı-2 bölgesinden toplanan popülasyonların kapçık uzunluk ortalamaları birbirine benzer bulunmuştur.

Doğu-1 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının kapçık genişlik ortalaması 1.77 mm olarak bulunmuştur. Doğu-1 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının kapçık genişlik ortalaması; Batı-1 (1.74 mm) bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının kapçık uzunluk ortalamasından yüksek bulunurken, Batı-2 (1.88 mm) bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının kapçık genişlik ortalamasından düşük bulunmuştur. Batı-1 ve Batı-2 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının kapçık genişlik ortalaması birbirine benzer bulunmuştur.

Doğu-1 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının kavuz uzunluğu ortalaması 12.09 mm olarak saptanmıştır. Doğu-1 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının kavuz uzunluğu ortalaması; Batı-1 (12.64 mm) ve Batı-2 (12.55 mm) bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının ortalamasından düşük tespit edilmiştir. Batı-1 ve Batı-2 yabancı gernik buğday popülasyonlarının kavuz uzunluğu ortalamaları benzer bulunmuştur.

İncelenen Doğu-1 yabancı gernik buğday popülasyonlarının kavuz kalınlığı ortalaması 0.26 mm olarak bulunmuştur. Doğu-1 bölgesinden toplanan yabancı gernik

buğday popülasyonlarının kavuz kalınlığı ortalaması Batı-1 (0.21 mm) ve Batı-2 (0.20 mm) bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının kavuz kalınlığı ortalamasından yüksek bulunmuştur. Batı-1 ve Batı-2 bölgesinden toplanan yabancı gernik popülasyonlarının kavuz kalınlığı ortalamaları benzer bulunmuştur.

Doğu-1 yabancı gernik buğday popülasyonlarının kavuz yüksekliği ortalaması; 2.44 mm olarak tespit edilmiştir. Doğu-1 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının kavuz yükseklik ortalaması, Batı-1 (2.42 mm) bölgesinden toplanan yabancı gernik genotiplerinin kavuz yükseklik ortalamasına benzer bulunurken, Batı-2 (2.54 mm) bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının kavuz yükseklik ortalamasından düşük bulunmuştur. Batı-1 yabancı gernik buğday popülasyonlarının kavuz yükseklik ortalaması Batı-2 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının kavuz yükseklik ortalamasından düşük bulunmuştur.

Doğu-1 yabancı gernik buğday popülasyonlarının anter uzunluğu ortalaması 3.61 mm olarak bulunmuştur. Doğu-1 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının anter uzunluk ortalaması, Batı-1 (3.79 mm) ve Batı-2 (4.05 mm) bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının anter uzunluk ortalamasından düşük bulunmuştur. Batı-1 ve Batı-2 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının anter uzunluk ortalaması benzer bulunmuştur.

Doğu-1 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının anter genişliği ortalaması; 0.59 mm olarak bulunmuştur. Doğu-1 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının anter genişlik ortalaması, Batı-1 (0.54 mm) bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarından yüksek bulunurken, Batı-2 (0.58 mm) bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının ortalamasıyla benzerdir. Batı-1 ve Batı-2 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının anter genişlik ortalaması da benzer bulunmuştur.

Doğu-1 bölgesinden toplanan popülasyonların olgunlaşma süre ortalaması 197 gün olarak tespit edilmiştir. Bu ortalama değer Batı-1 (200 gün) ve Batı-2 (200 gün) bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday popülasyonlarının ortalamasından üç gün daha kısadır. Batı-1 popülasyonlarının olgunlaşma süresi ile Batı-2 popülasyonlarının olgunlaşma süreleri benzer bulunmuştur. İncelenen 176 genotip

arasında olgunlaşma süresi olarak; 3 Mayıs'tan 20 Haziran'a kadar geniş bir varyasyon gözlenmiştir.

İncelenen popülasyonlar arasında Doğu-1 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday popülasyonlarının bin dane ağırlığı ortalaması 13.69 g olarak bulunmuştur. Doğu-1 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday popülasyonlarının bin dane ağırlığı ortalaması, Batı-1 (13.10 g) ve Batı-2 (13.45 g) bölgesinden toplanan yabani gernik buğday popülasyonlarının ortalamasından yüksek bulunmuştur. Batı-1 ve Batı-2 popülasyonlarının bin dane ağırlığı ortalaması birbirine benzer bulunmuştur (Çizelge 4.6).

Çizelge 4.6. Yabani Gernik Buğday (*T. turgidum ssp. dicoccoides*) Populasyonlarının Ortalamalarının Morfolojik Özellik Varyasyonu

	Tüm Bölgeler			Doğu1			Bati-1			Bati-2		
	Ort.	St.Sp	Ort.	St.Sp	Ort.	St.Sp	Ort.	St.Sp	Ort.	St.Sp	Ort.	St.Sp
Bitki Boyu (cm)	126.04 ± 19.58	126.33 ± 19.67	120.86 ± 21.13	129.73 ± 17.32								
Başaklanma Süresi (gün)	166.06 ± 8.36	164.37 ± 9.12	170.38 ± 7.08	167.49 ± 4.58								
Pedinkul Uzunluğu (cm)	38.76 ± 6.99	39.15 ± 6.81	33.52 ± 6.50	42.28 ± 5.21								
Bayrak Yaprak Uzunluğu (cm)	22.83 ± 4.40	21.83 ± 4.21	24.61 ± 4.18	24.39 ± 4.34								
Bayrak Yaprak Alanı (cm ²)	16.36 ± 6.21	15.77 ± 6.42	16.74 ± 5.34	17.85 ± 6.12								
Kulakçık uzunluğu (mm)	4.50 ± 0.65	4.49 ± 0.68	4.42 ± 0.56	4.60 ± 0.63								
Kulakçık Genişliği (mm)	5.40 ± 0.90	5.43 ± 0.87	5.53 ± 1.01	5.21 ± 0.90								
Başak Uzunluğu (cm)	9.14 ± 1.19	9.28 ± 1.24	8.88 ± 1.09	8.96 ± 1.10								
Başakçık Sayısı (adet)	19.98 ± 2.54	20.69 ± 2.63	18.54 ± 1.87	19.02 ± 1.87								
Başaktaki En Üst Kılçık Uzunluğu (mm)	76.16 ± 18.69	74.78 ± 19.51	80.65 ± 16.12	76.57 ± 17.98								
Başakçıkta 4. Kılçık Uzunluğu (mm)	96.05 ± 19.50	93.68 ± 20.35	99.49 ± 15.98	100.50 ± 18.76								
Başaktaki En Alt Kılçık Uzunluğu (mm)	59.20 ± 22.01	56.36 ± 22.61	67.22 ± 20.27	61.15 ± 20.09								
Başakçık Uzunluğu (mm)	15.74 ± 1.47	15.52 ± 1.49	16.14 ± 1.52	16.08 ± 1.24								
Başakçık Genişliği (mm)	4.66 ± 0.83	4.74 ± 0.88	4.39 ± 0.71	4.69 ± 0.73								
Lemma Uzunluğu (mm)	13.50 ± 1.69	13.30 ± 1.93	13.90 ± 1.31	13.72 ± 1.01								
Lemma Genişliği (mm)	2.53 ± 0.35	2.50 ± 0.34	2.51 ± 0.28	2.62 ± 0.43								
Palea (kapçık) Uzunluğu (mm)	12.51 ± 1.14	12.32 ± 1.20	12.85 ± 1.01	12.74 ± 0.97								
Palea (kapçık) Genişliği (mm)	1.79 ± 0.41	1.77 ± 0.26	1.74 ± 0.24	1.88 ± 0.75								
Glume (kavuz) Uzunluğu (mm)	12.28 ± 1.13	12.09 ± 1.15	12.64 ± 1.06	12.55 ± 1.02								
Glume (kavuz) Kalınlığı (mm)	0.24 ± 0.09	0.26 ± 0.09	0.21 ± 0.08	0.20 ± 0.06								
Glume (kavuz) Yüksekliği (mm)	2.45 ± 0.35	2.44 ± 0.33	2.42 ± 0.31	2.54 ± 0.42								
Anter Uzunluğu (mm)	3.73 ± 0.51	3.61 ± 0.49	3.79 ± 0.46	4.05 ± 0.45								
Anter Genişliği (mm)	0.58 ± 0.10	0.59 ± 0.10	0.54 ± 0.09	0.58 ± 0.12								
Olgunlaşma Süresi (gün)	198.12 ± 4.56	197.18 ± 4.97	199.48 ± 4.03	199.86 ± 2.48								
Bin Dane Ağırlığı (g)	13.48 ± 4.65	13.69 ± 4.69	13.10 ± 5.08	13.45 ± 4.17								

Ort: Ortalama St.Sp.: Standart sapma

4.1.7. İncelenen Özellikler Arasında Korelasyon Katsayısı

Yabani gernik buğday genotiplerinde incelenen özellikler arasında saptanan korelasyon katsayıları Çizelge 4.7'de verilmiştir. İncelenen özellikler için ikili ilişkileri değerlendirirken sadece 0.40 ve -0.40 üstündeki değerler göz önüne alınmıştır.

Bitki boyu ile; üst boğum arası uzunluğu (0.491**), bayrak yaprak uzunluğu (0.414**), bayrak yaprak alanı (0.494**), başak uzunluğu (0.499**) ve başakçık sayısı (0.547**) arasında %1 düzeyinde çok önemli ve olumlu ilişkiler saptanmıştır.

Bayrak yaprak uzunluğu ile bayrak yaprak alanı (0.687**) arasında %1 düzeyinde çok önemli ve olumlu ilişki saptanmıştır.

Bayrak yaprak alanı ile başak uzunluğu (0.462**) arasında %1 düzeyinde çok önemli ve olumlu ilişki saptanmıştır.

Başak uzunluğu ile başakçık sayısı (0.590**) arasında %1 düzeyinde çok önemli ve olumlu ilişki saptanmıştır.

En üst kılçık uzunluğu ile 4. çiçek kılçık uzunluğu (0.758**) arasında %1 düzeyinde çok önemli ve olumlu ilişki saptanmıştır.

Başakçık uzunluğu ile kavuz uzunluğu (0.751**), lemma uzunluğu (0.575**), kapçık uzunluğu (0.705**) arasında %1 düzeyinde çok önemli ve olumlu, kavuz kalınlığı (-0.607**), kavuz yüksekliği (-0.564**), lemma genişliği (-0.409**), anter genişliği (-0.514**) arasında %1 düzeyinde çok önemli ve olumsuz ilişkiler saptanmıştır.

Başakçık genişliği ile kavuz kalınlığı (0.705**), kavuz yüksekliği (0.783**), lemma genişliği (0.647**), kapçık genişliği (0.589**), anter uzunluğu (0.673**) ve anter genişliği (0.626**) arasında %1 düzeyinde çok önemli ve olumlu ilişkiler saptanmıştır.

Kavuz uzunluğu ile lemma uzunluğu (0.592**) ve kapçık uzunluğu (0.661**) arasında %1 düzeyinde çok önemli ve olumlu, kavuz kalınlığı (-0.447**) ile %1 düzeyinde çok önemli ve olumsuz ilişkiler saptanmıştır.

Kavuz kalınlığı ile kavuz yüksekliği (0.963**), lemma genişliği (0.788**), kapçık genişliği (0.749**), anter uzunluğu (0.791**), anter genişliği (0.862**)

arasında %1 düzeyinde çok önemli ve olumlu, lemma uzunluğu (-0.408**) ve palea uzunluğu (-0.444**) arasında %1 düzeyinde çok önemli ancak olumsuz ilişkiler saptanmıştır.

Kavuz yüksekliği ile lemma genişliği (0.802**), kapçık genişliği (0.732**), anter uzunluğu (0.823**) ve anter genişliği (0.844**) arasında %1 düzeyinde çok önemli ve olumlu ilişkiler saptanmıştır.

Lemma uzunluğu ile kapçık uzunluğu (0.691**) arasında %1 düzeyinde çok önemli ve olumlu, lemma genişliği (-0.450**) ve kapçık genişliği (-0.440**) arasında %1 düzeyinde çok önemli ve olumsuz ilişkiler tespit edilmiştir.

Lemma genişliği ile kapçık genişliği (0.908**), anter uzunluğu (0.680**) ve anter genişliği (0.688**) arasında %1 düzeyinde çok önemli ve olumlu, kapçık uzunluğu (-0.466**) arasında %1 düzeyinde çok önemli ve olumsuz ilişkiler tespit edilmiştir.

Kapçık uzunluğu ile kapçık genişliği (-0.540**) arasında %1 düzeyinde çok önemli ve olumsuz ilişki tespit edilmiştir.

Kapçık genişliği ile anter uzunluğu (0.625**) ve anter genişliği (0.644**) arasında %1 düzeyinde çok önemli ve olumlu ilişkiler tespit edilmiştir.

Anter uzunluğu ile anter genişliği (0.922**) arasında %1 düzeyinde çok önemli ve olumlu ilişki tespit edilmiştir.

4.2. SSR DNA Analizleri

Çalışmada Doğu-1, Batı-1 ve Batı-2 bölgelerinden toplanan 38 adet yabani gernik buğday (*T. turgidum ssp. dicoccoides*) popülasyonunu temsil eden 176 adet genotip SSR primer çiftleri ile moleküler karakterize edilmeden önce, en polimorfik ve skorlanabilen SSR primer çiftlerini belirlemek için 50 adet SSR primer çifti ile 8 yabani gernik buğday örneğinde analiz edilmiş ve temiz PCR ürünü veren ve skorlanabilirliği kolay olan 16 adet SSR primer çifti moleküler karakterizasyonda kullanılmıştır.

4.2.1. Yabani Gernik Buğday Genotiplerinin Moleküler Karakterizasyonu

Yabani gernik buğday genotiplerinin SSR primer çiftleri ile moleküler karakterizasyonu sonucu elde edilen sonuçlar Çizelge 4.8'de verilmiştir. Kullanılan SSR primer çiftlerinin PCR sonucu ürettikleri allel uzunluğunun 126 baz çifti (gwm630) ile 283 baz çifti (cfa2219) arasında değiştiği saptanmıştır. Çalışmada kullanılan 16 adet SSR primer çiftinin toplam 113 adet allel (Na) ürettiği, en düşük allel sayısının sırasıyla, 2 ile gwm630 ve wmc149 SSR primer çiftlerinden elde edildiği, en yüksek allel sayısının ise (Na) 14 allel ile gwm335 SSR primer çiftinde saptandığı belirlenmiştir. SSR primer çiftlerinin ortalama allel sayısı 7 olarak bulunmuştur. Fahima ve ark., (2002) İsrail ve Türkiye'nin ekolojik açıdan toprak, sıcaklık ve su bakımından farklılık gösteren ve bu ekolojik şartları geniş ölçekte temsil eden alanlarından toplanan 15 yabani gernik (*T. turgidum ssp. dicoccoides*) buğday popülasyonunda (135 genotip); 20 adet SSR primer çifti kullanarak genetik çeşitliliği incelediği çalışmalarında yabani buğdayın A ve B genomunu temsil eden 13 kromozoma ait her bir GBM primeri için ortalama allel sayısının 18 (5-26) olduğunu ve toplamda 364 allel elde ettiklerini rapor etmişlerdir. Bu çalışmada bulunan allel sayısı değerleri Fahima ve ark. (2002)'nin rapor ettiği değerlerin çok altında bulunmuştur. Sonuçlardaki farklılığın nedenleri olarak her iki araştırmada da kullanılan genotiplerin ve SSR primer çiftlerinin farklı olmasından kaynaklandığı söylenebilir.

Çizelge 4.8. Yabani Gernik Buğday (*T. turgidum ssp. dicoccoides*) Popülasyonlarında Kullanılan Primerlere Ait Allel Büyüklüğü (Al.Bü), Allel Sayısı (Na), Shannon Sabiti (I), Genetik Çeşitlilik (GÇ), Beklenen Heterozigotluk (uHe) ve Polimorfik Bilgi İçeriği (PBI) Shannon Sabiti (I), Genetik Çeşitlilik (GÇ), Beklenen Heterozigotluk (uHe) ve Polimorfik Bilgi İçeriği (PBI)

PRİMER	Al.Bü.	Na	I	PIC	G.Ç	uHe
wmc149	194-196	2.00	0.75	0.58	0.49	0.49
gwm146	187-193	6.00	1.40	0.73	0.70	0.71
wmc626	194-234	12.00	2.17	0.88	0.86	0.87
cfa2219	266-283	11.00	2.13	0.91	0.86	0.87
gwm498	173-177	2.00	0.64	0.36	0.42	0.42
gwm630	126-128	1.00	0.31	0.37	0.19	0.19
wmc313	206-278	8.00	1.58	0.86	0.72	0.73
wmc76	206-278	8.00	1.58	0.86	0.72	0.73
wmc658	196-231	9.00	1.85	0.87	0.80	0.82
gwm335	223-266	14.00	2.31	0.93	0.88	0.89
wmc110	204-210	8.00	1.68	0.84	0.78	0.78
wmc332	192-268	9.00	1.77	0.88	0.79	0.80
cfa2190	160-182	8.00	1.45	0.79	0.67	0.68
wmc128	225-231	3.00	0.67	0.63	0.40	0.41
gwm333	163-166	3.00	0.89	0.53	0.54	0.55
wmc312	211-265	9.00	1.40	0.87	0.60	0.60
ortalama		7.00	1.41	0.74	0.65	0.66

Doğu-1, Batı-1 ve Batı-2 yabani gernik buğday genotiplerinde Shannon indeks değeri en düşük 0.31 ile *gwm630* primer çiftinde gözlenirken, en yüksek 2.35 ile *gwm335* primer çiftinde elde edilmiş olup ortalama 1.41 olarak bulunmuştur (Çizelge 4.8).

Yabani gernik buğday genotiplerinde polimorfik bilgi içeriğini (PBI) en düşük 0.36 ile *gwm498* ve 0.37 ile *gwm630* primer çiftlerinden elde edilmiştir. Polimorfik bilgi içeriği açısından; 0.93 ile *gwm335*, 0.91 ile *cfa2219*, 0.88 ile *wmc626*, 0.88 ile *wmc332* ve 0.87 ile *wmc312* SSR primer çiftleri yüksek değerler

veren primer çiftleri olmuştur. Yabani gernik buğday genotiplerinde yapılan bu çalışmada polimorfik bilgi içeriği (PBI) ortalaması 0.74 olarak tespit edilmiştir. Fahima ve ark., (2002), Türkiye ve İsrail’de toplanan yabani gernik buğday popülasyonlarında poliformik bilgi içeriği ortalamasının 0.90 olduğunu ve PBI değerinin 0.45 ile 31.00 arasında değiştiğini rapor etmiştir. Emebiri ve ark. (2008), 7 EST-SSR primer çiftini 188 yabani gernik buğday popülasyonlarında kullanarak poliformik bilgi içeriği ortalamasını 0.66 olarak bulduklarını ve PBI değerinin 0.52 ile 0.86 arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Polimorfik bilgi içeriği değeri genellikle farklı moleküler markörlerin karşılaştırılmasında kullanılan etkin bir parametre olmakla beraber, herhangi bir DNA marköründe kullanılan primerlerin etkinlik derecesinin saptanmasında da kullanılabilecek değerlendirme kriteri olarak bilinmektedir (Hongtrakul ve ark., 1997; Lübbersted ve ark., 2000; Manifesto ve ark., 2001; Garcia ve ark., 2004, Laborda ve ark. 2005). Özellikle bu çalışma sonucu elde edilen PBI değerleri literatürde bildirilen değerlerin bazılarından düşük, bazılarında ise yüksek bulunmuştur. Bunun nedenleri olarak çalışmada kullanılan yabani gernik buğday materyalinin ve çalışmada kullanılan SSR primer çiftlerinin farklı olması gösterilebilir.

Bir popülasyondaki genetik varyasyonun en yaygın kullanılan ölçü birimi heterozigotluk (He) değeridir. Bu bağlamda çalışmada incelenen 176 adet yabani gernik buğday genotipine ait genetik çeşitlilik değeri en düşük 0.19 ile gwm630 primer çiftinde gözlenirken, en yüksek ise 0.88 ile gwm335 primer çiftinde saptanmış olup, bunu 0.86 ile wmc626 primer çifti ve 0.86 ile cfa2219 primer çifti izlemiştir. Beklenen heterozigotluk (uHe) değeri en yüksek 0.89 ile gwm335 ve en düşük 0.19 ile gwm630 primer çiftlerinden elde edilmiş olup, ortalama 0.66 olarak bulunmuştur.

4.2.2. Doğu-1 Yabani Gernik Buğday Genotiplerinin Moleküler Karakterizasyonu

Çalışmada kullanılan 16 adet SSR primer çiftinin Doğu-1 bölgesinden toplanmış olan 109 yabani gernik buğday genotipinde ürettikleri allel uzunluğunun 126 baz çifti (gwm630) ile 283 baz çifti (cfa2219) arasında değiştiği belirlenmiştir.

Çalışmada kullanılan 16 adet SSR primer çifti ile Doğu-1 bölgesinden toplanmış olan 109 yabani gernik buğday genotipinde toplam 162 allel elde edildiği, en düşük allel sayısının üç allel ile wmc149, gwm630, gwm498 ve gwm333 primer çiftlerinden elde edildiği, en fazla allel sayısının ise 22 allel ile gwm335 primer çiftinde bulunduğu saptanmış olup ortalama 10.13 allel olarak tespit edilmiştir.

Doğu-1 bölgesinden toplanan yabani buğday genotiplerinde Shannon indeks değeri en düşük 0.57 ile gwm498 primer çiftinden, en yüksek ise 2.83 ile gwm335 primer çiftinde elde edilmiştir. Ortalama Shannon indeks değeri 1.70 olarak bulunmuştur (Çizelge4.9).

Çizelge 4.9. Doğu-1 Bölgesinde Dağılım Gösteren Yabani Gernik Buğday (*T.turgidum ssp. dicoccoides*) Popülasyonlarına Ait Bulunan AllelBüyükülüğü (Al.Bü), Allel Sayısı (Na), Shannon Sabiti (I), Genetik Çeşitlilik (GÇ), Beklenen Heterozigotluk (uHe) ve Polimorfik Bilgi İçeriği (PBI)

PRIMER	Al. Bü (bç)	Na	I	G.Ç	uHe	PIC
wmc149	196-198	3.00	1.04	0.63	0.63	0.55
gwm146	174-193	6.00	1.36	0.70	0.71	0.66
wmc626	190-212	16.00	2.38	0.89	0.89	0.88
cfa2219	271-283	14.00	2.28	0.88	0.88	0.87
gwm498	173-175	3.00	0.57	0.30	0.30	0.28
gwm630	126-124	3.00	0.93	0.56	0.56	0.49
wmc313	232-260	9.00	1.71	0.77	0.77	0.74
wmc76	194-260	9.00	1.71	0.77	0.77	0.74
wmc658	196-233	14.00	2.27	0.87	0.88	0.86
gwm335	207-219	22.00	2.83	0.93	0.93	0.92
wmc110	204-218	7.00	1.52	0.74	0.74	0.69
wmc332	204-200	16.00	2.31	0.87	0.88	0.86
cfa2190	160-152	14.00	2.19	0.85	0.86	0.84
wmc128	229-225	4.00	0.87	0.54	0.55	0.44
gwm333	163-161	3.00	0.79	0.47	0.47	0.41
wmc312	253-233	19.00	2.48	0.89	0.89	0.88
ortalama		10.00	1.70	0.73	0.73	0.69

Genetik Çeşitlilik (G.Ç) değeri en düşük 0.30 ile gwm498 ve en yüksek 0.93 ile gwm335 primer çiftlerinden elde edilmiştir. Genetik Çeşitlilik (G.Ç) ortalaması ise 0.73 olarak bulunmuştur. Beklenen heterozigotluk oranı (uHe) ise en düşük 0.30 ile gwm498’de, en yüksek 0.93 ile gwm335 primer çiftinden elde edilmiş olup ortalama 0.73 olarak bulunmuştur.

Doğu-1 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinde yapılan SSR analizleri sonucunda polimorfik bilgi içeriği (PBI) en düşük 0.28 ile gwm498

primer çiftinden, en yüksek ise 0.92 ile gwm335 primer çiftinden elde edilmiş olup, bunu 0.88 ile wmc626, 0.88 ile wmc312, 0.87 ile cfa2219, 0.86 ile wmc658 SSR primer çiftleri izlemiştir. Ortalama Polimorfik bilgi içeriği (PBI) 0.69 olarak bulunmuştur.

4.2.3.Batı-1 Yabani Gernik Buğday Genotiplerinin Moleküler Karakterizasyon

Çalışmada kullanılan 16 adet SSR primer çiftinin Batı-1 bölgesinden toplanmış olan 32 yabani gernik buğday genotipinde ürettikleri allel uzunluğunun 126 baz çifti (gwm630) ile 278 baz çifti (wmc76) arasında değiştiği belirlenmiştir.

Batı-1 bölgesinden toplanmış 8 adet yabani gernik buğday populasyonunu temsil eden 32 adet genotipinin 16 adet SSR primer çifti ile analiz edilmesi sonucunda toplam olarak 76 adet allel sayısı elde edilmiştir. En düşük allel sayısı bir allel ile gwm630 primer çiftinde saptanırken, en yüksek allel sayısı 9 allel ile wmc626 primer çiftinden elde edilmiş olup, ortalama allel sayısı 5 olarak bulunmuştur.

Batı-1 bölgesinden toplanan yabani buğday genotiplerinde Shannon indeks değeri en düşük 0.00 ile gwm630 primer çiftinden, en yüksek ise 2.83 ile wmc626 primer çiftinde elde edilmiştir. Ortalama Shannon indeks değeri 1.14 olarak bulunmuştur (Çizelge 4.10).

Genetik Çeşitlilik (G.Ç) değeri en düşük 0.00 ile gwm630 ve en yüksek 0.82 ile wmc626 primer çiftinden elde edilmiş olup, en yüksek değeri 0.81 ile cfa2219 ve 0.81 ile gwm335 primer çiftleri izlemiştir. Genetik Çeşitlilik (G.Ç) ortalaması ise 0.59 olarak tespit edilmiştir. Beklenen heterozigotluk oranı (uHe) ise en düşük 0.00 ile gwm630 da, en yüksek 0.83 ile wmc 626 ve cfa2219 primer çiftlerinden elde edilmiş olup, ortalama 0.59 olarak bulunmuştur.

Batı-1 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinde yapılan SSR analizleri sonucunda polimorfik bilgi içeriğin (PBI) en düşük 0.00 ile gwm630 primer çiftinden, en yüksek ise 0.79 ile wmc626 ve 0.79 ile cfa2219 primer çiftlerinden elde edilmiş olup, ortalama Polimorfik bilgi içeriği (PBI) 0.53 olarak bulunmuştur.

Çizelge 4.10. Batı-1 Yabani Gernik Buğday (*T. turgidum ssp. dicoccoides*) Populasyonlarına Ait Allel Büyüklüğü (Al.Bü), Allel Sayısı (Na), Shannon Sabiti (I), Genetik Çeşitlilik (G.Ç), Beklenen Heterozigotluk (uHe) ve Polimorfik Bilgi İçeriği (PBI)

PRIMER	Al. Bü (bç)	Na	I	G.Ç	uHe	PIC
wmc149	194-196	2.00	0.63	0.44	0.44	0.34
gwm146	172-193	5.00	1.25	0.64	0.65	0.59
wmc626	188-234	9.00	1.88	0.82	0.83	0.79
cfa2219	266-275	8.00	1.83	0.81	0.83	0.79
gwm498	173-177	2.00	0.66	0.47	0.48	0.36
gwm630	126-128	1.00	0.00	0.00	0.00	0.00
wmc313	206-240	6.00	1.25	0.62	0.63	0.58
wmc76	206-278	6.00	1.25	0.62	0.63	0.58
wmc658	206-233	5.00	1.40	0.73	0.74	0.68
gwm335	225-266	7.00	1.76	0.81	0.82	0.78
wmc110	186-218	8.00	1.66	0.77	0.78	0.73
wmc332	192-216	5.00	1.27	0.68	0.69	0.62
cfa2190	160-182	3.00	0.77	0.45	0.46	0.40
wmc128	225-231	3.00	0.87	0.54	0.55	0.45
gwm333	163-165	3.00	0.81	0.53	0.54	0.42
Wmc312	211-265	3.00	0.87	0.51	0.51	0.45
ortalama		5.00	1.14	0.59	0.59	0.53

4.2.4. Batı-2 Yabani Gernik Buğday Genotiplerinin Moleküler Karakterizasyon

Çalışmada kullanılan 16 adet SSR primer çiftinin Batı-2 bölgesinden toplanmış olan 35 yabani gernik buğday genotipinde ürettikleri allel uzunluğunun 126 baz çifti (gwm630) ile 278 baz çifti (wmc313) arasında değiştiği belirlenmiştir.

Çalışmada kullanılan 16 adet SSR primer çifti 35 adet yabani gernik buğday genotipinde toplam 103 adet allel (Na) üretmiştir. Allel sayısı en az 1.00 allel ile gwm630 primer çiftinden elde edilirken, en fazla 12 allel ile gwm335 ve vecfa2219 primer çiftlerinden elde edilmiştir. SSR primer çifti başına ortalama allel sayısı 6.00 olarak tespit bulunmuştur. Li ve ark. (2006), Çin makarnalık buğdaylarında genomik SSR markörleri kullanarak yapmış oldukları moleküler karakterizasyon çalışmasında en düşük ve en yüksek allel sayısının 2 ile 14 aralığında değiştiğini, ortalama allel sayısının ise 6.0 olduğunu rapor etmişlerdir. Elde edilen sonuçlar Li ve ark. (2006) sonuçları ile paralellik göstermektedir.

Batı-2 bölgesinden toplanan yabani buğday genotiplerinde Shannon indeks değeri en düşük 0.00 ile gwm630 primer çiftinden, en yüksek ise 2.35 ile gwm335 primer çiftinde elde edilmiştir. Ortalama Shannon indeks değeri 1.40 olarak bulunmuştur (Çizelge 4.11).

Çizelge 4.11. Batı-2 Bölgesinde Dağılım Gösteren Yabani Gernik Buğday (*T. turgidum ssp. dicoccoides*) Popülasyonlarına Ait Bulunan AllelBüyüklüğü, Allel Sayısı (Na), Shannon Sabiti (I), Genetik Çeşitlilik (G.Ç), Beklenen Heterozigotluk (uHe) ve Polimorfik Bilgi İçeriği (PBI)

PRIMER	Al. Bü (bç)	Na	I	G.Ç	uHe	PIC
wmc149	194-196	2.00	0.59	0.40	0.40	0.32
gwm146	174-170	7.00	1.60	0.76	0.77	0.73
wmc626	188-184	11.00	2.24	0.88	0.90	0.87
cfa2219	245-275	12.00	2.29	0.89	0.90	0.88
gwm498	173-177	2.00	0.68	0.48	0.49	0.36
gwm630	126-124	1.00	0.00	0.00	0.00	0.00
wmc313	260-278	8.00	1.79	0.79	0.80	0.76
wmc76	260-240	8.00	1.79	0.79	0.80	0.76
wmc658	196-231	9.00	1.89	0.81	0.83	0.79
gwm335	207-266	12.00	2.35	0.89	0.91	0.88
wmc110	216-21	8.00	1.86	0.82	0.83	0.80
wmc332	202-268	6.00	1.71	0.81	0.82	0.80
cfa2190	160-184	6.00	1.37	0.70	0.72	0.66
wmc128	225-231	3.00	0.28	0.12	0.12	0.14
gwm333	161-163	3.00	1.05	0.64	0.65	0.56
Wmc312	211-265	5.00	0.86	0.40	0.41	0.42
Ortalama		6.00	1.4	0.64	0.65	0.61

Genetik Çeşitlilik (G.Ç) değeri en düşük 0.00 ile gwm630 ve en yüksek 0.89 ile cfa2219 ve gwm335 primer çiftlerinden elde edilmiştir. Genetik çeşitlilik ortalaması ise 0.64 olarak tespit edilmiştir. Beklenen heterozigotluk oranı (uHe) ise en düşük 0.00 ile gwm630'da, en yüksek 0.91 ile gwm335 primer çiftinden elde edilmiş olup ortalama 0.65 olarak bulunmuştur.

Batı-2 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinde yapılan SSR analizleri sonucunda polimorfik bilgi içeriğin (PBI) en düşük 0.00 ile gwm630 primer çiftinden, en yüksek ise 0.88 ile cfa2219 ve gwm335 primer çiftlerinden elde

edilmiş olup ortalama Polimorfik bilgi içeriği (PBI) 0.61 olarak bulunmuştur. Peleg ve ark. (2008) Polimorfik bilgi içeriğini gSSR’lerde 0.87 olarak bulunduğunu rapor etmişlerdir.

4.2.5. Doğu-1, Batı-1 ve Batı-2 Bölgelerine ait Yabani Gernik Buğday Genotiplerinin SSR Analizlerine Göre Karşılaştırılması

Doğu-1, Batı-1 ve Batı-2 bölgelerinden toplanmış yabani gernik buğday genotiplerine ait allel sayısı (Na), Shannon İndeks değeri (I), Heterozigotluk (He), Beklenen Heterozigotluk (uHe) ve Polimorfik Bilgi İçeriğine (PBI) ait değerler Çizelge 4.12’de verilmiştir.

Çizelge 4.12. Doğu-1, Batı-1 ve Batı-2 Bölgesinden Toplanan Yabani Gernik Buğday Genotiplerine Ait Ortalama Allel Sayısı (Na), Shannon İndeks Değeri (I), Genetik Çeşitlilik (G.Ç), Beklenen Heterozigotluk (uHe) ve Polimorfik Bilgi İçeriği (PBI)

	Na	I	GÇ	uHe	PIC
Doğu-1	10.00	1.70	0.73	0.73	0.53
Batı-1	5.00	1.14	0.59	0.60	0.53
Batı-2	6.00	1.40	0.64	0.65	0.61
Ortalama	7.00	1.41	0.65	0.66	0.56

Yabani gernik buğday (*T. turgidum ssp. dicoccoides*) genotipleri toplanma yerlerine göre değerlendirildiğinde, en düşük allel sayısının Batı-1 popülasyonunda 4.75 olarak bulunduğunu, en yüksek allel sayısının ise 10 allel ile Doğu-1 bölgesinden elde edildiği tespit edilmiş olup, tüm bölgelerin allel sayısı ortalama 7.00 allel olarak bulunmuştur. Batı-1 ve Batı-2 bölgelerindeki allel sayısının Doğu-1 bölgesine göre oldukça düşük olduğu belirlenmiştir. Shizuka ve ark., (2015) Türkiye’nin güneyinden (Batı-2 bölgesinden) toplamış oldukları yabani buğday genotiplerinde kloroplast SSR primer çiftlerini kullanarak yaptıkları çalışmada ortalama allel sayısının 2.17 olduğunu rapor etmişlerdir. Her ne kadar kullanılan SSR

markör tipi farklı olsa bile bu çalışmada rapor edilen allel sayısı Shizuka ve ark. (2015)'nın rapor etmiş olduğu değerlerden oldukça yüksek bulunmuştur.

Doğu-1, Batı-1, Batı-2 yabancı gernik buğday popülasyonlarında Shannon İndeks değeri en düşük Batı-1 bölgesinde 1.14 ile, en yüksek ise Doğu-1 bölgesinde 1.70 ile saptanmıştır. Batı-2 bölgesindeki yabancı gernik buğday genotiplerinin Shannon İndeks değeri (1.40) Doğu-1 bölgesinden düşük, Batı-1 bölgesinden ise yüksek bulunmuştur.

Genetik Çeşitlilik (G.Ç) değeri Batı-1 bölgesi yabancı gernik buğday genotiplerinde en düşük 0.59, en yüksek ise Doğu-1 bölgesi popülasyonlarında ki 0.73 olarak tespit edilmiştir. Batı-2 bölgesi yabancı gernik buğday genotiplerinde genetik çeşitlilik değeri Doğu-1 bölgesinden düşük, Batı-1 bölgesinden ise yüksek bulunmuştur. Üç bölgenin genetik çeşitlilik (G.Ç) ortalama değeri 0.65 olarak tespit edilmiştir. Ren ve ark., (2013), 25 yabancı buğday popülasyonuna ait 120 yabancı gernik buğday genotipinde SNP (Single Nucleotid Polymorphism) DNA markörlerini kullanarak yapmış oldukları çalışmada genetik çeşitlilik (G.Ç) değerinin ortalama 0.184 olarak bulunduğunu rapor etmişlerdir. Aynı şekilde, Shizuka ve ark. (2015) yapmış oldukları çalışmada genetik çeşitlilik (G.Ç) değerinin 0.285 olarak bulunduğunu rapor etmişlerdir. Her iki çalışmadan elde edilen genetik çeşitlilik (G.Ç) değerleri bu çalışmada bulunan genetik çeşitlilik (G.Ç) değerinden düşük bulunmuştur. Bunun nedenleri olarak hem çalışmalarda kullanılan genotiplerin farklı olması hem de çalışmada kullanılan DNA markörlerinin farklılığı gösterilebilir.

Doğu-1, Batı-1 ve Batı-2 bölgesinden toplanan yabancı gernik buğday genotiplerinde polimorfik bilgi içeriği (PBI) bölgeler bakımından karşılaştırıldığında en düşük PBI değerinin Doğu-1 (0.53) ve Batı-1 (0.53) bölgelerinden elde edildiği, en yüksek polimorfik bilgi içeriğinin ise Batı-2 bölgesinde saptandığı belirlenmiştir. Yabancı gernik buğday popülasyonlarında polimorfik bilgi içeriği ortalama 0.66 olarak tespit edilmiştir. Ren ve ark., (2013), 25 yabancı buğday popülasyonuna ait 120 yabancı gernik buğday genotipinde SNP (Single Nucleotid Polymorphism) DNA markörlerini kullanarak yapmış oldukları çalışmada Polimorfik Bilgi İçeriğini 0.153 olarak bulmuşlardır.

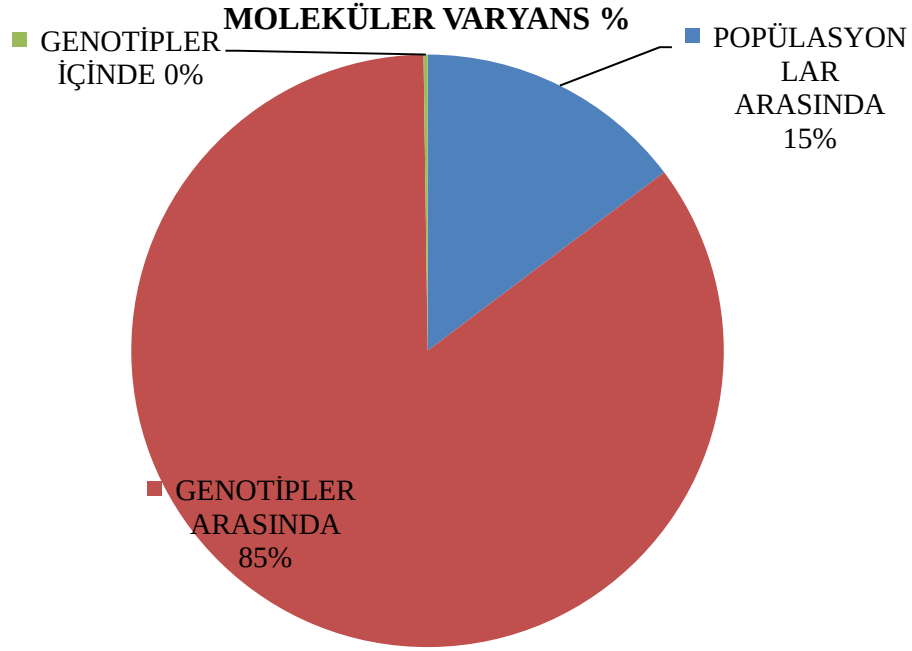
4.2.6. Moleküler Varyasyon (AMOVA) Analizi

Doğu-1, Batı-1 ve Batı-2 bölgelerinden toplanmış yabancı gernik buğday genotipleri arasında hem bölgesel farklılıkların hem de bölge içinde genetik farklılıkların olup olmadığını belirlemek için moleküler varyans (AMOVA) analizleri yapılmıştır (Çizelge 4.13 ve Şekil 4.1).

Çizelge 4.13. Yabancı Gernik Buğday (*T. turgidum ssp. dicoccoides*) Popülasyonlarının Moleküler Varyans (AMOVA) Analizi

	SD	KT	KO	V	%
Popülasyonlar	2	214.18	107.09	0.99	15
Arasında					
Genotipler	173	1998.33	11.55	5.77	85
Arasında					
Genotipler İçinde	176	2.50	0.01	0.01	0
Toplam	351	2215.01		6.78	100

SD: Serbestlik derecesi KT: Kareler Toplamı KO: Kareler ortalaması V: Varyasyon



Şekil 4.1. AMOVA (Analysis of Molecular Variance) % sonuçları

AMOVA analiz sonuçlarına göre tüm genotipler arasında moleküler varyasyonun %85 olduğu, ancak popülasyonlar arası varyasyonun %15 olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.13). Elde edilen bu sonuçlar çalışmada kullanılan genotipler arasındaki farklılığın oldukça yüksek olduğunun, aynı zamanda bölgesel farklılıkların da bulunduğu bir göstergesidir. Bölgesel farklılıkların Doğu-1, Batı-1 ve Batı-2 bölgelerinin topoğrafyasından kaynaklandığı tahmin edilmektedir. Özellikle Doğu-1 bölgesi bir volkanik dağ olan Karacadağ bölgesini temsil etmesine rağmen Batı-1 ve Batı-2 bölgeleri toprak yapısı itibarı ile farklılık arz etmektedir. Hosein ve ark. (2010), SSR primer kullanarak incelemiş oldukları İran *Triticum* popülasyonları arasında %75 oranında genetik varyasyon bulunduğunu ve bu farklılığın da bitki örneklerinin toplanmış olduğu eko-coğrafyadan kaynaklandığını rapor etmişlerdir.

4.2.7. Doğu-1, Batı-1 ve Batı-2 Bölgelerine ait Yabani Gernik Buğday Genotipleri Arasındaki Genetik Benzerlik Değerleri

Doğu-1, Batı-1 ve Batı-2 bölgesinden toplanmış olan yabani gernik buğday genotiplerinden elde edilen SSR verileri kullanılarak Nei (1983)'e göre hesaplanmış olan genetik yakınlık ve genetik uzaklık değerleri Çizelge 4.14'te verilmiştir. Türkiye'nin Güneydoğu Anadolu bölgesinin farklı bölgelerinden toplanmış olan yabani buğday genotiplerinin bölgelere göre genetik yakınlık ve uzaklık değerleri incelendiğinde; Doğu-1 ile Batı-1 genotipleri arasında genetik uzaklık değerinin 0.66, Doğu-1 ve Batı-2 bölgeleri arasındaki genetik uzaklık katsayısının 0.73 ve Batı-1 ve Batı-2 arasındaki genetik uzaklık katsayısının ise 0.22 olarak saptandığı izlenmektedir. Özellikle Doğu-1 bölgesi ile Batı-1 ve Batı-2 bölgeleri arasında genetik olarak bir uzaklığın olduğu saptanmıştır. Özellikle bu durumun bu bölgelerin eko-coğrafik yapısından ileri geldiği söylenebilir. Peleg ve ark., (2008) İsrail orijinli yabani gernik buğday genotiplerinde SSR DNA markörlerini kullanarak hesaplamış oldukları genetik uzaklık değerinin ortalama 0.54 olduğunu bildirmişlerdir. Tanyolaç ve ark (2003) RFLP DNA markörleri ile yapmış oldukları çalışmada Türkiye orijinli yabani gernik buğday genotiplerinde genetik çeşitliliğin oldukça düşük (0.21) olduğunu bildirmişlerdir. Bulduğumuz sonuçlar her iki araştırıcının sonuçları ile de örtüşmektedir. Özellikle Batı-1 ve Batı-2 bölgelerinden toplanmış olan yabani gernik buğday genotiplerinde genetik çeşitliliğin az, ancak Doğu-1 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotiplerinde genetik çeşitliliğin yüksek olduğu bu çalışmada tespit edilmiştir.

Çizelge 4.14. Popülasyonlar Arasındaki Genetik Uzaklık ve Benzerlik Katsayıları

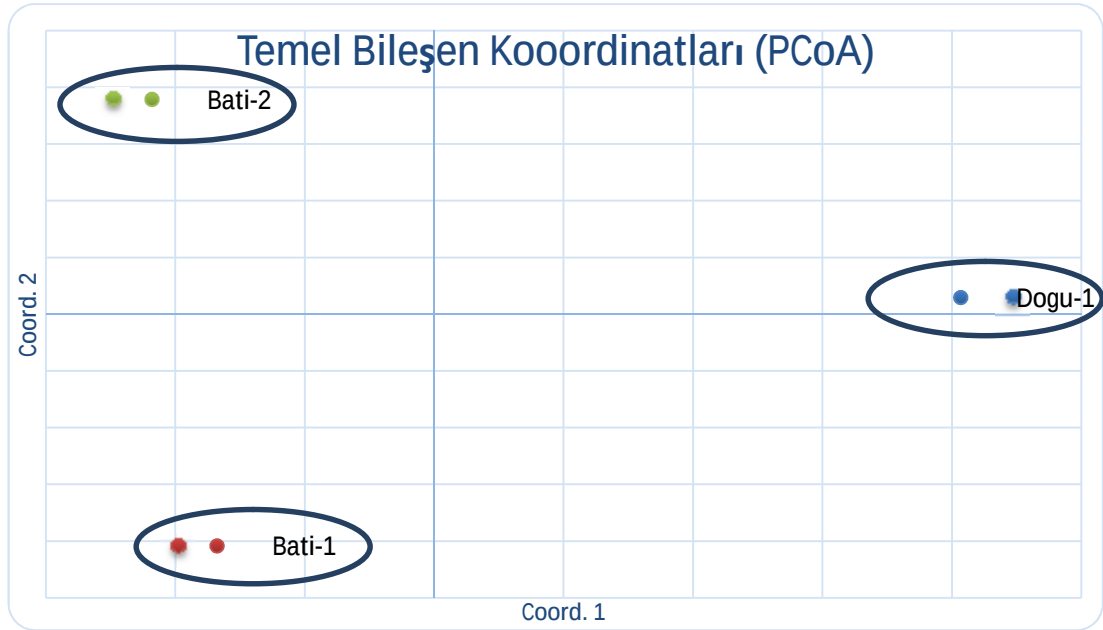
Populasyon	GU		GB	
	Doğu-1	Batı-1	Doğu-1	Batı-1
Batı-1	0.66		0.52	
Batı-2	0.73	0.22	0.48	0.80

*GU: Genetik Uzaklık *GB: Genetik Benzerlik

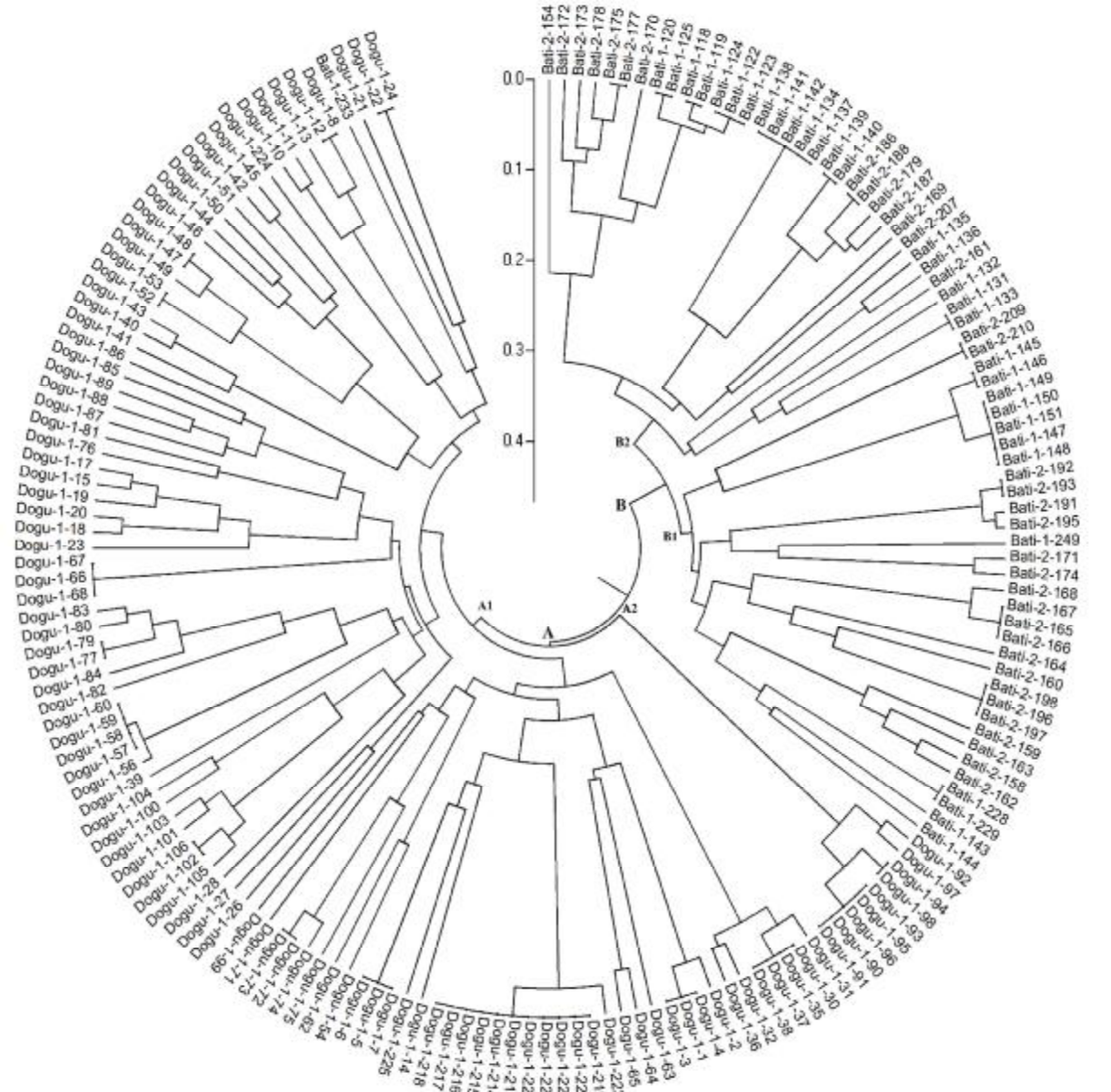
Temel bileşen koordinat analizi (PCoA) sonucu elde edilen veriler Çizelge 4.15'te ve elde edilen grafik ise Şekil 4.2 gösterilmiştir. Çizelge 4.15'ten de görüldüğü üzere toplam varyasyonun ana iki birleşenden oluştuğu ve buna göre incelenen 176 genotipin Doğu-1, Batı-1 ve Batı-2 bölgeleri olarak isimlendirilen üç farklı gruba ayrıldığı saptanmıştır. Bu durumda bu bölgelerde genotiplerin çevresel nedenlerden (popülasyonlar birbirlerine uzak enleme, boylama ve yüksekliğe sahip) dolayı birbirlerinden izolasyon olarak ayrıldığını göstermektedir.

Çizelge 4.15. Tüm Bölgelerden Toplanan Yabani Gernik Buğday Populasyonları Temel Bileşen Koordinat Yüzdeleri

Koordinat	1	2	3
%	79.44	20.56	0.00



Şekil 4.2. Yabani Gernik Buğday Populasyonları Temel Bileşen Koordinatları



Şekil.4.3. UPGMA Analizine Göre Oluşturulmuş Dendrogram

UPGMA (Unweighted Pair-Group Method with Arithmetic Mean) yöntemine göre yapılan dendrogram Şekil 4.3'te verilmiştir. Dendrogramın incelemesinden de anlaşılabileceği üzere incelenen yabancı gernik buğday (*T. turgidum ssp. dicoccoides*) popülasyonları kendi içinde A ve B olmak üzere iki ana gruba ayrılmıştır.

A grubunu incelediğimizde 22 yabancı buğday popülasyonunu temsil eden 110 adet genotip yer almıştır. A grubu kendi içinde A-1 ve A-2 grubu olmak üzere iki alt gruba ayrılmış olup, bu grup sadece Doğu-1 bölgesinden toplanmış yabancı buğday genotiplerini içermiştir. Aynı şekilde B grubu 16 yabancı gernik popülasyonunu temsil eden 66 genotipi içermiş olup, kendi içinde B-1 ve B-2 alt gruplarına ayrılmıştır. Ancak B-1 ve B-2 alt grupları kendi içinde bir grup oluşturmamış olup Batı-1 ve Batı-2 bölgelerinden toplanmış olan genotiplerin bir arada grup oluşturduğu bulunmuştur. Aynı şekilde Doğu-1 grubunun toplandığı A grubu içerisinde Batı-1-223 nolu genotip yer almıştır.

Makarnalık buğdayın yabancı atasının yabancı gernik buğdayı (*T. turgidum ssp. dicoccoides*) olduğu daha önce yapılan çalışmalarda bildirilmiştir (Salamini ve ark., 2002, Ozkan ve ark., 2002, 2004). Özellikle bu çalışmada Türkiye'nin Güneydoğu Anadolu bölgesinden toplanmış olan yabancı gernik buğdayının kendi içinde iki ana gruba ayrıldığı rapor edilmiştir. Bu çalışmada aynı sonuç bulunmuştur. Özellikle Doğu ve Batı bölgelerinden toplanmış olan yabancı makarnalık buğday genotiplerinin farklılaşma nedenlerinin daha iyi anlaşılabilmesi için daha detaylı DNA analizlerine gerek olduğu sonucuna varılmıştır.

5. SONUÇLAR VE ÖNERİLER

Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nin farklı bölgelerinden toplanmış 38 adet yabani gernik buğday (*T. turgidum ssp. dicoccoides*) popülasyonunu temsil eden 176 genotipte hem populasyon içi hem de popülasyonlar arası genetik çeşitliliği belirlemek amacıyla morfolojik ve moleküler karakterizasyon yapılmıştır. Elde edilen sonuçlar aşağıda özetlenmiştir.

Yabani gernik buğday genotiplerinde yapılan morfolojik analizler sonucunda; yabani gernik buğday genotiplerinin bitki boyu, üst boğum arası uzunluğu, bayrak yaprak uzunluğu ve alanı, en üst kılçık uzunluğu, başakçıktaki 4. çiçek kılçık uzunluğu, en alt kılçık uzunluğu, başakçık uzunluğu ve genişliği, kavuz uzunluğu, kavuz kalınlığı ve yüksekliği, lemma (alt iç kavuz) uzunluğu ve genişliği, kapçık (üst iç kavuz) uzunluğu ve genişliği, anter uzunluğu ve genişliği ile bin dane ağırlığı bakımından genetik varyasyon gösterdiği, bu varyasyonun hem popülasyon içi hem de popülasyonlar arasında bulunduğu belirlenmiştir.

Uzun yıllardan beri makarnalık buğdayın ilk defa nerede, ne zaman ve nasıl kültüre alındığı sorusu bir çok bilim adamının cevabını aradığı sorular olmuş ve halende olmaya devam etmektedir. Yapılan çalışmalar sonucu Türkiye'de Diyarbakır bölgesinde bulunan Karacadağ bölgesinin makarnalık buğdayın ilk defa kültüre alındığı yer olabileceğini göstermiştir. Özellikle yapılan DNA analizleri sonucu günümüz kültürü yapılan makarnalık buğday çeşitlerinin Karacadağ/Diyarbakır bölgesinden toplanmış yabani gernik buğdaylarına genetik olarak yakın olduğunu göstermiştir. Bu çalışmada da Türkiye'nin Güneydoğu Anadolu Bölgesi'ni temsilen Doğu-1 (Diyarbakır ve çevresi), Batı-1 (Kahramanmaraş ve çevresi) ve Batı-2 (Gaziantep ve çevresi) bölgelerinden toplanmış yabani gernik buğday genotipleri 16 adet SSR primer çifti ile moleküler olarak karakterize edilmiştir. Yapılan SSR analizi sonucunda Doğu-1 bölgesi yabani gernik buğday genotipleri ile ve Batı-2 bölgesi yabani gernik buğday genotipleri arasında 0.73 genetik uzaklık bulunurken, Batı-1 ve Batı-2 bölgesinden toplanan yabani gernik buğday genotipleri birbirlerine yakın bulunmuştur.

Yapılan AMOVA (moleküler varyans analizi) analizine incelenen tüm genotipler arasında genetik varyasyon % 85 olarak bulunurken, bölgeler arası (Doğu-1, Batı-1 ve Batı-2) varyasyonun %15 olarak bulunmuştur. SSR verileri kullanılarak yapılan UPGMA analizi sonucu çalışmada kullanılan yabani gernik buğday genotiplerinin kendi içinde iki ana gruba ayrıldığı, aslında bir bakıma coğrafi farklılaşmanın moleküler seviyede gerçekleştiği, Doğu-1 bölgesinden toplanan tüm genotiplerin bir grupta, Batı-1 ve Batı-2 grubunda toplananların ise yine bir grupta toplandığı, ancak Batı-1 ve Batı-2 grubu içerisinde yer alan yabani gernik buğday genotiplerinin tam bir grup oluşturmadığı belirlenmiştir.

Özellikle morfolojik çalışmalarda veya tarımsal özellikleri belirleme çalışmalarında ortaya çıkacak problemleri göz önüne alarak morfolojik ve tarımsal özellikleri belirleme çalışmalarının en az iki lokasyonda yapılmasının yararlı olabileceği, SSR DNA markörü ile birlikte farklı DNA markörlerinin kullanılmasının gerektiği, özellikle yabani gernik popülasyonlarının genetik yapısının tam anlaşılabilmesi için daha detaylı araştırmaya gerek olduğu sonucuna varılmıştır.

Bu çalışma sonucunda hem morfolojik hem de moleküler düzeyde varyasyon gösteren yabani gernik buğday (*T. turgidum ssp. dicoccoides*) popülasyonları içerisinde seçilecek üstün özellik gösteren genotiplerin tetraploid (makarnalık) ve hekzaploid (ekmeklik) buğdayın ıslahında başarılı bir şekilde kullanılabileceği ve buğday ıslahçılarının yabani gen kaynaklarını ıslah programlarında kullanmaları gerektiği sonucuna varılmıştır.

KAYNAKLAR

- AKÇURA, M., TOPAL, A. 2006. Türkiye Kışlık Yerel Ekmeklik Buğday Çeşitlerinde Fenotipik Çeşitlilik, Bitkisel Araştırma Dergisi, 2: 8-16.
- AKTAŞ, B., 2010. Kuru Koşullar İçin Islah Edilmiş Bazı Ekmeklik Buğday (*Triticum aestivum* L.) Çeşitlerinin Karakterizasyonu. Doktora Tezi, Ankara.
- ATLI, A., KOÇAK, N., AKTAN, M., (1999). Ülkemiz Çevre Koşullarının Kaliteli Makarnalık Buğday Yetiştirmeye Uygunluk Yönünden Değerlendirilmesi. Orta Anadolu'da Hububat Tarımının Sorunları ve Çözüm Yolları Sempozyumu, 8-11 Haziran, 345-351, Konya.
- AVIVI, L., 1978. High grain protein content in wild tetraploid wheat *Triticum dicoccoides* Korn , Proc 5th Int Wheat Genet Symp New Delhi PP 372-380.
- AVIVI, L., 1979. Utilization *Triticum dicoccoides* for the improvement of grain protein quantity and quality in cultivated wheats. Monogr Genet Agrar 4: 27-38.
- AVIVI, L., LEVY, A. A., FELDMAN, M., 1983. Studies on high protein durum wheat derived from crosses with the wild tetraploid wheat, *Triticum turgidum* var. *dicoccoides*. Proc. 6th International Wheat Genetics Symposium, Kyoto, Japan, 199-204.
- BALKAN, A. ve GENÇTAN, T., 2009. Bazı fotosentez organlarının ekmeklik buğdayda verim unsurları üzerine etkileri. Tekirdağ Ziraat Fakültesi Dergisi, 6 (2): 137-148.
- BORNER, A., SCHUMANN, E., FURSTE, A., COSTER, H., LEITHOLD, B., RÖDER, M.S., WEBER, W.E., 2002. Mapping of quantitative trait loci determining agronomic important characters in hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L). Theor Appl Genet., 105:921-936.
- DONG, P., WEI, Y.-M., CHEN, G.-Y., LI, W., WANG, J.-R., NEVO, E., and ZENG, Y.L., 2009a. EST-SSR diversity correlated with ecological and genetic factors of wild emmer wheat in Israel.- Hereditas 146: 1-10. Lund, Sweden. eISSN 1601-5223.

- DONG, P., WEI, Y.-M., CHEN, G.-Y., LI, W., WANG, J.-R., NEVO, E., ZHENG, Y.-L., 2010. Sequence related amplified polymorphism (SRAP) of wild emmer wheat (*Triticum dicoccoides*) in Israel and its ecological association. *Biochemical Systematics and Ecology* 38 1-11.
- DONG, P., WEI, Y.-M., CHEN, G.-Y., LI, W., NEVO, E., ZENG, Y.L., 2009b. Resistance gene analog polymorphisms (RGAPs) in wild emmer wheat (*Triticum dicoccoides*) and their ecological associations. *Genet Resour Crop Evol* 56:121-136.
- DOYLE, J.J. and DOYLE, J.L., 1987. A Rapid Isolation Procedure for Small Quantities of Fresh Leaf Tissue. *Phytochemical Bulletin*, 19: 11-15.
- EMEBIRI L., OGBONNAYA F., and MOODY D., 2008. Population structure in wild emmer wheat (*Triticum dicoccoides*) based on EST-SSR markers. 11th International Wheat Genetics Symposium, ISBN: 9781920899141.
- EVANS, L. T. and M. RAWSON., 1970. Photosynthesis and respiration by the flag leaf and components of the ear during grain development in wheat. *Aust. J. Biol. Sci.* 23:245-254.
- FAHIMA, T., RODER, M.S., WENDEHAKE, K., KIRZHINER, V.M., NEVO, E., 2002. Microsatellite polymorphism in natural populations of wild emmer wheat, *Triticum dicoccoides*, in Israel. *Theor Appl Genet* 104:17-29 ©Springer-Verlag.
- FELDMAN, M and HOROWITZ, A., and ANIKSTER, Y., 1988. Utilization of biodiversity from *in situ* reserves, with special reference to wild wheat and barley. *Biodiversity and Wheat Improvement*, 21:311-323.
- FELSENBERG, T., A. A. LEVY, GALILI, G and FELDMAN, M., 1991. Polymorphism of high molecular weight glutenins in wild tetraploid wheat: Spatial and temporal variation in a native site. *Isr. J. Bot.* 40: 501–508.
- FENG, D.-S., LI Y., WANG, H.-G., LI, X.-F, GAO, J.-R., 2009. Isolation and evolution mode analysis of NBS-LRR resistance gene analogs from hexaploid wheat. *Plant Mol Biol Rep* 27: 266-274.

- FLAVELL, R.B., O'DELL, M., SHARP, P., NEVO, E., and BEILES A., 1986. Variation in the intergenic spacer of ribosomal DNA of wild wheat, *Triticum dicoccoides*, in Israel. Mol. Biol. Evol. 3(6): 547-558.
- GARCIA A.A.F, BENCHIMOL L.L., BARBOSA A.A.M., GERALDI I.O., SOUZA Jr. C.L., de SOUZA A.P., 2004. Comparison of RAPD, RFLP, AFLP and SSR markers for diversity studies in tropical maize inbred lines, Genet. Mol. Biol., 27, 579-588.
- GENÇ, İ., 1974. Yerli ve Yabancı Ekmeklik Makarnalık Buğday Çeşitlerinde Verim ve Verime Etkili Başlıca Karakterler Üzerinde Araştırmalar. Çukurova Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yay:82. Bil. İn. Ve Araş. Tez:10. Adana.
- GOULAO, L. and OLIVEIRA, C.M., 2001. Molecular Characterization of Cultivars of Apple (*Malus X domestica* Borkh.) Using Microsatellite (SSR and ISSR) Markers. Euphytica, 122: 81-89.
- GRAMA, A., GERECHTER-AMITAI, Z.K., BLUM, A., 1983. Wild emmer as donor of genes for resistance to stripe rust and for high protein content. In: sakamoto, S. (ed), Proc. 6th Int. Wheat genet. Symp. Kyoto, Japan., 187-192.
- GRAMA, A., CRESSEY, J . P., LINDLEY, T., 1987a. Hexaploid wild emmer wheat derivatives grown under New Zealand conditions. I. Relationship between protein composition and parameters. N.Z.J Agric. Res., 30: 35-43.
- GRAMA, A., PORTER, N.G., WRIGHT, D.S.C., 1987b. Hexaploid wild emmer wheat derivatives grown under New Zealand conditions. 2. Effect of foliar urea sprays on plant and grain nitrogen and baking quality. N.Z.J Agric. Res., 30: 45-51.
- GÜLŞEN, O. ve MUTLU, N., 2005. Genetic Markers Used in Plant Sciences and Their Utilization. Alatarım 4 (2): 27-37.
- HAUDRY, A.,CENCI, A., RAVEL, C.,BATAILLON, T., BRUNEL, D., PONCEL,C., HOCHU., I., POIRIER, S., SANTONI, S., GLEMIN, S., and DAVID, J., 2007. Grinding up Wheat: A massive Loss of nucleotide diversity since domestication. Molecular Biology Evolution, vol.24 pp. 1506-1517.

- HONGTRAKUL V., HUESTIS G.M. and KNAPP S.J., 1997 Amplified fragment length polymorphisms as a tool for DNA fingerprinting sunflower germplasm, genetic diversity among oilseed inbred lines, Theor. Appl. Genet., 95, 400-407.
- HOSEIN, E. M., REZA R. M. ,HOJJATOLLAHS., SAYED, T.B.E, SIMON, K. G.; BEAT, K., 2010. Relationships among the A Genomes of Triticum L. Species as Evidenced by SSR Markers, in Iran. International Journal of Molecular Sciences, volume 11.
- IFTIKHAR, R., KHALIQ, I., KASHIF M., ANWAR, A and S., 2012. Study of Morphological Traits Affecting Grain Yield in Wheat (*Triticum aestivum* L.) Under Field Stress Condition, Middle –East Journal of Scientific Research 11 (1): 19-23, 2012 ISSN 1990-9233.
- JACCARD, P., 1908. Nouvelle reserches sur la distribution florale. Bull. Soc. Vaud. Sci.Nat. 44:223-227.
- JIANG, Q.Z., D.ROCHE, S. DURHAM and D. HOLE., 2006 Awn contribution of different wheat leaves and awns to grain yield and its protein content. Zeitschrfit für Acker-und Pflanzenbau, 144:1-7.
- KAFKAS, S., ÖZKAN, H., AK, B.E. AÇAR, İ., ATLI, H.S. and KOYUNCU, S., 2006. Detecting DNA Polymorfism and Genetic Diversity in a Wide Pistachio Germplasm: Comparison of AFLP, ISSR and RAPD Markers. Journal of the American Society for Horticultural Science, 131(4): 522–529.
- KATO, K., MORI, Y., BEILES, A., NEVO, E.,1997. Geographical variation in heading traits in wild emmer wheat, *Triticum dicoccoides*. I. Variation in vernalization response and ecological differrentiation. Theor Appl Genet, 95: 546-552.
- KATO, K., TANIZOE, C., BEILES, A., NEVO, E.,1998. Geographical variation in heading traits in wild emmer wheat, *Triticum dicoccoides*. II. Variation in heading date and adaptation to diverse eco-geograplogical conditions. Hereditas 128:33-39.

- KHALLIGHI, M., ARZANI, A., and PRŠIAHBIDI, M.A., 2008. Assmentof genetic diversity in *Triticum ssp.* using AFLP markers. African. African Journal of Biotechnology Vol.7 (5), pp. 546-552.
- KILIAN, B., ÖZKAN, H., WALTHER, A., KOHL, J., DAGAN, T., SALAMANI, F., and MARTIN, F., 2007. Molcular diversity at 18 loci in 321 Wild and 92 domesticate lines reveal no reduction of nucleotide diversity during *Triticum monococcum* (Einkorn) domestication: Implications fort he origin of agriculture. Mol Biol Evol. Sep26; : 17898361.
- LABORDA, P. R., OLIVERIRA, K.M, GARCIA, A. A. F., PATERNIANI, M. E. A. G. Z., SOUZA, A. P., 2005. Tropical maize germplasm: what can we say about its genetic diversity in the light of molecular markers? Theoretical and Applied Genetics, v.111. p. 1288-1299.
- LEVY, AA., 1987. Genetic studieson gram proteins in *Triticum durum* var. dicoccoides PhD Thesis, Weizzman Institute of Science, Rehovot.
- LEVY, AA., FELDMAN, M., 1987. Increase in grain protein percentage in high yielding common wheat breeding lines byy genes from wild tetraploid wheat. Euphytica 36:353-359.
- LI, W., ZHANG, D-F., WEI,Y-M., YAN, Z-H., ZHENG, Y-L., 2006. Genetic diversity of *Triticum turgidum* L. Based on microsatellite markers. Russian Journal of Genetics, 42, 397-402
- LI, W., ZHANG, D-F., WEI,Y-M., YAN, Z-H., ZHENG, Y-L., 2006 Genetic diversity of *Triticum turgidum* L. Based on microsatellite markers. Russian Journal of Genetics, 42, 397-402.
- LI, X., H.WANG., H. LI., ZHANG, N., TENG, Q., LIN, J., WANG, T., KUANG, Z., LI, B., A. ZHANG., and J, LIN., 2006. Awns play dominant role in carbohydrate production during the grain –filling stages in wheat (*Triticum aestivum* L.) physiologia Plantarum, 21 (6): 1217-1223.
- LI, X., H.WANG., H.LI., ZHANG,N., TENG,Q., LIN,J., WANG,T., KUANG, Z., LI, B., A. ZHANG., and J, LIN., 2006. Awns play dominant role in carbohydrate production during the grain –filling stages in wheat (*Triticum aestivum* L.) physiologia Plantarum, 21 (6): 1217-1223.

- LI, Y., FAHIMA, T., KOROL, A.B., PENG, J., Roder, KIRZHNER V., BEILES and NEVO, E., 2000. Microsatellite diversity correlated with ecological-edaphic and genetic factors in three microsites of wild emmer wheat in North Israel. *Mol. Biol. Evol.* 17(6):851-862. © by the Society for Molecular Biology and Evolution. ISSN: 0737-4038.
- LI, Y.-C., FAHIMA, T., Roder, M.S., KIRZHNER, BEILES, A., KOROL, A.B., and NEVO, E., 2003. Genetic effects on microsatellite diversity in wild emmer wheat (*Triticum dicoccoides*) at the Yehudiyya microsite, Israel. *Heredity* 89, 127-132.
- LI, Y.C., FAHIMA, T., PENG, J.H., BEILES, A., KOROL, A.B., NEVO, E., 2000. Edaphic microsatellite DNA divergence in wild emmer wheat, *Triticum dicoccoides*, at a microsite: Tabigha, Israel. *Theor Appl Genet* 101: 1029-1038 © Springer-Verlag.
- LI, Y.C., KOROL, A.B., FAHIMA, T., BEILES, A., and NEVO, E., 2002. Microsatellites: genomic distribution, putative functions and mutational mechanisms: a review. *Molecular Ecology* 11, 2453-2465 ©Blackwell Science.
- LI, Y.-C., Roder, M.S., FAHIMA, T., KIRZHNER, BEILES, A., KOROL, A.B., and NEVO, E., 2002. Climatic effects on microsatellite diversity in wild emmer wheat (*Triticum dicoccoides*) at the Yehudiyya microsite, Israel. *Heredity* 89, 127-132.
- LI, Y.-C., Roder, M.S., FAHIMA, T., KIRZHNER, V.M., BEILES, A., KOROL, A.B., NEVO, E., 2000. Natural selection causing microsatellite divergence in wild emmer wheat at the ecologically variable microsite at Ammiad, Israel. *Theor App Genet* 100:985-999.
- LUBBERSTEDT, T., MELCHINGER A.E., DUBLE C., VUYLSTEKE, M. and M., KUIPER, 2000. Relationships among early European maize inbreds: IV. Genetic diversity revealed with AFLP markers and comparison with RFLP, RAPD and pedigree data, *Crop Sci.*, 40, 783-791.

- LUO, M.-C., YANG Z.-L., YOU, F. M., KAWAHARA, T., WAINES, J.G., DVORAK, J., 2007. The structure of wild and domesticated emmer wheat populations, gene flow between them, and the site of emmer domestication. *Theor Appl Genet* 114: 947-959 ©Springer Verlag
- MANIFESTO M.M, SCHLATTER A.R., HOPP H.E., SUAREZ E.Y., DUBCOVSKY J., 2001. Quantitative evaluation of genetic diversity in wheat germplasm using molecular markers, *Crop Sci.*, 41, 682-690.
- MEDINI, M., HAMZA, S., REBAI, A., and BAUM, m.,2005. Analysis of genetic diversity in Tunisian durum wheat cultivars and related wild species and AFLP markers. *Genetic Resources and Crop Evolution* 52:21-31.
- MORIHIRO, H., and TAKUMI, S., 2010. Natural variation of leaf shape-related traits in wild einkorn wheat *Triticum urartu* Thun. *Wheat Inf. Serv.* 109: 1-4. www.shigen.nig.ac.jp/ewis.
- NEVO, E., 1986. Genetic resources of wild cereals and crop improvement: Israel, a natural laboratory. *Israel Journal Of Botany*, Vol. 35, 1986, pp. 255-278.
- NEVO, E., BEILES, A., YITZCHAK, G., STORCH, NURITH., and KAPLAN D., 1984. Genetic resources of wild cereals in Israel and vicinity I. Phenotypic variation within and between populations of wild wheat, *Triticum dicoccoides*. *Euphytica* 33 (1984) 717-735.
- NEVO, E., 1992. Origin, evolution, population genetics and resources for breeding of wild barley, *Hordeum spontaneum*, in the Fertile Crescent. In: *Barley: Genetics, Molecular Biology and Biotechnology*, Shewry, P. (ed.). C.A.B. International. Pp. 19-43.
- NEVO, E., 1995. Asian, African and European biota meet at "Evolution Canyon", Israel: local tests of global biodiversity and genetic diversity patterns. *Proc. Roy. Soc. Lond. B*262:149-155.
- OZBEK, Ö., MİLLET, E., ANIKSTER, Y., ARSLAN, O., FELDMAN, M., 2007. Comparison of the genetic structure of populations of wild emmer wheat, *Triticum turgidum* ssp. *dicoccoides*, from Israel and Turkey revealed by AFLP analysis. *Genet Resour Crop Evol* 54:1587-1598.

- OZKAN, H., BRANDOLONI, A.C., POZZI E.S., EFFGEN J., WUNDER, E., WUNDER, J., SALAMINI, E.F, 2005. A reconsideration of the domestication geography of tetraploid wheats. *Theor Appl Genet* 110: 1052–1060.
- OZKAN, H., TUNA, M., KILIAN B., MORI, N., and OHTA, S., 2010. Genome size variation in diploid and tetraploid wild wheats. *AOB Plants:plq015*, doi:10.1093/aobpla/plq015., <http://aobplants.oxfordjournals.org/>
- OZKAN, H., WILLCOX, G., GRANER, A., SALAMINI, F., KILIAN, B., 2011. Geographic distribution and domestication of wild emmer wheat (*Triticum dicoccoides*)
- PELEG, Z., YEHOSHUA, S., KRUGMAN, T., ABBO, S., NEVO, E., & FAHIMA, T., 2008a. Allelic diversity associated with aridity gradient in wild emmer wheat populations. *Plant, Cell and Environment* 31, 39-49.
- PELEG, Z., FAHIMA, T., ABBO, S., KRUGMAN, T., and YEHOSHUA, S., 2008b. Genetic structure of wild emer wheat populations as reflected byu transcribed versus anonymous SSR markers. *Genome* 51: 187–195.
- PELEG, Z., YEHOSHUA, SARANGA., KRUGMAN, T., ABBO, S., NEVO, E., FAHIMA, T., 2007. Allelic diversity associated with aridity gradient in wild emmer wheat populations. *Plant cell and enviorement*.
- PENG, J., SUN, D., and NEVO, E., 2011. Wild emmer wheat, *Triticum dicoccoides*, occupies a pivotal position in wheat domestication process. *Australian Journal of Crop Science AJCS* 5 (9) :1127-1143. ISSN:1835-2707.
- POWELL, W., MORGANTE, M., ANDRE, C., HANAFEY, M., VOGEL, TINGEY, S., and RAFALSKI, A., 1996. The comparison of RFLP, RAPD AFLP and SSR markers for germplazm analysis. *Molekular Breeding*, 2:225-238.
- RAWASHDEH, I., RAWASHDEH N.Q., HADDADN.I., ve AMRI, A., Genetic diversity analysis among Jordanian durum wheat landraces, improved cultivars and wild types *Triticum dicoccoides* using RAPD technique. *Jordan Journal of Agricultural Sciences*, Volume 6, No 4.

- REN, J., CHEN, L., SUN, D., YOU, F. M., WANG, J., PENG, Y., NEVO, E., BEILES, A., SUN, D., LUO, M.-C.; PENG, J., 2013. SNP-revealed genetic diversity in wild emmer wheat correlates with ecological factors. *BMC Evolutionary Biology* 2013, 13:169 doi:10.1186/1471-2148-13-169.
- RODER, M.S., KORZUM, V., WENDEHAKE, K., PLASCHKE, J., TIXIER, M.H., LEROY, P., and GANAL, M.W. (1998). A microsatellite map of wheat. *Genetics* 149:2007–2023.
- SALAMINI, F., OZKAN, H., Brandolini, ANDREA., PREGL, R.S. & MARTIN, W., 2002. Genetics and geography of wild cereal domestication in the near east. *Nature Reviews Genetics* 3, 429-441 doi:10.1038/nrg817.
- SCARANO, M. T., ABBATE, L., FERRANTE, S., LUCRETTI, S. and TUSA, N., 2002. ISSR-PCR Technique: a Useful Method for Characterizing New Allotetraploid Somatic Hybrids of Mandarin. *Plant Cell Rep*, 20: 1162-1166.
- SCHUELKE, M., 2000. An Economic Method for the Fluorescent Labeling of PCR Fragments. *Nature Biotechnology*, 18: 233-234.
- SELA, H., CHENG, J., JUN, Y., NEVO, E., FAHIMA, T., 2009. Divergent diversity patterns of NBS and LRR domains resistance gene analogs in wild emmer wheat populations. *Genome* 52: 557-565.
- SHAVRUKOV, Y., LANDRIDGE, P., TESTER, M.ve NEVO, E., 2010. Wide genetic diversity of salinity tolerance, sodium exclusion and growth in wild emmer wheat, *Triticum dicoccoides*. *Breeding Science* 60:426-435.
- SHIZUKA, T., MORI, N., OZKAN, H., and OHTA, S., 2015. Chloroplast DNA haplotype variation within two natural populations of wild emmer wheat (*Triticum turgidum* ssp. *dicoccoides*) in southern Turkey. *Biotechnology & Biotechnological Equipment* Vol.0,1-8, <http://dx.doi.org/10.1080/13102818.2015.1012648>, The Author(s). Published by Taylor & Francis.
- SINGH, M., CHABANE, K., VALKOUN, J., and BLAKE, T., 2006. Optimum sample size for estimating gene diversity in wild wheat using AFLP markers. *Genetic Resources and Crop Evolution* 53: 23-33.

- SNAPE, J.W., LECKIE, D., PARKER, BB., NEVO,E., 1991a. The genetical analysis and explotitation of differential response to herbicides in crop species. In: Casley JC. Cussans JW Ahin RK (eds) Herbicide resistance in weeds and crops. Butterworth-Heinemann, Oxford, UK,, pp:5-17.
- SOYLU, SULEYMAN ve SADE, BAYRAM., 2003. Makarnalık Buğdaylarda (*Triticum durum* L.) bitki boyu, hasat indeksi ve bunlara etkili faktörlerin kombinasyon yeteneği ve kalıtımı. ANADOLU, J.of AARI 13 (1) 2003, 75-90 MARA.
- STAUB, J. E., SERQUEN, F.C. and GUPTA, M., 1996. Genetic Markers, Map Construction, and Their Application in Plant Breeding. Hort Science, 31: 729– 741.
- STODART, B. J., MACKAY, M.C., and RAMAN H., 2007. Assessment of molecular diversity in landraces of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) held in an ex situ collection with Diversity Arrays Technology (DART™). Australian Journal of Agricultural Research, 58, 1174-1182.
- TAKUMI, S., NISHIOKA, E., KAWAHARA, T., and MATSUOKA, Y., 2009. Natural variation of morphological traits in wild wheat progenitor *Aegilops tauschii* Coss. Breeding Science 59: 579-588(2009).
- TANYOLAC, B., LINTON, E., and OZKAN, H., 2003. Low genetic diversity in wild emmer (*T.turgidum* L. subsp. *dicoccoides* (Körn.ex Asch. et Graebn.) Thell.) from South-eastern Turkey revealed by Restriction Fragment Length Polymorphism. Genetic Resources and Crop Evolution 50: 829-833.
- UNAY, A., KONAK, C.,SEZENER, N., ÇAĞIRICI, NAHİT., 2005. Buğdayda (L. em Thell) bayrak yaprağı özelliklerinin kalıtımı ve verim ile ilişkileri, ADÜ Ziraat Fakültesi Dergisi 2005; 2(1) : 23 – 27.
- WANG, J-R., WEI, Y-M., LONG, X-Y.,YAN, Z-H., NEVO,E., BAUM, B.R., HENG, Y-L., 2008. Molecular evolution of dimeric α -amylase inhibitor genes in wild emmer wheat and its ecological association. *BMC volutionary Biology* 2008, 8:91 doi:10.1186/1471-2148-8-91.

- YALCIN, M. M., 2007. Bazı yabancı gernik genotiplerinin morfolojik ve fizyolojik özelliklerinin saptanması. Ç.Ü. Ziraat Fakültesi- Yüksek Lisans Tezi 61 sayfa.
- YUCEL, C., ALTINTAŞ, S. ve ÖZKAN, H., 2003. Yabancı Gernik (*Triticum turgidum* ssp. *dicoccoides*) ve makarnalık (*Triticum turgidum* ssp. *durum*) buğdayda morfo-fizyolojik varyasyon, Türkiye 5. Tarla Bitkileri Kongresi 13-17 Ekim 2003.
- ZHANG, J., YUAN, Y., NİU, C., HİNCHLIFFE, D.J., LU, Y., YU, S., PERCY, R.G., ULLOA, M., and CANTRELL R.G., 2007. AFLP-RGA markers in comparison with RGA and AFLP in cultivated tetraploid cotton. Published in Crop Sci. 47:180-187, Crop Breeding & Genetics.

ÖZGEÇMİŞ

09/03/1975 yılında Adana’da doğdu. İlk, orta ve lise öğrenimini Adana’da tamamladı. 1994 yılında başladığı Çukurova Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkileri Bölümü’nden 1998 yılında mezun oldu ve 1999 yılında Çukurova Üniversitesi Tarla Bitkileri Anabilimdalında yüksek lisansa başladı ve 2002 yılında tamamladı. 2000 yılında KSÜ İslahiye MYO’unda öğretim görevlisi/uzman kadrosunda üç yıl süreyle görev aldı. Ç.Ü Ziraat Fakültesi Toprak Bölümü’nde 2003 - 2008 yılları arasında teknisyen olarak görev aldı. 2008 yılında Ç.Ü Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Anabilimdalında Moleküler Genetik Laboratuvarında doktorasına başladı aynı zamanda teknisyenlik görevine devam etti. Halen aynı yerde görevine devam etmektedir. Evli ve bir çocuk annesidir.