



**KIŞLIK BUĞDAYDA SOĞUĞA
DAYANIKLILIK İLE İLGİLİ
QTL'LERİN BELİRLENMESİ**

Parisa BOLOURI

Doktora Tezi

**Tarla Bitkileri Anabilim Dalı
Tahıllar ve Yemelik Baklagiller Bilim Dalı
Prof. Dr. Kamil HALİLOĞLU
Prof. Dr. Seyed Abolghasem MOHAMMADI**

2018

Her hakkı saklıdır

**ATATÜRK ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

DOKTORA TEZİ

**KIŞLIK BUĞDAYDA SOĞUĞA DAYANIKLILIK İLE İLGİLİ
QTL'LERİN BELİRLENMESİ**

Parisa BOLOURI

**Tarla Bitkileri Anabilim Dalı
Tahıllar ve Yemelik Baklagiller Bilim Dalı**

**ERZURUM
2018**

Her hakkı saklıdır



T. C.
ATATÜRK ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ



TEZ ONAY FORMU

**KIŞLIK BUĞDAYDA SOĞUĞA DAYANIKLILIK İLE İLGİLİ QTL'LERİN
BELİRLENMESİ**

Prof. Dr. Kamil HALİLOĞLU danışmanlığında ve Prof. Dr. S. Abolghasem Mohammadi ortak danışmanlığında, Parisa BOLOURI tarafından hazırlanan bu çalışma 17.09.2018 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından Tarla Bitkileri Anabilim Dalı'nda Doktora Tezi olarak (7./7) oybirliği/oy çokluğu ile kabul edilmiştir.

Başkan :Prof. Dr. Metin TOSUN

İmza:

Üye :Prof. Dr. Kamil HALİLOĞLU

İmza:

Üye :Prof. Dr. Hasan KILIÇ

İmza:

Üye :Prof. Dr. Hakan ÖZER

İmza:

Üye :Prof. Dr. S. Abolghasem MOHAMMADI

İmza:

Üye :Prof. Dr. Atilla DURSUN

İmza:

Üye :Doç Dr. Mehmet YILDIRIM

İmza:

Yukarıdaki sonuç;

Enstitü Yönetim Kurulu 27.09.2018 tarih ve 38/60...nolu kararı ile onaylanmıştır.

Prof. Dr. Mehmet KARAKAN
Enstitü Müdürü

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

ÖZET

Doktora Tezi

KIŞLIK BUĞDAYDA SOĞUĞA DAYANIKLILIK İLE İLGİLİ QTL'LERİN BELİRLENMESİ

Parisa BOLOURI

Atatürk Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Tarla Bitkileri Anabilim Dalı
Tahıllar ve Yemelik Baklagiller Bilim Dalı

Danışman: Prof. Dr. Kamil HALİLOĞLU

Erzurum'da 2013-2015 yılları arasında yürütülen bu çalışmada kışlık buğdayda soğuga dayanıklılık ile ilgili QTL'lerin belirlenmesi amacıyla Norstar ve Zagros çeşitleri arasındaki melezlemede üretilen 180 adet rekombinant kendilenmiş F₁₂ hatları (RK) tam şansa bağlı blok deneme desenine göre iki tekerürlü olarak iki yılda (2013-2014 ve 2014-2015) yapılmıştır.

Çalışmada tarımsal özellikler; kıştan sonra canlı bitki sayısı, başaklanma, çiçeklenme ve süt olum dönemlerinde yaprak klorofil içeriği, bitki boyu, başakta başakçık sayısı, başak uzunluğu, başaklanma süresi, bin tane ağırlığı, çiçeklenme süresi, fizyolojik olum süresi ve başakta tane sayısı özellikleri incelenmiştir. Varyans analizi sonuçlarına göre her iki yılda tüm özellikler açısından genotipler arasında önemli bir fark olduğu belirlenmiştir.

İncelenen korelasyon sonuçlarına göre en yüksek korelasyon eşitliğini gösteren iki özellik olarak süt olum döneminde yaprak klorofil içeriği ile çiçeklenme süresinin (0.675**) pozitif ve çok önemli bir ilişkiye sahip olduğu kaydedilmiştir. Ayrıca denemede elde edilen sonuçlara göre LT₅₀ ve başaklanma süresi arasında pozitif ve önemli (0.154*) bir ilişki tespit edilmiştir.

İncelenen özellikler açısından iki yıllık veriler değerlendirildiğinde 9 adet ortak QTL tespit edilmiştir. Bu QTL bölgelerinden 3 tanesi başaklanma döneminde yaprak klorofil içeriği, 2 tanesi QTL çiçeklenme döneminde yaprak klorofil içeriği, bir tanesi süt olum dönemi yaprak klorofil içeriği, bir adeti başaklanma süresi, bir adet QTL bin tane ağırlığı, bir tanesi ise fizyolojik olum süresi ile ilgili özellikleri kapsamaktadır. Bu QTL'lerin agronomik özellikler üzerindeki birikimi 6B, 3A, 5AL-2~c, 3B, 1B ve 4A kromozomlarında gözlenmiştir. Soğuga dayanıklılığın belirlenmesinde etkin bir seleksiyon yöntemi olan LT₅₀ sonuçlarına göre, *Barc101*, *GWM340*, *GWM160* ve *GWM493* işaretçileri ile ilişkili toplam 4 adet QTL bulunmuştur. LT₅₀ tarımsal özelliği ile ilişkili olarak, SSR işaretçilerinden *GWM160*'ın %16 oranı ile en yüksek QTL oranına sahip olduğu belirlenmiştir. Soğuga dayanıklılığın kazandırılması ile ilgili ıslah çalışmalarında *GWM160* işaretçisi seleksiyon aşamasında etkin olarak kullanılabilir.

2018, 126 sayfa

Anahtar Kelimeler: Ekmeklik buğday, Korelasyon, Donma toleransı, LT₅₀, Tarımsal özellikler, Kromozom, QTL

ABSTRACT

Ph.D. Thesis

DETERMINATION OF QTL'S RELATED TO WINTER TOLERANCE IN WINTER WHEAT

Parisa BOLOURI

Atatürk University
Graduate School of Natural and Applied Sciences
Department of Field Crops
Division of Cereals and Edible Legumes

Supervisor: Prof. Dr. Kamil HALILOGLU

This study was carried out in two cropping seasons (2013 -2014 and 2014-2015) in Erzurum. Recombinant inbred F₁₂ lines originated from the cross of Norstar and Zagros varieties were used to identify QTLs related to cold tolerance in winter wheat. The agricultural traits investigated in this study were as follows: leaf chlorophyll content during heading, leaf chlorophyll content during flowering, leaf chlorophyll content during milk stages, plant height, number of spikelets per spikes, spike length, duration of spike onset, 1000 seed weight, flowering duration, period of physiological maturity, number of survived plants after winter, number of and number of seeds per spike. According to the results of the combined analysis of variance, it was determined that there is a significant difference between the genotypes in terms of all traits in both cropping seasons. It was noted that leaf chlorophyll content during the milk stage was positively and significantly related to the duration of flowering (0.675**) as showing the highest correlation results. It was also determined that the LT₅₀ and the heading duration had a positive and significant association (0.154*). Nine common QTLs were determined on the results of two cropping seasons. Some of these QTLs are similar in terms of agricultural traits.

Common QTLs determined in two cropping seasons based on agronomical traits were three QTL for leaf chlorophyll content during heading periods, 2 QTLs for leaf chlorophyll contents during flowering periods, one QTL for leaf chlorophyll content during milk stage, one QTL for heading period, one QTL for 1000 seed weight, one QTL for physiological maturity. The total QTLs observed on agronomic traits were located on chromosomes 6B, 3A, 5AL-2 ~ c, 3B, 1B, 4A. QTLs for cold tolerance were found on a variety of chromosomes and linked to other agricultural features.

LT₅₀ is the effective selection criteria for the determination of cold resistance genotypes. Four QTLs related to cold resistance were *Barc101*, *GWM340*, *GWM160* and *GWM 493* markers. SSR marker *GWM160* had the highest effect (16%) on explaining the phenotypic variation. Related QTLs were found to be on 4A, 2B and 3B chromosomes.

2018, 126 pages

Keywords: Bread wheat, Correlation, Freezing tolerance, LT₅₀, Agronomic traits, Chromosome, QTL

TEŞEKKÜR

Çalışmanın yürütülmesinde destek ve yardımlarını esirgemeyen ve her aşamada yanımda olan çok kıymetli danışmanım ve değerli hocam Sayın Prof. Dr. Kamil HALİLOĞLU ve İran'dan yardımcı danışman hocam Sayın Prof. Dr. S. Abolgasem MOHAMADI'ye, bilgi ve tecrübelerinden her zaman yararlandığım ve tohumların temin edilmesinde yardımcı olan ve her zaman her konuda yardımlarını esirgemeyerek her türlü desteği veren değerli hocalarım Sayın Prof. Dr. Mohamad MOGADAM (Tebriz Üniversitesi Ziraat Fakültesi), yaşamım boyunca maddi manevi desteklerini üzerimden eksik etmeyen değerli aileme özellikle projeyi yürüttüğüm her aşamada yanımda olan annem ve babam, eşim ve sevimli kızıma sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Parisa BOLOURI

Ağustos, 2018

İÇİNDEKİLER

ÖZET	i
ABSTRACT	ii
TEŞEKKÜR	iii
SİMGELER ve KISALTMALAR DİZİNİ	viii
ŞEKİLLER DİZİNİ	x
ÇİZELGELER DİZİNİ	xii
1. GİRİŞ	1
2. KAYNAK ÖZETLERİ.....	4
3. MATERYAL ve YÖNTEM	15
3.1. Materyal	15
3.2. Yöntem.....	15
3.2.1. Ekim ve hasat işlemleri.....	15
3.2.2. Denemede incelenen özellikler	17
3.2.3. Soğuğa dayanıklılık çalışmaları	18
3.2.4. Moleküler analizler.....	20
3.2.4.a. Çalışmada kullanılan çözeltiler ve hazırlanış şekilleri.....	20
3.2.4.b. DNA izolasyonu	22
3.2.4.c. DNA miktarı ve kalitesi	23
3.2.4.d. SSR Primerlerinin sulandırılması	24
3.2.4.e. SSR Moleküler işaretçisi ile PCR analizi.....	24
3.2.4.f. PCR ürünlerinin yürütülmesi ve görüntülenmesi.....	26
3.2.4.g. Bantların puanlanması	27
3.2.4.h. Verilerin değerlendirilmesi ve istatistiksel analizi	27
4. ARAŞTIRMA BULGULARI.....	37
4.1. Tarımsal Özelliklerin Değerlendirilmesi	37
4.2. Tarımsal Özellikler Arasındaki İlişkilerin Belirlenmesi.....	43
4.2.1. Yaprak klorofil içeriği ¹	45
4.2.2. Yaprak klorofil içeriği ²	47
4.2.3. Yaprak klorofil içeriği ³	50

4.2.4. Bitki boyu.....	52
4.2.5. Başakta başakçık sayısı.....	53
4.2.6. Başak uzunluğu	54
4.2.7. Bin tane ağırlığı	55
4.2.8. Başaklanma süresi	57
4.2.9. Çiçeklenme süresi.....	58
4.2.10. Fizyolojik olum süresi	59
4.2.11. Kıştan sonra canlı bitki sayısı.....	60
4.2.12. Başakta tane sayısı.....	61
4.2.13. LT ₅₀ değeri	61
4.3. Genotipik Değerlendirme.....	63
4.3.1. 2013-2014 yetiştirme yılı için tarımsal özelliklerden elde edilen QTL değerleri	63
4.3.1.a. Yaprak klorofil içeriği ¹ (%50 çiçeklenme aşamasında klorofil ölçümü).....	64
4.3.1.b. Yaprak klorofil içeriği ² (%50 çiçeklenme başladıktan 15 gün sonra klorofil ölçümü).....	65
4.3.1.c. Yaprak klorofil içeriği ³ (%50 çiçeklenme başladıktan 25 gün sonra klorofil ölçümü).....	65
4.3.1.d. Bitki boyu.....	65
4.3.1.e. Başak uzunluğu.....	66
4.3.1.f. Başaklanma süresi	66
4.3.1.g. Bin tane ağırlığı	66
4.3.1.h. Çiçeklenme süresi	66
4.3.1.i. Fizyolojik olum süresi	67
4.3.1.i. Kış sonrası canlı bitki sayısı.....	67
4.3.1.j. Başakta tane sayısı.....	67
4.3.2. 2014-2015 Yetiştirme yılının tarımsal özelliklerinden elde edilen QTL değerleri	67
4.3.2.a. Yaprak klorofil içeriği ¹ (%50 çiçeklenme aşamasında klorofil ölçümü).....	69
4.3.2.b. Yaprak klorofil içeriği ² (%50 çiçeklenme başladıktan 15 gün sonra klorofil ölçümü).....	69

4.3.2.c. Yaprak klorofil içeriği ³ (%50 çiçeklenme başladıktan 25 gün sonra klorofil ölçümü)	69
4.3.2.d. Bitki boyu.....	70
4.3.2.e. Başak uzunluğu.....	70
4.3.2.f. Başakta başakçık sayısı	70
4.3.2.g. Başaklanma süresi	70
4.3.2.h. Bin tane ağırlığı	71
4.3.2.i. Çiçeklenme süresi.....	71
4.3.2.j. Fizyolojik olum süresi	71
4.3.2.k. Kıştan sonra canlı bitki sayısı	71
4.3.2. Başakta tane sayısı.....	72
4.3.3. İki yıllık ortalama verilere göre tarımsal özelliklerinden elde edilen QTL değerleri	72
4.3.3.a. Yaprak klorofil içeriği ¹ (%50 çiçeklenme aşamasında klorofil ölçümü).....	73
4.3.3.b. Yaprak klorofil içeriği ² (%50 çiçeklenme başladıktan 15 gün sonra klorofil ölçümü).....	73
4.3.3.c. Yaprak klorofil içeriği ³ (%50 çiçeklenme başladıktan 25 gün sonra klorofil ölçümü).....	74
4.3.3.d. Bitki boyu.....	74
4.3.3.e. Başak uzunluğu.....	74
4.3.3.f. Başaklanma süresi	74
4.3.3.g. Bin tane ağırlığı	75
4.3.3.h. Çiçeklenme süresi	75
4.3.3.i. Fizyolojik olum süresi	75
4.3.3.j. Kıştan sonra canlı bitki sayısı	75
4.3.3.k. Başakta tane sayısı.....	76
4.4. LT ₅₀ ile Bulunan QTL'ler	76
4.5. Genotipik Değerlendirmelerle ilgili Tartışma.....	76
5. SONUÇ	82
5.1. Öneriler	83
KAYNAKLAR.....	84
EKLER.....	93

EK 1.....	93
EK 2.....	101
EK 3.....	109
EK 4.....	117
EK 5.....	122
ÖZGEÇMİŞ.....	127



SİMGELER ve KISALTMALAR DİZİNİ

°C	: Santigrat derece
µl	: Mikrolitre
ABA	: Absisik asit
AFLP	: Çoğaltılan Parça Uzunluk Polimorfizmi
BA	: Bin tane ağırlığı
BABS	: Başakta başakça sayısı
BAU	: Başak uzunluğu
bç	: Baz çifti
BİB	: Bitki boyu
BS	: Başaklanmaya süresi
BTS	: Başakta tane sayısı
CBS	: Kıştan sonra canlı bitki sayısı
ÇİS	: Çiçeklenme süresi
cm	: Santimetre
ÇS	: Çıkış sayısı
dk	: Dakika
FOS	: Fizyolojik olum süresi
g	: Gram
D-N	: Gündüz-Gece
ha	: Hektar
ICARDA	: International Center for Agricultural Research in the Dry Area
K	: Potasyum
kg	: Kilogram
LT	: Low Temperature
m	: Metre
M	: Molar
MAS	: Marker-Assisted Selection
Mg	: Mili gram
MgCl ₂	: Magnezyum Klorür

ml	: Mili litre
mm	: Mili metre
mM	: Mili molar
n	: Döngü sayısı
N	: Azot
ng	: Nanogram
P	: Fosfor
pmol	: Piko mol
QTL	: Quantitative trait loci (kantitatif karakter lokusları)
RAPD	: Rastgele çoğaltılmış DNAPolimorfizmi
RFLP	: Kesilmiş parçaların uzunluk polimorfizmi
RK	: Rekombinant kendilenmiş
Rpm	: dakikada devir
SAS	: Statistical Analysis Software
SB	: Sodium boric asit
Sn	: Saniye
SNP	: Single Nucleotide Polymorphism (Tek nükleotit polimorfizmi)
SPSS	: Statistical Package for the Social Sciences
SSR	: Simple Sequence Repeats (Basit dizi tekrarları)
Taq	: Taq polymerase (Thermus aquaticus'dan izole edilen enzim)
TBE	: Tris-Borat-EDTA tamponu
TE	: Tris-EDTA tamponu
Tris-HCl	: Tris-hidroklorür
TÜİK	: Türkiye İstatistik Kurumu
V	: Volt
V/V	: Hacim / Hacim
w/v	: Ağırlık / Hacim
YKİ₁	: Yaprak klorofil içeriği ₁ (%50 çiçeklenme aşamasında klorofil içeriği)
YKİ₂	: Yaprak klorofil içeriği ₂ (%50 çiçeklenmeden 15gün sonra klorofil içeriği)
YKİ₃	: Yaprak klorofil içeriği ₃ (%50 çiçeklenmeden 25gün sonra klorofil içeriği)

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 3.1. Deneme alanından bir görünüş	16
Şekil 3.2. A. Genotiplerin serada ekimi ve yetiştirilmesi, B. Bitkilerin büyüme odasının soğuğa maruz kalması için hazırlanması, C. Bitkilerin büyüme odası soğuğa maruz kaldıktan sonra, dondurucu makinesinin hazırlanması D. Dondurucu makinesinin dışı E. Dondurucu makinesinin içi ve F. Dondurucu makinesinden sonra bitkilerin serada bekletilmesi.....	20
Şekil 3.3. (A). Bitki yaprağını sıvı azot havanda ezilmesi, (B). İlk santrifüjdan sonra iki faz ayrılması, (C). İkinci ve üçüncü santrifüjdan sonra fazların ayrılması ve (D). DNA elde edilmesi.....	23
Şekil 3.4. CTAB metodu ile elde edilen DNA'nın %0.8'lik agaroz jel görüntüsü.....	24
Şekil 3.5. Akrilamit jelin hazırlanışı.....	26
Şekil 4.1. LT ₅₀ Dağılımı F ₁₂ poplusu ve Norstar (N) ve Zagros (Z) ebevenleri	43
Şekil 4.2. Yaprak klorofil içeriği ¹ (YKİ ¹) özelliği ile yaprak klorofil içeriği ² (YKİ ²) arasında ilişkiler	46
Şekil 4.3. Yaprak klorofil içeriği ¹ (YKİ ¹) özelliği ile başak uzunluğu (BAU) arasında ilişkiler.....	46
Şekil 4.4. Yaprak klorofil içeriği ¹ (YKİ ¹) özelliği ile kıştan sonra canlı bitki sayısı (CBS) arasında ilişkiler	47
Şekil 4.5. Yaprak klorofil içeriği ² (YKİ ²) özelliği ile yaprak klorofil içeriği ³ (YKİ ³) arasında ilişkiler.....	48
Şekil 4.6. Yaprak klorofil içeriği ² (YKİ ²) özelliği ile bin tane ağırlığı (BA) arasındaki ilişkiler.....	49
Şekil 4.7. Yaprak klorofil içeriği ² (YKİ ²) özelliği ile çiçeklenme süresi (ÇİS) arasındaki ilişkiler.....	49
Şekil 4.8. Yaprak klorofil içeriği ³ (YKİ ³) parametreleri ile başakta başakçık sayısı (BABS) arasındaki ilişkiler	51

Şekil 4.9. Yaprak klorofil içeriği ³ (YKİ ³) parametreleri ile fizyolojik olum süresi (FOS) arasındaki ilişkiler	51
Şekil 4.10. Bitki boyu özelliği (BİB) ile başak uzunluğu (BAU) arasındaki ilişkiler	52
Şekil 4.11. Başakta başakçık sayısı (BABS) ile başak uzunluğu (BAU) arasındaki ilişkiler	53
Şekil 4.12. Başak uzunluğu (BAU) özelliği ile çiçeklenme süresi (ÇİS) arasındaki ilişkiler	55
Şekil 4.13. Başak uzunluğu (BAU) ile fizyolojik olum süresi (FOS) arasındaki ilişkiler	55
Şekil 4.14. Bin tane ağırlığı (BA) ile çiçeklenme süresi (ÇİS) arasındaki ilişkiler	56
Şekil 4.15. Bin tane ağırlığı (BA) ile başakta tane sayısı (BTS) arasındaki ilişkiler	57
Şekil 4.16. Başaklanma süresi (BS) fizyolojik olum süresi (FOS) arasındaki ilişkiler	58
Şekil 4.17. Çiçeklenme süresi(ÇİS) ile fizyolojik olum süresi (FOS) arasındaki ilişkiler	59
Şekil 4.18. Fizyolojik olum süresi (FOS) ile kıştan sonra canlı bitki sayısı (CBS) arasındaki ilişkiler.....	60
Şekil 4.19. Kıştan sonra canlı bitki sayısı (CBS) ile başakta tane sayısı (BTS) arasındaki ilişkiler	61
Şekil 4.20. Farklı SSR işaretçilerin populasyon içindeki jel görüntüleri	63

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 3.1. Erzurum İlinin 2013 - 2015 yıllarına ait bazı iklim verileri	16
Çizelge 3.2. DNA izolasyonu için kullanılan tampon ve hazırlanma şekilleri	20
Çizelge 3.3. Kloroform: İzooamil alkol 24:1 (v/v) hazırlanması.....	21
Çizelge 3.4. TE tampon 10X hazırlanması	22
Çizelge 3.5. PCR malzemeleri ve miktarları.....	25
Çizelge 3.6. SSR moleküler belirteçlerin taramasında kullanılan PCR şartları.....	25
Çizelge 3.7. Jel hazırlanmada kullanılan kimyasallar ve hazırlanışları.....	27
Çizelge 3.8. SSR belirtecinden elde edilen bilgiler.....	28
Çizelge 4.1. 2013-2014 yetiştirme yılında incelenen tarımsal özelliklere ait kareler ortalaması.....	39
Çizelge 4.2. 2014-2015 yetiştirme yılında incelenen tarımsal özelliklere ait kareler ortalaması.....	39
Çizelge 4.3. 2013-2014 ve 2014-2015 yetiştirme yılında incelenen tarımsal özelliklere ait kareler ortalaması	40
Çizelge 4.4. 2013-2014 yetiştirme yılında incelenen tarımsal özelliklere ait parametrik olmayan analiz sonuçları.....	41
Çizelge 4.5. 2014-2015 yetiştirme yılında incelenen tarımsal özelliklere ait parametrik olmayan analiz sonuçları.....	41
Çizelge 4.6. Birleştirilmiş yıllar YKİ ³ , BS, ÇİS ve FOS özellikleri için parametrik olmayan analiz sonuçları	41
Çizelge 4.7. Rekombinant kendilenmiş hatlara ait ortalama LT ₅₀ değerleri.....	42
Çizelge 4.8. Denemede incelenen özellikler arasındaki ilişkilere ait korelasyon değerleri	44
Çizelge 4.9. Yaprak klorofil içeriği ¹ (YKİ ¹) ile diğer tarımsal özelliklerin regresyon analizleri	45
Çizelge 4.10. Yaprak klorofil içeriği ² (YKİ ²) ile diğer tarımsal özelliklerin regresyon analizleri	48
Çizelge 4.11. Yaprak klorofil ³ içeriği ³ (YKİ ³) ile diğer tarımsal özelliklerin regresyon analizleri	50

Çizelge 4.12. Bitki boyu ile diğer tarımsal özelliklerin regresyon analizleri	52
Çizelge 4.13. Başakta başakçık sayısı ile diğer tarımsal özelliklerin regresyon analizleri	53
Çizelge 4.14. Başak uzunluğu ile diğer tarımsal özelliklerin regresyon analizleri	54
Çizelge 4.15. Bin tane ağırlığı ile diğer tarımsal özelliklerin regresyon analizleri	56
Çizelge 4.16. Başaklama süresi ile diğer tarımsal özelliklerin regresyon analizleri	57
Çizelge 4.17. Çiçeklenme süresi ile diğer tarımsal özelliklerin regresyon analizleri	58
Çizelge 4.18. Fizyolojik olum süresi ile diğer tarımsal özelliklerin regresyon analizleri	59
Çizelge 4.19. Kıştan sonra canlı bitki sayısı ile diğer tarımsal özelliklerin regresyon analizleri	60
Çizelge 4.20. 2013-2014 yılı için elde edilen QTL değerleri	64
Çizelge 4.21. 2014-2015 yılı için elde edilen QTL değerleri	68
Çizelge 4.22. İki yıllık ortalamalara göre QTL değerleri	72
Çizelge 4.23. LT ₅₀ değeri ile ilgili bulunan QTL'ler	76

1. GİRİŞ

Sıcaklık, bitkisel üretimi kısıtlayan en önemli etmenlerden birisidir. Çoğunlukla sonbahar mevsimi başlarında ve ilkbahar mevsimi sonlarında hava sıcaklığında meydana gelen ani düşüşler, bahçe ve tarla şartlarında yetiştirilen bitkilere olumsuz etki yapmaktadır. Düşük sıcaklığın etkili olduğu süre ve şiddetine bağlı olarak bitkilerde renk bozulması, yapraklarda su kaybı neticesinde solma, büyümenin yavaşlaması veya durması, olgunlaşma yeteneğini kaybetmesi ve çürüme gibi bir grup işaretler gözlenmektedir. Bu durum bitkisel üretimde arzu edilmeyen önemli zararlara neden olduğundan dolayı, bitkilerde soğuğa tolerans ve dayanıklılık mekanizmalarının biyokimyasal ve genetik temellerinin anlaşılabilmesi ve dayanıklılığı düşük veya hiç olmayan bitkilerin mümkün olduğunca dirençli hale getirilebilmesi konusunda yeni teknolojilerin dâhil edildiği araştırmaların devreye alınması gerekmektedir (Çakmakçı ve Açıköz 1992).

Ülkemizde toplam tahıl ekiminin yaklaşık %49,37'si buğdaya aittir. Tahıl tarımının kolay ve mekanizasyona uygun oluşu, yetiştiricileri çoğunlukla bu ürünlerin tarımına yöneltmektedir. Türkiye’de 2017 yılında 76.688.785 da buğday alanından 21.500.000 ton ürün alınmıştır (TÜİK 2018). Nüfus artışına karşın son on yılda buğday üretim miktarında önemli bir değişiklik olmamıştır. Ülkemizde ekim alanı oldukça yüksek olan tahılları biyotik ve abiyotik streslere karşı dayanıklı hale getirebilmek ve verimini artırabilmek, birim alandan en iyi şekilde yararlanma ile gerçekleştirilebilecektir. Abiyotik stress faktörleri bitkisel üretimi kısıtlayan en önemli unsurlardır. Soğuğun süresi ve şiddetine göre bitkilerde fizyolojik ve morfolojik zararlanmalar meydana gelmektedir. Ülkemizin çeşitli bölgelerinde soğuk nedeniyle buğday üretiminde düşüşler yaşanmaktadır ve bazı zamanlarda hasat bile yapılamamaktadır. Bu durum tarım sektöründe önemli verim kayıplarına neden olmakta ve bunun için stress faktörlerine dayanıklı bitki türleri ve çeşitleri geliştirilmelidir (Çakmakçı ve Açıköz 1992; Svec and Hodges 1972).

Çeşit geliştirme çalışmaları emek, sabır, işgücü, bilgi gerektiren uzun soluklu çalışmalardır. Klasik ıslah çalışmaları tamamen doğal şartlarda yürütüldüğünden stres koşullarının doğal olarak meydana gelmesi gerekir. Stres faktörlerine dayanıklılık seleksiyonu ancak bu şartlar ortaya çıkarsa yapılabilmektedir. Elenmesi gereken materyal stres faktörü ortaya çıkıncaya kadar ıslah kademelerinde yer almaktadır. Bu da zaman, iş gücü, emek kaybına neden olmaktadır.

Klasik ıslah çalışmaları uzun soluklu çalışmalar olduğu için bu süreyi kısaltacak ve hedefe daha hızlı ulaşmayı sağlayacak yeni yöntemler ortaya konulmaktadır. Özellikle ülkemizde, biyoteknolojik çalışmalar son yıllarda ıslah çalışmalarına entegre edilmeye başlanmıştır. Moleküler işaretçi destekli seleksiyon (MAS) klasik bitki ıslahı çalışmalarında karşılaşılan zorlukları çözümüne yönelik alternatif yardımcı ve tamamlayıcı bir yöntemdir. Moleküler işaretçi destekli seleksiyon tarımsal anlamda önem arz eden ve birden fazla gen veya lokus tarafından idare edilen özelliklerin hızlı ve güvenilir bir şekilde aktarılmasına imkân vermektedir. Bu yöntem klasik ıslah çalışmalarını tamamlayıcı, oldukça etkin, hızlı, güvenilir ve ekonomik bir seçim yöntemidir (Gupta and Varshney 2000; Ateş vd 2010).

Moleküler işaretçiler; genetik haritaların oluşturulmasında (Rafalski *et al.* 1996), kantitatif karakterlerin (QTL) analizlerinde, kültür bitkilerinin karakterizasyonunda, yeni geliştirilen çeşitlerin koruma altına alınmasında, genetik biyoçeşitliliğin belirlenmesinde (Khaidizar vd. 2012), tohumculukta safiyet analizlerinde, gen kaynaklarının irdelenmesinde, gen kaynağın yapısının belirlenmesinde, genomu katlanmış genotiplerin ayrılmasında ve ıslah programlarında ebeveyn olarak kullanılacak bireylerin belirlenmesinde kullanılırlar. Bununla beraber, moleküler işaretçiler, farklı stres faktörleri ile ilişkili gen ve/ya QTL bölgelerinin tespit edildiği ve genom yapısı hakkında bilgi edinildiği çalışmalarda yoğunlukla kullanılmaktadır (Gupta and Rustgi 2004).

Ekmeklik buğday üç farklı genoma (A, B ve D) sahiptir. Bu özel yapısı nedeniyle genom büyüklüğü yaklaşık 15 milyar çiftlik bazdan oluşmakta ve bu nedenle en

karmaşık genomlardan birini teşkil etmektedir. Bu durum buğday bitkisinin ıslahını ve genom analizlerini güçleştirmektedir. Bu bağlamda moleküler DNA işaretçileri buğday ıslahının hızlandırılması, etkinliğinin artırılması ve genom analizlerinin kolaylaştırılması açısından vazgeçilmez avantajlar sağlamaktadır (Eagles *et al.* 2001). Buğday ıslah programlarında kullanılan önemli moleküler DNA işaretçiler arasında DNA hibridizasyonuna dayalı olan RFLP (Bolstein *et al.* 1980) ve PCR tabanlı olanlar RAPD (Welsh and McClelland 1991), SSR (Hamada *et al.* 1982), AFLP (Vos *et al.* 1995), STS dizisi etiketlenmesi (Talbert *et al.* 1994) ve tek nükeotid polimorfizmi (SNP) (Ravel *et al.* 2007) olarak sıralanabilir. Buğdayda SSR işaretçileri yaygın olarak kullanılmaktadır (Hayes *et al.* 2002).

Mikrosatellit işaretçileri olarak ta bilinen SSR (basit dizi tekrarları) işaretçileri genom içerisinde tekrar eden en küçük DNA dizileridir ve 1–6 bp değişen büyüklüklere sahiptirler. Eğer bu tekrarlı dizileri çevreleyen bölgelerin DNA dizilişleri biliniyorsa bu bölgelere uygun primerler dizayn edilerek (20–25 bp arasında) PCR yardımı ile çoğaltımı gerçekleştirilebilmektedir. Canlılarda, DNA replikasyonu esnasında oluşan dizi atlama, kayma, yanlış baz eşleşmeleri ve dengesiz krosingover olayları mikrosatellit sayılarının farklılığına sebep olurlar ve jel elektroforeziyle belirlenebilirler (Matsuoka *et al.* 2002). Mikrosatellit işaretçi sistemi, az DNA gerektirmesi, eş baskın özellik taşıması ve kararlı işaretçi sistem olması, genomda dağınık ve fazla miktarda bulunması, tekrarlanabilir ve otomasyona uygun olması, yüksek polimorfizm oluşturmaları ve bilgilendirici bir işaretçi sistemi olmasından dolayı gen haritalama, ilgili QTL bölgelerinin tespiti, popülasyon genetiği, biyoçeşitlilik ve işaretçi destekli seleksiyon çalışmalarında yoğun olarak kullanılabilir (Powell *et al.* 1996; Gupta and Varshney. 2000; Medini *et al.* 2005).

Çalışmamız, buğdayda soğuğa dayanıklılık ile ilgili gen ve/ya lokusları barındıran genomik bölgelerin belirlenmesi ve soğuğa dayanıklılığın genetik temellerinin anlaşılması ve soğuğa dayanıklılık ıslahında moleküler işaretçi olarak kullanılabilecek SSR markörlerinin belirlenmesi amaçlanmaktadır.

2. KAYNAK ÖZETLERİ

Soğuğa toleransın ölçülmesinde kontrollü koşullarda soğuğa alıştırılmış bitkilerde soğuk testleri rutin olarak yapılmaktadır. Soğuğa dayanıklı bitkilerde soğuğa alışma (aklimasyon) dayanıklılığın önemli bir faktörüdür. Soğuğa alıştırma ile soğuğa duyarlı olan genotipler soğuğa tolerans kazanabilirler (Guy 1990). Buğday ve çavdar bitkileri kullanılarak yapılan bir çalışmada (Fowler *et al.* 1996), soğuğa alıştırma sıcaklığının 3°C olduğu saptanmıştır. Kışlık tahıllar üzerinde aynı konuda yapılan diğer bir çalışmada ise değişik soğuğa alıştırma dereceleri uygulanmış ve bu bitkiler için optimum soğuğa alıştırma sıcaklığının 3°C olduğu belirlenmiştir (Fowler *et al.* 1999).

Farklı kışlık buğday çeşitleri üzerinde yapılan bir çalışmada (Fowler *et al.* 1981) bitki boyu, başaklanmaya kadar geçen gün sayısı, besin elementleri içeriği, sakkaroz, glikoz, rafinoz ve toplam şeker içerikleri gibi 34 adet biyokimyasal, fizyolojik ve morfolojik özellik incelenmiş ve bu özelliklerin soğuğa dayanıklılık ile ilişkilerinin olup olmadığı araştırılmıştır. İncelenen özelliklerin çoğunun, soğuğa dayanıklılık ile yakın ve doğrusal bir ilişki içerisinde olduğu saptanmıştır. Araştırmacılar, laboratuvar çalışmalarının tarladaki canlılık denemelerine destek olarak kullanılabileceğini ileri sürmüşlerdir. Araştırmadan elde edilen sonuçlara göre en yüksek korelasyon taç dondurma testi ile tarla canlılık indeksi arasında olmuştur. Araştırmada, bitki taçlarının kalsiyum, sodyum, bakır, çinko, sukroz ve rafinoz içeriği dışında diğer özelliklerde genotipler arasında önemli farklılıklar bulunmuştur. Dondurma testi sonuçları tarla canlılık testleriyle karşılaştırıldığında, kısa sürede sonuç alınması ve stres düzeyinin kontrol edilebilmesi nedeniyle dondurma testlerinin daha avantajlı olduğu sonucuna varılmıştır. Araştırmacılar, tarla canlılık indeksi ile bitki boyu, N, P ve K arasında olumsuz, toplam şeker içeriği arasında ise olumlu ilişki bulunduğunu saptamışlardır. Yine, bitki su içeriğinin genotiplerin dayanıklılık farklılığını ortaya koymada önemli bir ölçüt olabileceğini bildirmişlerdir.

Soğuğa alıştırılmış bitkilerin taçlarına uygulanan dondurma testi tarla testlerine göre daha fazla kabul görmüştür. Çünkü tarla koşullarında denemeler yıllara göre değişen

iklim faktörlerinden etkilenmektedir. Yapay olarak soğuğa alıştırılmış buğday genotiplerinde tarladaki canlılık ile taçların soğuğa toleransları arasındaki ilişkiler araştırılmıştır. Tarladaki canlılık indeksi (FSI) ile LT₅₀ arasındaki korelasyonun genotiplere göre -0,66 ile 0,96 arasında değiştiği ve bu ilişkinin bitkilerin yetiştiği toprak ortamından etkilenmediği tespit edilmiştir. Araştırmada taç dondurma testinin tarla canlılık indeksine göre genotiplerin soğuğa dayanıklılık farklarını belirlemede daha kısa sürede ve kesin sonuçlar verdiği ortaya konulmuştur (Bridger *et al.* 1996).

Farklı kışlık buğday (*Triticum aestivum* L.) çeşitleri üzerinde Gusta *et al.* (1983) tarafından yapılan bir çalışmada, bitkilerin taç kısımları -3 ile -20 °C arasında değişen sıcaklıklara maruz bırakılmıştır. Toplam taç azotu ile tarladaki canlılık arasında önemli bir ilişki olduğu, ancak prolin ile soğuğa tolerans arasında bir ilişki bulunmadığı tespit edilmiştir. Buna karşın, Scheffler ve Lorenz (1968) tarafından kışlık buğday bitkileri üzerinde yapılan başka bir çalışmada, 2 °C'de yetiştirilen bitkilerde 24 °C'de yetiştirilenlere göre, yapraklardaki prolin miktarlarında önemli bir artış olduğu belirlenmiştir.

Bitkiler düşük sıcaklıklara maruz bırakıldıklarında bazı morfolojik, biyokimyasal ve fizyolojik karakterlerinde değişiklikler oluşmaktadır. Çevre sıcaklığı suyun donma noktasının altına düştüğünde, birçok bitkide don zararı ortaya çıkmaktadır. Bu zararın ortaya çıkış derecesi soğuğun şiddetine, bitkinin soğukta kalma süresine, bitkinin gelişme dönemine, bitki bünyesindeki çözünabilir şeker ve prolin içeriğine, büyümeyi düzenleyicilerin dengesine, (Wang 1982; Duncan and Widholm 1987) ve son yıllardaki bulgulara göre antifriz özelliğindeki apoplastik polipeptitleri sentezleyebilme yeteneğine göre değişebilmektedir (Urrutia *et al.* 1992; Griffith *et al.* 1992 Hon *et al.* 1994). Bu karakterlerdeki farklılıklar genellikle bitkinin soğuğa dayanıklılığı ile ilişkili olup, bunlar soğuğa dayanıklılık amacıyla yapılan seleksiyon çalışmalarında kullanılmaktadır. Örneğin, bazı tarla bitkilerinde yapılan çalışmalarda soğuğa dayanıklılık ile kimyasal kompozisyon (N, P, K, şeker oranları gibi) arasında önemli ilişkiler olduğu belirlenmiştir (Çakmakçı ve Açıkgöz 1992).

Farklı bitki türlerinde (çavdar, buğday, arpa ve yulaf) soğuğa dayanıklılık çalışması yapan Livingson (1996) bitkileri soğuğa alıştırdıktan sonra dondurma testine tabi tutmuştur. Bu amaçla, arpa ve yulafın soğuğa az dayanıklı olan genotiplerine -4, -7, -9 ve -12 °C, daha dayanıklı olan genotiplerine ise -14, -16 ve -18 °C'lik soğuk uygulanmıştır. Bitkiler her test sıcaklığında 2 saat süreyle tutulmuştur. Araştırmacı, soğuğa alıştırılmış bitkilerde şeker konsantrasyonu ve dona tolerans arasında ilişki bulunduğunu belirlenmiştir.

Soğuğa dayanıklılık çalışmalarında şekerlerin rolünün belirlenmesi ile ilgili çalışmalar bulunmaktadır. Buğdayda genotipler arasında soğuğa dayanıklılık farklarını ortaya koymak ve soğuğa dayanıklılıkta şekerlerin etkisini belirlemek için donmaya duyarlı Chinese spring, toleranslı Cheyenne ve iki ebeveynin melezlenmesinden elde edilen substitüsyon hatlarında yapılan bir araştırmada bitkilerin toplam çözünebilir şeker, glikoz, fruktoz, sukroz ve miktarı içerikleri ölçülmüştür (Vagujfalvi *et al.* 1999). Araştırmada bitkiler, önce 2 °C / 4 °C (gece/gündüz) sıcaklıklarında bir hafta yetiştirilerek soğuğa alıştırılmış, daha sonra sıcaklık saatte 2 °C azaltılarak -10 °C'ye kadar düşürülmek suretiyle soğuk uygulanmıştır. Bu uygulamalar sonucunda bitkilerin toplam çözünebilir şeker, glikoz, fruktoz, sukroz ve fruktan içeriklerinde değişimler olduğu belirlenmiştir. Araştırma sonuçlarına göre, toplam çözünebilir karbonhidrat ve fruktaz içeriği tüm genotiplerde soğuk uygulaması süresince devamlı olarak artış göstermiştir. Bu durumun, soğuğa toleranslı genotiplerde duyarlılara göre daha yüksek oranda olduğu belirlenmiştir. Soğuğa alışma süresince fruktoz birikimi sukroza daha fazla olmuştur. Araştırmacılar, buğdayda soğuğa dayanıklılık mekanizmasında çok sayıda özelliğin etkili olduğunu, soğuk uygulamalarından sonra şeker içeriklerinin ölçülerek çeşitlerin soğuğa dayanıklılık farklarının ortaya konulabileceğini bildirmişlerdir.

Tahıllar soğuğa alıştıktan sonra donmaya karşı daha dayanıklı duruma gelirler. Bu durum, soğuğa alıştırma süreci ile diğer fizyolojik olaylar arasında potansiyel bir ilişkinin varlığını göstermektedir. Soğuğa alışma süresince bitkilerde fizyolojik ve moleküler düzeyde değişiklikler oluşmaktadır. Örneğin, Dillon *et al.* (2010) soğuğa alıştırma ile vernalizasyon arasında karşılıklı bir ilişki olduğunu belirtmiş, her iki

fizyolojik olayın gerçekleşmesinde don olmaksızın düşük sıcaklığa ihtiyaç duyulduğunu bildirmiştir. Fowler *et al.* (1996) yaptığı bir araştırmada kışlık buğday bitkisinin don olmaksızın düşük sıcaklığa devamlı maruz bırakıldığında soğuğa toleransın arttığını kayıt etmişlerdir. Donma toleransını kontrol eden faktör vejetatif ve generatif yetiştirme dönemleri arasındaki gelişme değişimi ile ilgilidir (Limin and Fowler, 2006). Buğday bitkisinde büyüme tipi, kışlık veya yazlık olması, vernalizasyon (VRN) genleri tarafından belirlenir. Bu genler 5. kromozom üzerinde yer alırlar ve homolog *Vrn-A1*, *Vrn-A2* ve *Vrn-A3* genlerini içerir (Snape *et al.* 2001). Her bir lokusta resesif allellerin bulunması kışlık büyüme tipine sahip buğdayların ve donmaya karşı toleransın oluşmasına sebep olurlar (Limin and Fowler, 2006). *Vrn* allelleri ile sıkıca bağlı olan dona tolerans (*Fr*) genleride dayanıklılıkta etkili olmaktadır. *Fr* lokusları olarakta bilinen *Fr-A11*, *Fr-B1* ve *Fr-D1* (Galiba *et al.* 1995; Sutka *et al.* 1999; Toth *et al.* 2003) lokuslarıda grup 5 kromozomları üzerinde yer almaktadır. Vernalizasyon lokusu *Vrn-A1*'e yaklaşık 30-40 santimorgan (cM) uzaklıkta yer alan diğer bir lokus, *Fr-A2*, buğday bitkisinde (Vagujfalvi *et al.* 2003; Baga *et al.* 2007) ve *T. monococcum* bitkisinin 5. kromozomunda (Vagujfalvi *et al.* 2000) tanımlanmıştır. Genetik haritalama çalışmaları VRN ve *Fr* genlerinin birbirinden bağımsız lokuslar olduğunu göstermiştir (Börner *et al.* 2002; Baga *et al.* 2007) ve donma toleransında gözlenen varyasyonların temel kaynağı bu lokuslar olduğu bildirilmiştir (Galiba *et al.* 1995; Snape *et al.* 1997; Vagujfalvi *et al.* 2000; Toth *et al.* 2003). Yakın tarihli çalışmalar *Vrn-A1* lokusundaki allelik varyasyonlar donma toleransındaki farklılıkların oluşmasına önemli derecede etkili olduğunu bildirmektedir. Donmaya tolerans için *Fr-A1* ile ilişkili bu QTL bölgesi *Fr-A1* genine tamamen bağlı olmasından ziyade *Vrn-A1*'in pleiotropik etkisinden kaynaklanmaktadır (Dhillon *et al.* 2010).

Murelli *et al.* (1995) kışlık Onice ve yazlık Gitane arpa çeşitlerinde yaptıkları bir araştırmada, soğuğa alışma sırasında serbest prolin, absisik asit (ABA), suda çözünebilen karbonhidratlar ve serbest yağ asitlerindeki değişimleri incelemişlerdir. Düşük sıcaklık uygulanan her iki arpa çeşidinde de prolin miktarındaki artış birbirine yakın olmuştur. Suda çözünebilen karbonhidrat miktarı soğuğa alışmanın üçüncü gününden sonra en yüksek düzeye ulaşmıştır. Ancak, soğuğa alıştırmanın 14-21.

günlerinden sonra dayanıklı çeşitlerin karbonhidrat içeriği, dayanıksız bitkilerde bulunan miktara eşit olmuştur.

Galiba *et al.* (1997) buğdayda soğuğa dayanıklılıkta karbonhidratların etkisini ve bu etkiyi sağlayan genleri incelemişlerdir. Araştırmacılar, soğuğa alıştırma sırasında şeker yoğunluğunun arttığı ve buna bağlı olarak soğuğa dayanıklılığın arttığını tespit etmişlerdir.

Günümüzde soğuğa dayanıklılık konusunda yapılan araştırmaların çoğu stres polipeptitlerinin izolasyonu, karakterizasyonu, bu proteinlerin şifrelendiği genlerin klonlanması ve başka bir bitkide ekspresyonunun yapılması yönünde yoğunlaşmıştır (Georges *et al.* 1990; Cattivefli and Bartels 1990; Madison *et al.* 1991; Hightower *et al.* 1991; Hernandez and Vierting 1993; Hon *et al.* 1994). Bitkilerde dayanıklılık mekanizmalarının belirlenmesi ve dayanıklı bitkilerle dayanıksızların ayrımı çalışmalarında DNA analizlerinin kısa süreli ve kesin sonuçlar veren bir yöntem olduğu bildirilmiştir (Muramoto *et al.* 1999). Biyoteknolojik enzimleri ile çalışmalarda, etkili kullanım alanlarının başında, daha küçük parçalara bölünen DNA'ların restriksiyon elektroforetik hareketliliğinden yararlanarak genetik tanımlamaların yapılabildiği RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) yöntemi gelmektedir. Böylece doğrudan genetik yapının ortaya konulması söz konusudur. DNA parmak izi analizlerinden birisi olan RFLP yöntemi ile arpa bitkisinde soğuğa dayanıklılık konusunda çalışmalar yapılmıştır (Riede and Anderson 1996; Sanghai Maroof *et al.* 1996; Limin *et al.* 1997; Galiba *et al.* 1997). Benzer şekilde, spesifik primerler kullanılarak PCR yöntemi ile DNA analizlerinin yapılması, bitki genotiplerinin soğuğa dayanıklılık farklılıklarını ortaya koymada etkin bir yol olarak kabul edilmektedir (Domon *et al.* 2002; Tanna *et al.* 2002).

Eric *et al.* (1988), buğday bitkilerini sera koşullarında (24 °C) 20 gün süreyle yetiştirmişler, daha sonra 10 gün süreyle 16 saat 10°C / 8 saat 5 °C olacak şekilde büyüme odasında tutmuşlar ve bu sürenin sonunda bitki taçlarını süngere transfer edip, ortam sıcaklığını kademeli bir şekilde (saatte 1 °C) azaltarak -6, -7, -8, -9, -10, -11,

-12, -13 ve -15 °C'de dondurma testi yapmışlardır. Uygulama sonunda bitkiler önce 4 °C'ye taşınmış, daha sonrada 24 °C'deki sera koşullarında 3 hafta tutularak yaşayan bitki oranı belirlenmiş ve DNA analizleri yapılmıştır. Araştırmacılar, *Vrn1* (vernalization) ve *Frl* (frost tolerance) genlerinin soğuğa dayanıklılıkla ilişkili olduğunu belirlemişlerdir. Yine, bu konuda yapılan benzer bir çalışmada (Pan *et al.* 1994) arpada *Vrn1* ve *Frl* genlerinin 7 numaralı kromozom üzerinde bulunduğu tespit edilmiştir.

Birçok türde bitkiler düşük sıcaklıkta tutularak soğuğa alıştırmakta böylece, daha sonraki donma stresine dayanmaları artmaktadır. Gerek monokotiledon ve gerekse dikotiledon türlerde, soğuğa dayanıklılıkta etkili genlerin sabit durumdaki mRNA seviyelerinin soğuğa alıştırma ile birlikte arttığı ortaya konmuştur. Her ne kadar bazı türlerde yapılan genetik çalışmalar bazı genlerin soğuğa alışmada çok önemli bir etkiye sahip olduğunu ortaya koymuşsa da, genel olarak soğuk toleransının kalıtımı multigeniktir. Bu genler tarafından sentezlenen proteinlerin fonksiyonu tam olarak bilinmemektedir. Bunun yanı sıra, enzim ve protein analizleri ile rekombinant protein analizleri gibi detaylı ekspresyon çalışmaları ile bazı genler hakkında bilgi edinilmektedir (Hughes and Dunn 1996).

Bitkileri soğuğa alıştırma sürecinde, donmaya karşı bitkilerin canlı kalmasına yardımcı olan bir dizi proteinlerin üretimi ile ilgili transkriptom seviyesinde büyük ölçekli değişimlere sebep olmaktadır (Kocsy *et al.* 2010; Winfield *et al.* 2010). Mutasyon ve biyoteknoloji kaynaklı transgenik bitkiler ve tüm genomu tanımlayan transkriptom analizleri ile yapılan çalışmalar, soğuğa alıştırma sürecinde görev yapan karmaşık transkripsiyonel sistemler hakkında bilgi sağlamaktadır (Jan *et al.* 2009). Arabidopsis bitkisi üzerinde yapılan bir transkriptom profillemesi çalışmasında, soğuk uygulamasına tepki olarak yaklaşık 8000 adet genin farklı düzenleyici yollarda görev aldığı tespit edilmiştir. Bu çalışmada direk olarak 300 adet genin 7 günlük soğuk uygulaması sonrasında etkilendiği gözlenmiştir. Bunlardan 218 adedinde gen ifadesinde artış, 88 adedinde ise transkript ifadesinde azalma gözlenmiştir (Fowler and Thomashow 2002). Mikroarray sistemlerinin kullanılması ile abiyotik stres altında bitkilerde çok sayıda genin aktif hale geçtiği rapor edilmektedir (Seki vd 2001; Kreps *et al.* 2002; Bray 2004;

Maruyama *et al.* 2004; Vogel *et al.* 2005; Jan *et al.* 2009). Düşük sıcaklıktan etkilenen genler iki kısım altında toplanabilir (Seki *et al.* 2002): İlk grup soğuk strese yanıt olarak işlev gören proteinleri (LEA proteinleri) (Cushman and Bohnert 2000); ikinci grup, bitkilerin soğuğa toleransının artmasında etkili olan genlerin aktif hale gelmesinde rol oynayan sinyalizasyon işlemidir.

Soğuğa alıştırma çok sayıda genin ifadesinin artması veya azalması sonucunda tezahür etmektedir (Hannah *et al.* 2005). Fowler ve Thomashow (2002), soğuğa alıştırma farklı gen ifade yollarını aktif hale getirdiğini bildirmektedir. Ayrıca soğuk ile aktif hale gelen genler soğuk ile ilgili birden fazla gen ailesi içerisinde de yer alabilirler. Ancak, bitkilerin abiyotik strese verdikleri yanıt sinyal iletimi olarak bilinen bir düzenek içerisinde yer almaktadır (Heidarvand and Amiri 2010). Bu nedenle, bitkilerin düşük sıcaklığa cevabı öncelikle özel bir işlem olan hücre tanıma (algılama) daha sonra soğuk stresine cevap veren genlerin aktif hale geçmesi ile devam etmektedir (Denesik 2007).

Pearce *et al.* (1996) tarafından arpa bitkisinde soğukla uyarılabilen genlerin ekspresyonu üzerine çevresel faktörlerin etkisini mRNA düzeyinde araştırmak ve gen ifadesinin soğuğa alışmayla ilişkisini test etmek amacıyla bir araştırma yapılmıştır. Denemede arpa bitkileri değişik sıcaklık derecelerinde soğuğa alıştırılmıştır. Araştırmada Bit 4.9, Bit 14 ve Bit 101 genleri için mRNA seviyeleri bitkilerin taç dokularında ölçülmüş ve her 3 genin mRNA miktarının düşük sıcaklıklarda arttığı belirlenmiştir. Ayrıca, bitkilerin soğuk uygulaması öncesinde tutuldukları sıcaklık derecesinin ve bitki yaşının bu genlerin mRNA seviyelerinin değişimini etkilediği bildirilmiştir. Araştırmacılar, bu genlerin mRNA miktarlarında düşük sıcaklıklarda ortaya çıkan artışın, genlerin soğuğa dayanıklılıkta rol aldıklarının bir göstergesi olduğunu ifade etmişlerdir. Arpada soğuğa alışma ve dayanıklılığın genetik temellerini araştıran Stanca *et al.* (1996) soğukla uyarılan Cor 14, pT 59, pAF 93 ve cdr 29 genlerinde cDNA klonlarını oluşturup, *E coli* bakterisinde benzer antibadiler üretmişlerdir. Bitkilere soğuk uygulaması yapılmış ve bu antibadiler kullanılarak Cor 14, pT 59 ve pAF 93 genlerine ait proteinler in vivo koşullarda elde edilmiştir. Bu yolla, belirtilen genlerin protein sentezinin soğuk uygulaması ile uyarıldığını belirlenmiştir. Araştırmacılar ayrıca, bu

genlerin baz dizilimini de belirlemişlerdir. Bu genler dikkate alınarak yapılan çalışma sonucunda arpada Onice çeşidinin soğuğa Gitane çeşidinden daha dayanıklı olduğu saptanmış böylece tarla aşamasına gerek kalmadan laboratuarda soğuğa dayanıklılığın belirlenmesinin önemli bir avantaj sağladığı bildirilmiştir. Araştırmacılar, arpa bitkisinde soğuğa alışma ve dayanıklılıkta bu genlerin etkili olduğunu belirlemişlerdir.

Farklı arpa genotiplerinde *Cor14* geni ve bu genin sentezlediği *Cor14* proteini araştırılmıştır (Crosatti *et al.* 1996). *Cor14* düşük sıcaklıkta arpa kloroplastlarında polipeptidlerin biriktirilmesiyle oluşan 14 kDa büyüklüğünde, soğukla regüle olan bir proteindir. Araştırmada, farklı derecede soğuğa dayanıklı 61 genotipin 38'inde bu bandın bulunduğu gözlenmiş ve bant oluşmayan genotiplerde özellikle *Cor14b*'nin olmadığı ileri sürülmüştür. Arpa bitkisinde *Cor14* proteinin birikimi incelendiğinde, *Cor14* geninin bu proteini sentezlemeye başlaması için gerekli uyarılma sıcaklığının soğuğa dayanıklılığı kontrol eden bir lokus ile ilgili olduğu kaydedilmiştir. Araştırma sonunda, *Cor14a*'nın başlangıç indüksiyon sıcaklığının soğuğa dayanıklı arpa genotiplerinin tanımlanmasında potansiyel bir biokimyasal işaretçi olabileceği bildirilmiştir.

Arpa bitkisinde soğuğa dayanıklılığın moleküler temellerinin belirlenmesi amacıyla yapılan bir araştırmada, soğuğa dayanıklılıkta görev yapan Cor proteinini sentezleyen *Cor 14b* geninin ekspresyonu incelenmiştir. Araştırma sonuçları, arpanın *Cor 14b* geninin soğuğa dayanıklılıkla kesin ilişkisi olduğunu ve soğuk uygulaması ile birlikte genin mRNA sentezinin arttığını göstermiştir (Crosatti *et al.* 1999).

Phillips *et al.* (1997) tarafından arpada yapılan bir araştırmada, Bit 14 geni düşük sıcaklıkla uyarılmış ve soğuğa dayanıklılıktaki etkisi incelenmiştir. Araştırmada, Bit 14 gen ailesinin diğer üyeleri olan Bit 14.1, Bit 14.2 genleri de izole edilmiş ve bu genlerin DNA baz dizimleri belirlenmiştir. Bit 14 gen ailesindeki genlerin farkını belirleyebilmek için gene özel proplar kullanılmıştır. Bulgular, tüm genlerin düşük sıcaklıkla uyarıldığını, ancak her bir genin arpada farklı bir organda daha etkin olduğunu göstermiştir. Araştırmacılar, genlerin organlara yönelik farklı sentez

mekanizmalarının Bit 14 gen ailesinin soğuga dayanıklılıktaki etkisinde önemli olduğunu kaydetmişlerdir.

Bitkilerde soğuga alışmanın birçok gen veya gen birliğinin ekspresyonunu sağladığını bildiren Grossi *et al.* (1998) arpadaki Bit 14 gen ailesinin ekspresyonunu incelemişlerdir. Bit 14 gen ailesi içerisinde yer alan her gen için özel bir primer kullanılarak yapılan çalışmada, soğuk uygulaması ile genlerin ekspresyonlarında değişim olduğu belirlenmiştir. Araştırma bulgularına göre, her bir DNA klonunun sentezlediği protein miktarının yazlık ve kışlık genotipler arasında farklılık gösterdiği gözlenmiştir. Bu da, Bit 14 gen ailesinin mRNA birikimine farklı regülatör mekanizmaların etkili olduğunu göstermiştir. Araştırmada, Bit 14 ekspresyonu ve dona dayanıklılık arasında net ilişki bulunamamış, ancak yazlık ve kışlık genotipler arasında gözlenen bant farklılıklarının, değişik genotiplerin soğuga dayanıklılık bakımından ayrımında Bit 14 geninin kullanılabileceği ileri sürülmüştür.

Arpa bitkisinin yapraklarında ve taç kısmında soğukla uyarılmış 3 genin (*Bit 101*, *Bit 14* ve *Bit 4.9*) mRNA'ları, soğuga dayanıklılıkları ve doku hasarı incelenmiştir (Pearce *et al.* 1998). Araştırmada, *Bit 14* geni taç korteksinin iç tabakalarında, lipid transfer proteinini kodlayan *Bit 4.9* geni ise yaprağın epidermisi ve tacın eski bölümlerinin epidermisinde belirlenmiştir. Soğuga alışmanın moleküler boyutunun dokular arasında belirgin farklılık gösterdiğini bildiren araştırmacılar, taç kısmındaki hasarın bitkinin canlılığı ile sıkı bir ilişki gösterdiğini belirlemişler ve bu bölgede *Bit 4.9*, *Bit 101* ve *Bit 14* gen ürünlerinin yüksek ölçüde görülmesinin, bu genlerin tacın dona toleransında doğrudan etkili olduğunu kaydetmişlerdir.

Arpa bitkisinde soğuga dayanıklılığın belirlenmesinde *Bit 4.9* geninin kullanılabilirliği Dunn *et al.* (1998) tarafından araştırılmıştır. Denemede, bu gene özel sentetik oligonükleotidler kullanılarak soğuga dayanıklı arpa DNA'larında bu gen belirlenmiştir. Araştırmacılar, *Bit 4.9* geninin soğuga dayanıklılıkta çok önemli bir rolü olduğunu ve laboratuvar koşullarında soğuga dayanıklılığın belirlenmesinde kullanılabileceğini bildirmişlerdir.

Doğal koşullarda soğuğa alışma ve dayanıklılığın moleküler temellerini belirlemek üzere tarla koşullarında yetiştirilen, yazlık ve kışlık arpa genotiplerinde Giorni *et al.* (1999) tarafından yürütülen bir araştırmada Cor geninin (*pT 59*, *pA 086* ve *pag 93*) ve proteinlerinin (*Cor 14a* ve *Cor 14b*) akümüasyonu incelenmiştir. Denemede, tüm kışlık çeşitler soğukla birlikte sentezlenen proteinler olan *Cor 14a* ve *Cor 14b* proteinlerini yüksek oranda biriktirmişlerdir. Öte yandan bu durum, yazlık çeşitlerde düşük seviyelerde görülmüştür. Araştırmacılar, *Cor 14*'ün arpanın kışa dayanıklılık kapasitesinin bir parçası olduğunu bildirmişlerdir.

Soğuğa dayanıklılıkta etkili *Cor TMC-AP3* geninin, hem yazlık hem de kışlık arpa ve buğday genotiplerindeki ekspresyonunu belirlemek amacıyla yapılan bir çalışmada, Cor proteinlerinin birikiminin, soğuğa dayanıklılıkta etkili olduğu ve değişik miktardaki Cor proteinlerinin miktarına bağlı olarak değişik derecelerde soğuğa toleransın ortaya çıktığı belirlenmiştir (Mastrangelo *et al.* 2000). Araştırmacılar, soğuğa dayanıklı çeşitlerin dayanıksızlardan ayrılmasında, DNA analizlerinin yapılmasını kısa sürede kesin sonuç vermesi bakımından önermişlerdir.

Soğuğa dayanıklılık kantitatif bir karakter olup çok sayıda gen tarafından idare edilmektedir. Günümüzde bu genlerin belirlenmesi, DNA dizilimini açıklanması ve soğuğa dayanıklılıktaki fonksiyonlarının tam olarak ortaya konulabilmesi için yoğun çalışmalar yapılmaktadır. Vagujfalvi *et al.* (2000) tarafından buğdayda yapılan bir çalışmada soğuğa dayanıklılıkta etkili olduğu belirlenen *Cor14b* geninin kromozom üzerindeki yerleşimi araştırılmıştır. Ayrıca, soğuk uygulaması yapılarak, soğuğa dayanıklı ve dayanıksız bitki genotiplerinde bu genin ekspresyonu incelenmiştir. Araştırmada, soğuğa dayanıklılık durumları daha önceden belirlenmiş olan 4 dayanıklı ve 3 dayanıksız arpa genotipi, 2 substitution (kromozom yedeklenmiş) hattı ve 9 adet tek kromozom rekombinasyonlu genotip kullanılmıştır. Bu genotiplerin F₂ generasyonuna ait bitkilerde *Cor14b* geninin genetik haritası çalışılmıştır. Bu bitkilere aynı zamanda soğuk uygulaması da yapılmıştır. Araştırmada elde edilen elektroforetik bant desenlerine göre, dayanıklı çeşitler kendi aralarında ve dayanıksız çeşitler de kendi aralarında benzerlikler göstermişlerdir. Araştırmacılar, dayanıklı ve dayanıksız çeşitlerin

bu bant desenlerine göre birbirinden ayrılabilceğini belirlemişlerdir.

Karmaşık özelliklere bağı kantitatif karakter lokuslar (QTL – Quantitative trait loci) ve DNA işaretçileri, işaretçi yardımı ile seleksiyon programlarında dolaylı seçim için kullanılabilmektedirler (Collard *et al.* 2005). Dona dayanıklılık gibi karmaşık karakterlerin lokuslarının yeri ve sayısının bilinmesi bu tip tarımsal özellikler için seleksiyonun etkinliğini artırmaktadır. Bu tez çalışmamızın amacı; (1) kışlık buğday RK hatlardan oluşan populasyonunda donma toleransı ile ilgili QTL bölgelerini tanımlamak (2) Dona tolerant bitkilerin seçiminde kullanılabilecek ilgili QTL'ler ile ilişkili işaretçileri belirlemektir.

3. MATERİYAL ve YÖNTEM

3.1. Materyal

Bu çalışmada bitki materyali olarak İran Tebriz Üniversitesi Islah Merkezinden temin edilen 180 adet F_{12} kademesinde rekombinant kendilenmiş (RK) ekmeklik buğday (*Triticum aestivum* L.) hattı ile ebeveynleri olan Norstar ve Zagros çeşitleri kullanılmıştır. Norstar çeşidi, 1980'lerde Kanada Saskatchewan'da geliştirilen soğuğa dirençli ($LT_{50}=-22,25$ °C) bir çeşittir. Zagros çeşidi ise erkenci ve yazlık bir buğday çeşididir. Zagros, Kuru Bölgeler için Uluslararası Tarımsal Araştırma Merkezi (ICARDA) tarafından Opata çeşitinden seleksiyon ile geliştirilmiştir. Soğuğa oldukça ($LT_{50}=-3,5$ °C) hassastır. Haritalama popülasyonu, bu iki ebeveynin melezlenmesi sonucu elde edilen F_2 döllerinin tek tohum soyu metodu ile 12 kuşak boyunca kendilenmesinden elden edilen 180 adet hattın oluşmaktadır.

3.2. Yöntem

Tarla denemeleri Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi deneme istasyonunda 2013-2014 ve 2014-2015 yıllarında yürütülmüştür. Deneme iki tekrarlamalı tam şansa bağlı blok dizaynına göre kurulmuş ve değerlendirilmiştir (Şekil 3.1).

3.2.1. Ekim ve hasat işlemleri

Denemede buğday ekimi kışlık olarak 2013-2014 yetiştirme yılında 10.09.2013 tarihinde yapılmış ve hasat işlemi 11.08.2014 tarihinde gerçekleştirilmiştir. 2014-2015 yetiştirme yılında ise ekim 20.09.2014 tarihinde, hasat ise 08.08.2015 tarihinde yapılmış ve her genotipe ait sıralar ayrı ayrı hasat edilmiştir. Her iki yılda da aşağıda belirtilen tarımsal özellikler ve soğuğa dayanıklılık ile ilgili parametrelerde ölçümler yapılmıştır. Araştırmada tohumlar, 20 cm sıra aralığı ile 4-6 cm derinliğe 1 m uzunluğunda metreye 100 tohum hesabıyla her genotipten 2 sıra olacak şekilde elle ekilmiştir. Denemede

gübre kaynağı olarak amonyum nitrat (%26) ve diamonyum fosfat kullanılmıştır. Azotlu gübrenin ekimle birlikte, olmak üzere dekara 6 kg N ve 6 kg P₂O₅ hesabıyla verilmiştir (Kıral ve Özcan 1990; Akkaya 1993). Erzurum ilinde 2013-2015 yıllarına ait bazı iklim verileri Çizelge 3.1’de verilmiştir (Anonim 2018).

Çizelge 3.1. Erzurum İlinin 2013 - 2015 yıllarına ait bazı iklim verileri

YIL/AY	Minimum Sıcaklık Ortalaması (°C)			Maksimum Sıcaklıkların Ortalaması (°C)			Ortalama Sıcaklık (°C)		
	2013-2014	2014-2015	2015-2016	2013-2014	2014-2015	2015-2016	2013-2014	2014-2015	2015-2016
OCAK	-14,9	-15,1	-12,4	-3,8	-3,8	-2,7	-9,5	-10,1	-8,1
ŞUBAT	-13,0	-15,2	-13,1	-1,0	-2,3	-0,6	-7,4	-7,3	-7,3
MART	-6,3	-3,4	-7,1	4,9	8,2	4,5	-0,8	2,3	-1,6
NİSAN	0	0,7	-0,5	14,1	14,2	10,9	7,2	7,4	4,9
MAYIS	4,3	4,6	3,1	18,7	18,5	17,3	11,6	11,3	10,1
HAZİRAN	5,3	6,2	6,8	23,7	23,5	24,2	15,0	15,3	15,7
TEMMUZ	11	11,4	10,1	27,9	29,3	29,5	19,4	20,7	20,1
AĞUSTOS	9,8	11,7	10,9	28,2	30,5	29,7	19,5	21,5	20,7
EYLÜL	4,9	5,3	6,5	21,9	23,2	26,9	13,3	14,7	17,1
EKİM	2,1	2,5	3,1	14,2	14,9	15,2	8,2	8,4	8,8
KASIM	-5	-5,0	-5,1	5,1	6,9	9,3	0	0,2	1,4



Şekil 3.1. Deneme alanından bir görünüş

3.2.2. Denemede incelenen özellikler

- 1. Kıştan Sonra Canlı bitki sayısı (CBS):** Her bir genotipe ait 100 adet tohum 1 m uzunluğundaki sıralara ekilmiş ve kış sonrası çıkış gösteren bitkiler sayılmıştır.
- 2. Başaklanma süresi (BS):** Ekim tarihi ile her bir sıra bitkilerin başaklarının yarısına yakınının bayrak yaprağı kınından çıktığı zaman arasındaki süre başaklanma süresi olarak kabul edilmiştir.
- 3. Çiçeklenme Süresi (ÇİS):** Ekim tarihi ile her bir sıradaki bitkilerin başaklarının yarısına yakınının çiçeklenme dönemine geçiş yaptığı tarih arasındaki süre çiçeklenme süresi olarak belirlenmiştir.
- 4. Fizyolojik Olum Süresi (FOS):** Çıkış tarihi ile her sıradaki bitkilerin %50'sinin sarardığı tarih arasındaki gün sayısı fizyolojik olum süresi belirlenmiştir.
- 5. Yaprak Klorofil İçeriği (YKİ):** SPAD 502 Chlorophyll-Meter Cihazı kullanılarak başaklanma, çiçeklenme ve süt olum dönemlerinde olmak üzere bayrak yaprak üzerinde üç kez ölçüm yapılmıştır (Apogee, 2015).
- 6 Bitki boyu (BİB):** Bitkide olgunlaşma döneminde, her parselden şansa bağlı olarak seçilen 10 başaklı sap üzerinde toprak yüzeyinden itibaren kılçık hariç, başağın en üst başakcığına kadar olan uzunluk cm cinsinden ölçülerek belirlenmiştir.
- 7. Başak Uzunluğu (BAU):** Her sıradan alınan 10 adet başakta ölçüm yapılmıştır.
- 8. Başakta Tane Sayısı (BTS):** Her parselden hasat alanı içerisinde şansa bağlı olarak alınan 10 başak ayrı ayrı harman edilip taneleri sayılmış ve başak başına tane sayısı adet olarak tespit edilmiştir.
- 9. Başakçık Sayısı (BABS):** Her sıradan alınan 10'ar başak örneğinin başağındaki başakçık sayının sayılması ile belirlenmiştir.
- 10. Bin tane Ağırlığı (BA):** Her parselin tane ürününden 4 defa 100'er tane sayılarak 0.001 g duyarlı terazide tartılıp, elde edilen ortalama değer 10 ile çarpılarak 1000 tane ağırlığı hesaplanmıştır.

3.2.3. Soğuşa dayanıklılık çalışmaları

Denemede materyal olarak kullanılan genotipler soğuk testlerine tabi tutulmuşlardır. Soğuşa dayanıklılık derecesinin tespitinde Fowler *et al.* (1981) ve Mahfoozi *et al.* (2001) tarafından kullanılan yöntemler modifiye edilerek aşağıda belirtildiği gibi uygulanmıştır.

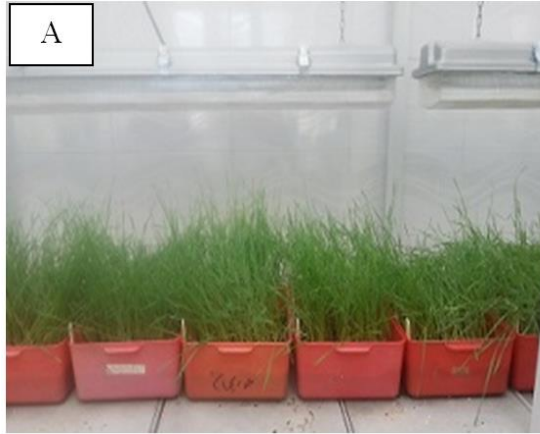
Soğuşa dayanıklılık derecesinin -3°C ile -25°C arasında ve -2°C azalan sıcaklıklarda, 12 test aralığında donma toleransı değerlendirilmiştir. Donma testi aşağıdaki sırada yapılmıştır.

- a.** Genotiplere ait tohumlar petri kutularına konularak ısıtılmış ve dormansi ihtimaline karşı +4°C'de ve karanlık ortamda 2 gün süreyle tutulmuştur.
- b.** Bu sürenin sonunda petri kutuları 20-22 °C'lik oda sıcaklığında 1 gün bekletilmiştir.
- c.** Ertesi gün henüz çimlenme başlangıcındaki tohumlar, içerisinde 1/3 kum, 1/3 tarla toprağı, 1/3 torf karışımı bulunan 60x25x15 cm boyutlarındaki saksılara, her genotipten 10 adet bitki olacak şekilde ekilmiştir. Çalışma 2 tekerrürlü olarak tesadüf parselleri deneme deseninde serada yürütülmüştür.
- d.** Tohumlar 20 °C'nin altında ve 10/14 saat (D-N) fotoperiyoda sahip kontrollü serada yetiştirilmiştir (Şekil 3.2.A).
- e.** Soğuşa alıştırılmak amacıyla fideler 3-4 yapraklı dönemde, 10/14 saat (D-N) fotoperiyoda sahip büyüme odasında 2 °C'de 35 gün tutulmuştur (Şekil 3.2.B).
- f.** Soğuşa alışmış bitkilerin taç bölgeleri fidelerden ayrılarak içerisinde nemli kum bulunan alüminyum kutulara şaşırtılmış ve 300 mmol m⁻² s⁻¹ (16000 lüks) ışık şiddetinde 16:8 fotoperiyotta tam kontrollü bitki büyüme kabini içerisinde 50 gün süre ile 2-4°C'de tutulmuştur (Şekil 3.2.C).
- g.** Bu süre sonunda bitkiler 6 saat süre ile 0 °C'de tutulmuştur. Bu işlemten sonra dondurucunun sıcaklığı -3 °C'ye düşürülmüş ve daha sonra saatte sıcaklık 2 derece düşürülmek suretiyle -25 °C'ye kadar devam edilmiştir. Bitkiler, 12 farklı sıcaklık derecesinde test edilmişlerdir. Test edilen her sıcaklık derecesi için tüm popülasyonu içeren gruplar oluşturulmuştur. Dondurucunun sıcaklığı ayarladığımız dereceye geldiğinde bu sıcaklığa ait bitkiler bir saat bekletildikten sonra ilgili saksı grubu

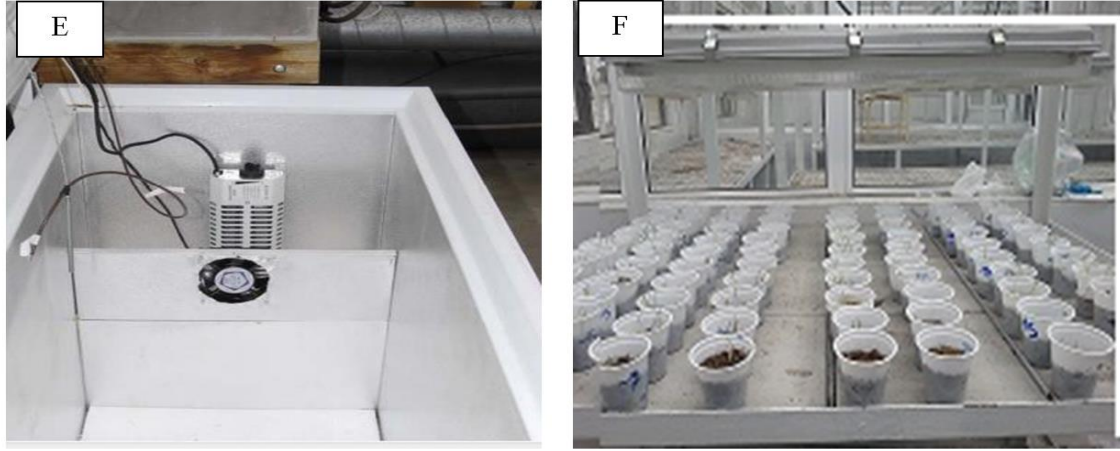
ıkarılmış, diğ erleri devam ettirilmiřtir. Her sıcaklık derecesi iin aynı uygulama yapılmıřtır (řekil 3.2.D,E).

h. Dondurucudan ıkarılan saksılar iklim odasında 16 saat ışık ve 8 saat karanlık uygulaması ile 4  C’de 24 saat s reyle bekletilmiřtir.

i. Saksılar 10/14 saat (D-N) fotoperiyoda ve 20  C sıcaklıđa sahip b y me odasında tekrar b y meye bırakılmıřtır. Daha sonra tekrar b y me g steren bitkiler 3 hafta sonra sayılarak her genotip iin canlı bitki sayısı tespit edilmiřtir. Buna g re 10 bitkiden en az 5 bitkinin canlı kaldıđı derece o genotipin sođuđa dayanıklılık derecesi (LT₅₀ deđeri) olarak kabul edilmiřtir (řekil 3.2.F).



řekil 3.2. (devam)



Şekil 3.2. A. Genotiplerin serada ekimi ve yetiştirilmesi, B. Fideler büyüme odasının soğuğa maruz kalması için hazırlanması, C. Fideler büyüme odası soğuğa maruz kaldıktan sonra, dondurucu makinesinin hazırlanması D. Dondurucu makinesinin dışı E. Dondurucu makinesinin içi ve F. Dondurucu makinesinden sonra bitkilerin serada bekletilmesi.

3.2.4. Moleküler analizler

3.2.4.a. Çalışmada kullanılan çözeltiler ve hazırlanış şekilleri

Çizelge 3.2. DNA izolasyonu için kullanılan tampon ve hazırlanma şekilleri

DNA İzolasyonunda Kullanılan Kimyasallar ve Hazırlanışları	
Tris-HCl	1 M (pH 7,5)
TrisBase	121,1 g ve 120-125 ml HCl 1 litre saf suda iyice karıştırılmış ve otoklavlanmıştır.
EDTA (0,5 M)	(500 ml stok, pH 8,0) 93 g EDTA (disodyum etilenediaminetetra-asetat 2H ₂ O) 400 ml ultra saf suda eritilmiş ve pH 8'e ayarlanmıştır (yaklaşık ~10 g NaOH pellet ile). pH ayarlanırken NaOH tamamen eridikten sonra toplam hacim ultra saf su ile 500 ml'ye tamamlanmıştır.

Çizelge 3.2. (devam)

NaCl (5 M)	292 g NaCl 1 litre ultra saf suda eritilmiştir.
1X TE	Tampon çözeltisi, Ortamda 10 mM Tris-HCl (pH 8,0) ve 1 mM EDTA (pH 8,0) olacak şekilde hazırlanmıştır. Her 500 ml için: 5 ml 1 M Tris-HCl (pH=7,5), 1 ml 0,5 M EDTA (pH=8,0) olarak toplam hacim 500 ml'ye tamamlanmıştır.
3 M Sodyum Asetat (pH=5)	408 g sodyum asetat trihidrat ($\text{NaC}_2\text{H}_3\text{O}_2 \cdot 3\text{H}_2\text{O}$) 800 ml ddH ₂ O eritilmiş ve 3 M asetik asit ile pH'sı 5'e ayarlanmıştır. Toplam hacim ultra saf su ile 1 litreye tamamlanmış ve filtreden geçirilerek steril edilmiştir.
Fenol:Kloroform:İzoamil Alkol	25:24:1 oranında hazır olarak kullanılmıştır.
%70'lik Etil Alkol	%100'lük etil alkolden 70 ml alınmış ve toplam hacmi steril distile su ile 100 ml'ye tamamlanmıştır.
CTAB buffer %2(w/v)	1,42 M NaCl; 200, mM EDTA; 100 mM Tris-HCl, pH 8,0; %1Na ₂ S ₂ O ₃ ; %0,2'lik 2-merkaptetanol eklenmiştir. Tüpler yavaşça alt-üst edilerek karıştırılmıştır.

Fenol: Kloroform: İzoamil Alkol 25:24:1 oranında hazır olarak kullanılmıştır.

Çizelge 3.3. Kloroform: İzoamil alkol 24:1 (v/v) hazırlanması

1	Kloroform	96 ml
2	İzoamil Alkol	4 ml
3	Toplam miktarı	100 ml

Kloroform: İzoamil alkol 24:1 oranında hazır olarak kullanılmıştır.

Çizelge 3.4. TE tampon 10X hazırlanması

1	Na ₂ EDTA (PH=8)	1 mM
2	Tris-HCL (pH=8)	10 mM

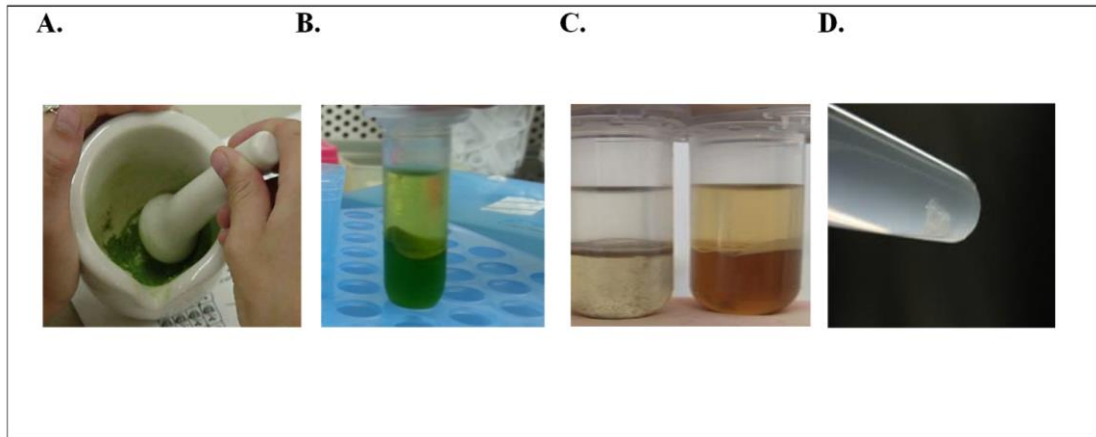
Tampon hazırlandıktan sonra otoklavlanıp ve buzdolabında 4 derece üzerinde saklanır.

3.2.4.b. DNA izolasyonu

DNA izolasyonu için kullanılan materyal yapraklar olup, CTAB yöntemi (Doyle and Doyle 1990) ile aşağıda verilen şekilde yapılmıştır.

- 1- Yaprak örnekleri bitkiler 3-4 yapraklı iken direkt tarladan alınmıştır.
- 2- Örnekler havan içerisine konulduktan sonra üzerine sıvı azot eklenmiş ve toz haline gelinceye kadar öğütülmüştür (Şekil 3.3.A).
- 3- Öğütülmüş haldeki bu örneklerden 300-400 mg tartılarak, 2 ml'lik Eppendorf tüplerine alınmıştır.
- 4- Tüplere 1 ml önceden ısıtılmış CTAB buffer eklenmiştir. Tüpler yavaşça alt-üst edilerek karıştırılmıştır.
- 5- CTAB buffer eklenmiş tüpler, 65°C'lik su banyosunda 1 saat süre ile bekletilmiştir.
- 6- Bu 1 saatlik süre içerisinde tüpler her 10 dakikada bir yavaşça alt-üst edilerek karıştırılmıştır.
- 7- Bu süre sonunda tüpler 5 dk oda sıcaklığında bekletilmiştir.
- 8- Daha sonra tüpler 10 dk süre ile 24 °C'de 14000 rpm'de santrifüj edilmiştir (Şekil 3.3.B).
- 9- Bu işlemten sonra üst fazdan yaklaşık 750 µl alınarak yeni tüplere aktarılmıştır.
- 10- Üzerine kloroform-izoamil alkol (24:1)'den 750 µl eklenmiş ve 1 dk süre ile yavaşça alt-üst edilmiştir.
- 11- Tüpler 4 °C 14000 rpm'de 10 dk santrifüj edildikten sonra üst fazdan 600 µl alınarak yeni tüplere aktarılmış ve üzerine 600 µl kloroform-izoamil-alkol (24:1) eklenmiştir (Şekil 3.3.c).

- 12- Tüpler tekrar 4°C 14000 rpm’de 10 dk santrifüj edilmiştir (Şekil 3.3.c).
- 13- Buz içerisinde olan yeni tüplere üst fazdan 500 µl aktarılmış, üzerine 100 µl amonyum asetat (10 M), 100 µl sodyum asetat (3 M PH=5,5) ve 500 µl (-20 °C’de önceden soğutulmuş) izopropanol ilave edilmiştir. Tüpler bu aşamada yavaşça alt-üst edilmiştir.
- 14- Daha sonra tüpler 4 °C 14000 rpm’de 10 dk süre ile santrifüj edilmiş ve üst faz dökülerek uzaklaştırılmıştır. Böylece DNA pelletinin görülmesi sağlanmıştır (Şekil 3.3.D).
- 15-DNA’nın bulunduğu her tüpe 200 µl %70’lik etanol eklenerek yıkanması sağlanmıştır.
- 16- Tüpler 14000 rpm’de 3 dakika santrifüj edilmiş ve üst faz dökülmüştür.
- 17- DNA’lar oda koşullarında bekletilerek kurutulması sağlanmıştır.
- 18- Kurutulan DNA örnekleri üzerine 150 µl TE buffer eklenerek çözündürülmüş ve 20°C’de saklanmıştır.



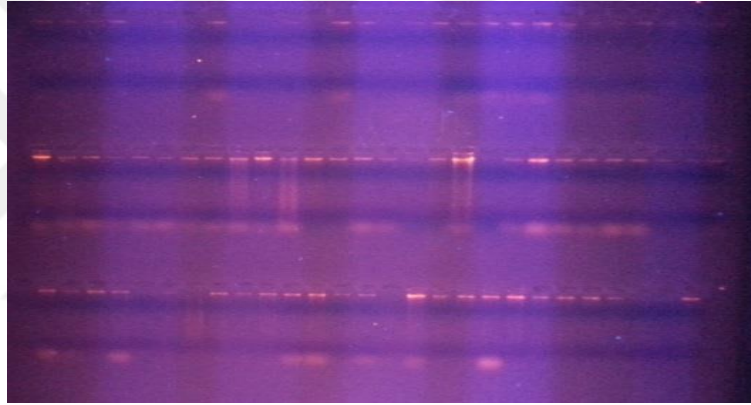
Şekil 3.3. (A). Bitki yaprağını sıvı azot havanda ezilmesi, (B). İlk santrifüjdan sonra iki faz ayrılması, (C). İkinci ve üçüncü santrifüjdan sonra fazların ayrılması ve (D). DNA elde edilmesi

3.2.4.c. DNA miktarı ve kalitesi

DNA örneklerinin kantitatif tayini için her örnekten 2 µl alınmış NanoDrop® ND-1000 (NanoDrop Technologies, USA) spektrofotometre cihazı kullanılarak 260/280 oranı ile protein kontaminasyonu ve A260/230 oranı ile polifenol ve polisakaritler

kontaminasyonu belirlenmiştir. Bu oranlar 1,7- 2,2 ve 2-2,2 arasında olması gerekir. En uygun değer A260/280 oranının 1,8'dir.

DNA örneklerinin kalitatif tayini için 1X SB buffer ile hazırlanan % 0,8'lik agaroz jele 5 µl DNA örneği, 5 µl ultra saf su ve 3 µl 6X loading buffer yani toplamda 13 µl olacak şekilde hazırlanıp kuyucuklara yüklenmiştir. 60 V'da 30 dk süre ile yürütülmüştür. UV ışıktaki DNA bantları görüntülenmiştir (Şekil 3.4). Daha sonra DNA konsantrasyonu PCR analizinde kullanılmak üzere 30 mg/µl olacak şekilde hazırlanmış ve -20 °C'de saklanmıştır.



Şekil 3.4. CTAB metodu ile elde edilen DNA'nın % 0.8'lik agaroz jel görüntüsü

3.2.4.d. SSR Primerlerinin sulandırılması

Firmanın belirttiği kullanma talimatına göre 425 çift SSR primeri ultra saf su ile sulandırılmış ve primerlerin yoğunlukları 100 pmol olacak şekilde ayarlanmıştır.

3.2.4.e. SSR Moleküler işaretçisi ile PCR analizi

1. PCR içeriği ve şartları

SSR moleküler işaretçide bulunan diziyi çoğaltmak amacıyla yapılan PCR işlemi Senso Quest LabCycler (*MultiGene Gradient Thermal Cycler (TC9600-G-230V, Labnet*

International, Inc.)) cihazı ile yapılmıştır. SSR moleküler işaretçilerin taramasında kullanılan PCR içeriği Çizelge 3.5'te belirtilmiş ve PCR şartları ise Çizelge 3.6'da verilmiştir.

Çizelge 3.5. PCR malzemeleri ve miktarları

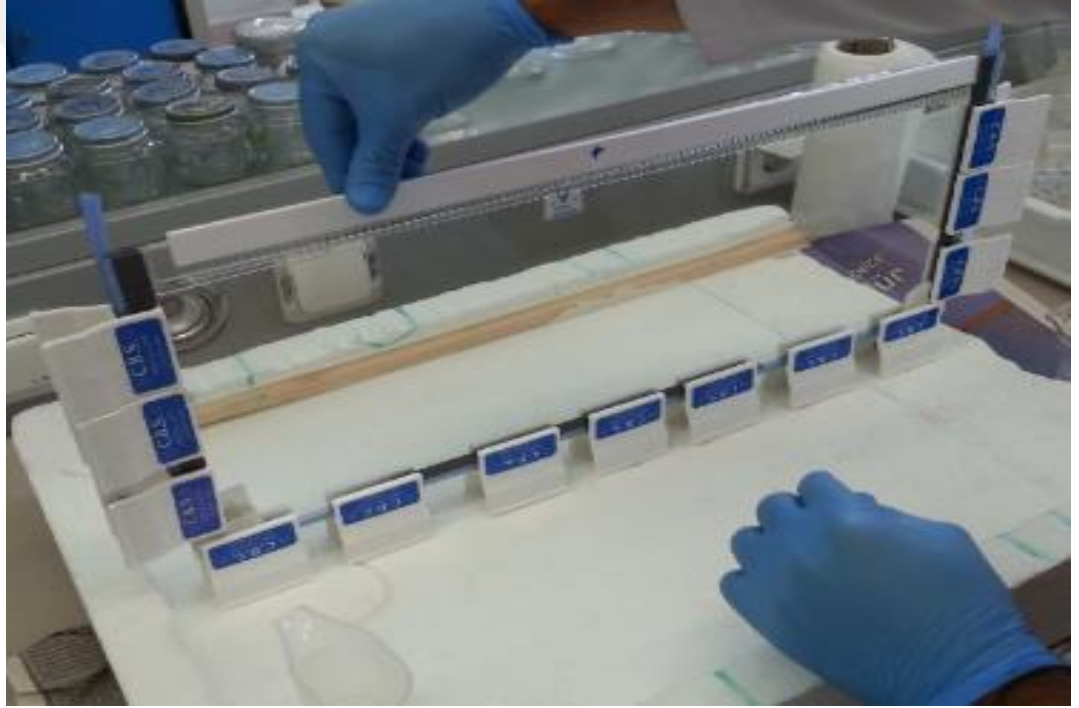
İçerik	Miktar (µl)
Genomik DNA	2
Primer-F	0.6
Primer-R	0.6
Taq Pol. Enzim	0.25
dNTP	0.5
MgCl ₂	1
PCR Tampon	1
Ultra saf su	4.3
Toplam Hacim	10

Çizelge 3.6. SSR moleküler belirteçlerin taramasında kullanılan PCR şartları

PCR Program			Tekrar	Sıc.D	Süre (dk)
1. Aşama		Başlangıç denatürasyonu	1	94,0	00.04.00
2. Aşama	Basamak 1	Denatürasyon	37	94,0	00.01.00
	Basamak 2	Yapışma		Grad	00.01.00
	Basamak 3	Uzama		72,0	00.01.00
3. Aşama		Döngü	1	72,0	00.07.00
		Son uzama		4,0	∞

3.2.4.f. PCR ürünlerinin yürütülmesi ve görüntülenmesi

PCR ürünleri (Wang *et al.* 2003) yöntemiyle % 6'lık akrilamit dikey jelinde etidiyum bromit boyamasıyla 200 V'ta 2-3 saat yürütülmüştür. Bunu gerçekleştirilmesi için PCR ürününden 10 µL alınmış ve jele yüklenmiştir. PCR bantların görülmesi için her defa 70 µl etidiyum bromit boyaması TBE buffere eklenmiştir. UV ışığı cihazının (Vilber Lourmat, France) altında Nikon Coolpix500 makinesi ile etidiyum bromiti engellemek için koyu sarı filtre kullanarak fotoğrafı çekilmiştir.



Şekil 3.5. Akrilamit jelin hazırlanışı

Çizelge 3.7. Jel hazırlanmada kullanılan kimyasallar ve hazırlanışları

Jel Hazırlanmada Kullanılan Kimyasallar ve Hazırlanışları	
10X TBE (Tris/Borat/EDTA) 108 g Tris base (890 mM) 55 g borik asit (890 mM)	960 ml ddH ₂ O eritilmiş ve üzerine 40 ml 0,5 M EDTA (pH 8,0) eklenmiş ve ultra saf su ile toplam hacmi 1 litreye tamamlanmıştır. Daha sonra filtre kâğıdından geçirilmiştir.
20X Sodyum Borat (SB)	45 g borik asit, 8 g NaOH 500 ml saf suda iyice karıştırılmış ve toplam hacmi ultra saf su ile 1 litreye tamamlanmıştır.
%20'lik akrilamit jel (19:1)	190 g akrilamit, 10 g bis-akrilamit, 1 litre saf suda eritilmiş ve filtreden geçirilmiştir.
Amonyum Per Sülfat %10 (w/v)	10 g amonyum per sülfat 100 ml saf suda eritilmiş ve -20°C saklanmıştır.
%6'lık akrilamit jelin hazırlanışı	54 ml %20'lik akrilamit (19:1), 117 ml saf su ve 9 ml 10X TBE, bir beherde karıştırılmıştır. 1.2 ml amonyum per sülfat ve 132 µl TEMED karışıma eklenmiş ve jelin kalınlığı 1,5 mm olacak şekilde ayarlanmış camlar arasına yüklenmiştir (Şekil 3.5)

3.2.4.g. Bantların puanlanması

Jel üzerinde açıkça seçilebilen ve kolaylıkla sayılabilen bantlar A (brinci ebeveyn) B (ikinci ebeveyn) ve H (iki ebeveynden bant olması durumunda heterozigot) kayıp bant 9 numara olarak puanlandırılmıştır.

3.2.4.h. Verilerin değerlendirilmesi ve istatistiksel analizi

Elde edilen fenotipik verilerin analizinden önce normallik testi SPSS programı ile *Kolmogorov-Smirnov* metodu kullanılmış ve normal olmayan veriler parametrik olmayan analizi içerisinde *Shapiro-Wilk* metodu ile yapılmıştır. Daha sonra varyasyon analizi için SAS programı kullanılmıştır. Korelasyon ve regresyon verileri SPSS 20

programı ile elde edilmiştir ve tüm grafikler Excel programında çizilmiştir. QTL analysis, (*Single Marker Analysis*) değerlerine bağlı olarak MAPMANAGER-QTX20 programı ile gerçekleştirilmiştir (Sofalian *et al.* 2008)

LT₅₀ değerleri probit regresyon analizi ile SAS programı kullanılarak belirlenmiştir (SAS Enstitüsü, Inc. <http://www.sas.com>) (Skinner *et al.* 2008). Bu analiz ile doğru LT₅₀ değeri farklı sıcaklıklarda hayatta kalan bitkiler probit denklemler tarafından tahmin edilmiştir. Her sıcaklık derecesi ayrı zamanlarda iki tekrarlı olarak yapılmıştır. Burada bildirilen LT₅₀ değerleri, bu sıcaklıkların ortalamasıdır (Skinner *et al.* 2008).

Çizelge 3.8. SSR belirtecinden elde edilen bilgiler

Sayı	İşaretçi	İleri primer	Geriprimer	Lokasyon
1	BARC3	TTCCCTGTGCTTTCTAATTTT	GCGAACTCCCGAACATTTTAT	6A
2	BARC2	GCGATCCACACTTTGCCTCTTT	GCGATGTCGGTTTTCAGCCTTT	4B, 7B
3	BARC45	CCCAGATGCAATGAAACCACA	GCGTAGAACTGAAGCGTAAAATT	3A, 2B
4	BARC58	GCGACTTTGTGTATATGTTTTA	ATGGGGCAATTAGTGTTTTCTTCG	5BL-7DS
5	BARC64	GCGGAGTCTGCAATTAGTATAG	GCATCCACCTCCGCAGTCAGT	7A
6	BARC66	CGCGATCGATCTCCCGTTTGC	GGAAGAGGACCAAGGCCACTA	1DL,2B
7	BARC96	AAGCCTTGTTGTTCCGTATTATT	GCGGTTTATATTTGTGGTTGAGC	6DL6-5B
8	BARC98	CCGTCCTATTCGCAAACCAGAT	GCGGATATGTTCTCTAACTCAAGC	4D,2B
9	BARC105	CAGGAAGAAAAGGAAAGCATG	GCGGTGTGGCAATAATTACTTTT	7A-4D
10	BARC117	TCATGCGTGCTAAGTGCTAA	GAGGGCAGGAAAAAGTGACT	5A
11	BARC118	AGTTGCCGCTTCTTTTCATTTT	AGAGGTCCATTTTCGTCCTTTGA	4D-6A
12	BARC119	CACCCGATGATGAAAAT	GATGGCACAAGAAATGAT	-3D, 1A, 1B,
13	BARC122	CCCGTGTATATCCAGGAGTG	CAGCCCTTGATGATGTGATG	5AL12,-2A
14	BARC124	TGCACCCCTTCCAAATCT	TGCGAGTCGTGTGGTTGT	5A, 2B
15	BARC126	CCATTGAAACCGGATTTGAGTC	CGTTCCATCCGAAATCAGCAC	7D4-7B
16	BARC127	TGCATGCACTGTCTTTGTATT	AAGATGCGGGCTGTTTCTA	7A-, 6B
17	BARC127	TGCATGCACTGTCTTTGTATT	AAGATGCGGGCTGTTTCTA	-
18	BARC13	CGGCTAGTAGTTGGAGTGTTGG	ACCGCTCTAGTTATTGCTCTC	5DS2-0.78
19	BARC133	AGCGCTCGAAAAGTCAG	GGCAGGTCCAATCCAG	5DL-3BS
20	BARC134	CCGTGCTGCAATGAACAC	AGTTGCCGTTCCCATTGTCA	6BS
21	BARC138	CTCGATTGCGCGTCAG	GTGGGGGAAGAAGAAACC	2A, 4A
22	BARC138	CTCGATTGCGCGTCAG	GTGGGGGAAGAAGAAACC	-
23	BARC140	CGCCAACACCTACCATT	TTCTCCGCACTCACAAAC	5BL,2B, 5D
24	BARC142	CCGGTGAGAGGACTAAAA	GGCCTGTCAATTATGAGC	5BL,2D, 5A,
25	BARC145	GCAGCCTCGAATCACA	GGGGTGTTGAAGATGA	2D, 3B, 1A
26	BARC146	AAGGCGATGCTGCAGCTAAT	GGCAATATGGAAGTGGAGAGAA	6D,-6A, 6B
27	BARC147	GCGCCATTTATTCATGTTCTC	CCGCTTCACATGCAATCCGTTGAT	3B
28	BARC148	GCGCAACCACAATGTATGCT	GGGGTGTTTCTCTATTCTT	C-1A-1D,

Çizelge 3.8. (devam)

29	BARC149	ATTCACCTTGCCCCCTTTTAAACTC	GAGCCGTAGGAAGGACATCTAGT	1D
30	BARC154	GTAATTCCGGTTCCACTTGACA	GGATGGGCAGCTTCAAGGTATGT	7D,7A
31	BARC203	GCGAACATGTATCCAAGTCACT	GCGCCACATTCAAACATAAGGTC	3B
32	BARC206	GCTTTGCCAGGTGAGCACTCT	TGGCCGGGTATTTGAGTTGGAGTT	4A,3B, 6A
33	BARC232	CGCATCCAACCATCCCCACCCA	CGCAGTAGATCCACCACCCCGCC	5A, 5B, 5D
34	BARC1090	CGCTCCAATGATGACACC	CGGAAGGAAGAAGAAGAAGA	1D
35	BARC1099	CCCACGCACGCACTAAG	TCATGTGGCCGTTGTGAA	3A, 6B
36	CFA2040	TCAAATGATTTCAAGTAACCAC	TTCCTGATCCCACCAAACAT	7D,7A, 7B,
37	CFA2049	TAATTTGATTGGGTCGGAGC	CGTGTGATGGTCTCCTTG	7A
38	CFA2056	TGGAAGTTACCCTGTCCGTC	GAAGAGAGGAGGAGTGGCCT	1A, 7A
39	CFA2058	CCCATTGCCATCTCAGTCTT	ATAGTAGGCCCAAAGCGATG	2A
40	CFA2091	CCTTCTTAATGACCGGCTCG	AAACGAAGACGTGGACATGG	4B
41	CFA2106	GCTGCTAAGTGCTCATGGTG	TGAAACAGGGGAATCAGAGG	7B
42	CFA2114	ATTGGAAGGCCACGATACAC	CCCGTCGGGTTTTATCTAGC	6A
43	CFA2129	GTTGCACGACCTACAAAGCA	ATCGCTCACTCACTATCGGG	1A, 1B, 1D
44	CFA2135	TGCCTAAATCTAAATGCCCG	GGATAATGTGCATGTTACCG	1A
45	CFA2153	TTGTGCATGATGGCTCAAT	CCAATCCTAATGATCCGCTG	1A
46	CFA2155	TTTGTTACAACCCAGGGGG	TTGTGTGGCGAAAGAAACAG	5A
47	CFA2190	CAGTCTGCAATCCACTTTGC	AAAAGGAAACTAAAGCGATGGA	5A
48	CFA2219	TCTGCCGAGTCACCTTCATTG	GACAAGGCCAGTCCAAAAGA	1A
49	CFA2240	TGCAGCATGCATTTTAGCTT	TGCCGCACTTATTTGTTTAC	7A
50	CFA2241	TTGGCCATCAGGCTCTAGTT	GTGATGCTGTTCTCAAGCCA	1B
51	CFA2250	AGCCATAGATGGCCCTACCT	CACTCAATGGCAGGTCCTTT	5A
52	CFA2278	GCCTCTGCAAGTCTTTACCG	AAGTCGCCCATCTTCTTCCT	2B
53	CFA2292	GGACCGTTTATCCGTAAGCA	GCCTATGCTGCTGATCCATT	1B
54	CFD1	ACCAAAGAACTTGCCCTGGTG	AAGCCTGACCTAGCCCAAAT	6A, 6B,6D
55	CFD4	TGCTCCGTCTCCGAGTAGAT	GGGAAGGAGAGATGGGAAAC	3D, 3BL
56	CFD5	TGCCCTGTCCACAGTGAAG	TTGCCAGTTCCAAGGAGAAT	6D, 5B
57	CFD9	TTGCACGCACCTAAACTCTG	CAAGTGTGAGCGTCGG	3D
58	CFD10	CGTTCTATGACGTGTCATGCT	TCCATTTTCAAAACACCCTG	5D
59	CFD13	CCACTAACCAAGCTGCCATT	TTTTTGGCATTGATCTGCTG	6D-6B
60	CFD16	GGATCCAAGGAATCCAAAT	TCCTTCGGTTCCCATATCAC	4A-2D
61	CFD35	GGGATGACACATAACGGACA	ATCAGCGCGCTATAGTACG	3D
62	CFD036	GCAAAGTGTAGCCGAGGAAG	TTAGAGTTTTGCAGCGCCTT	2D-2A
63	CFD042	AGGTTCTAGGGGGCATGTCT	GCTCTCAATGACTGCACTGG	6D
64	CFD043	AACAAAAGTCGGTGCACTCC	CCAAAAACATGGTTAAAGGGG	2D
65	CFD045	TCTCTCCAGTTGCTCCTCGT	ATGTGGAACCGGTCTACTCG	6D
66	CFD048	ATGGTTGATGGTGGGTGTIT	ATGTATCGATGAAGGGCCAA	1B, 1D
67	CFD049	TGAGTTCTTCTGGTGAGGCA	GAATCGGTTACAAGGGAAA	6D
68	CFD051	GGAGGCTTCTCTATGGGAGG	TGCATCTTATCCTGTGCAGC	2D
69	CFD054	TCGTTCCAAAATGCATGAAA	AAGGGCCAGAAATCTGTGTG	4BL54D
70	CFD059	TCACCTGGAAAATGGTCACA	AAGAAGGCTAGGGTTCAGGC	1A, 1B, 1D
71	CFD060	TGACCGGCATTCACTATCAA	TGGTCACTTTGATGAGCAGG	6D
72	CFD061	ATTCAAATGCAACGCAAACA	GTTAGCCAAGGACCCCTTTC	1D
73	CFD066	AGGTCTTGGTGGTTTTGGTG	TTTTACATGCCACAGTTG	7D
74	CFD068	TTTGCAGCATCACACGTTTT	AAAATTGTATCCCCGTGGT	7DL, 7A
75	CFD073	GATAGATCAATGTGGGCCGT	AACTGTTCTGCCATCTGAGC	2D, 2B
76	CFD074	TCAAAACCACACCAGGCATA	AAGTGGTGGGAGTGTGTGT	5D, 7B
77	CFD079	TCTGGTTCTTGGGAGGAAGA	CATCCAACAATTTGCCCAT	3D,3B

Çizelge 3.8. (devam)

78	CFD080	ATAGGGGTTTGAATCACTCC	TTGGATTTCAGAGCCTTCT	6A, 6D
79	CFD082	GCTGATGCTGCTGTAAGTGC	TGAAGAATACAATGGCAGCAA	6A
80	CFD088	TAGGCATAGTTTGGGCCTG	GGTAGAAGGAAGCTTCGGGA	4A
81	CFD106	ACGGGTGGTTTGTCTCAGT	ACTCCACCAGCGGAGAAATA	4D
82	CFD135	GGATCTCGGGGATGTCCT	TAAGCACCTTCTTCATGGGG	6D
83	CFD141	CGTAAAGATCCGAGAGGGTG	TCCGAGGTGCTACCTACCAG	3D
84	CFD161	GTAAGGCATCTTCGCGTCTC	CCATGATAGATTGGACGGG	2D
85	CFD170	CTGTGCGACGACGACGA	CATCCTCTTGACGCCGCCGC	1B
86	CFD175	TGTCGGGGACACTCTCTCTT	ACCAATGGGATGCTTCTTTG	2D, 7D
87	CFD189	GCTAAAGCCACATAGGACGG	GCACAAGATTTTGCAAGGCT	5D
88	CFD211	AGAAGACTGCACGCAAGGAT	TGCACTAAAGCATCTTCGTGTT	3D
89	CFD239	CTCTCGTTCTCTCCAGGCTC	GAGAGGAGAGCTTGCCATTG	2D
90	CFD239	CTCTCGTTCTCTCCAGGCTC	GAGAGGAGAGCTTGCCATTG	-
91	CFD267	GTGCGTCGTGTAGCAGCTC	CTCTCTGTCTCCAGGTCTG	2A, 2D
92	GDM033	GGCTCAATCAACCGTTCTT	TACGTTCTGGTGGCTGCTC	1A, 1B, 1D
93	GDM046	TGTGTTGGCCTTGTGGTG	CTACCCAATGCATCCCCTTA	7D
94	GDM060	AGAAGGACCGTCGCGTC	ATGTTGGCCCTGAAGAAGAA	1D
95	GDM067	AAGCAAGGCACGTAAAGAGC	CTCGAAGCGAACACAAAACA	7D
96	GDM072	TGGTTTCTCGAGCATTCAA	TGCAACGATGAAGACCAGAA	3D
97	GDM098	CCATCCATGAAATGGCG	GCCCTTCACTAGCCTTCATG	6D
98	GDM109	GGTCCGCCTGACAGACC	AAAGCTGCTCATCGTGGTG	5A
99	GDM152	ATAACATGCACACAAATTTT	GCCAGTGCCAAGCTTGC	7A
100	GWM011	GGATAGTCAGACAATTCTGTG	GTGAATTGTGCTTGTATGCTTCC	1B
101	GWM033	GGAGTCACACTTGTTTGTGCA	CACTGCACACCTAACTACCTGC	-
102	GWM044	GTTGAGCTTTTTCAGTTCGGC	ACTGGCATCCACTGAGCTG	4A,7D
103	GWM046	GCACGTGAATGGATTGGAC	TGACCCAATAGTGGTGGTCA	7B
104	GWM052	CTATGAGGCGGAGGTTGAAG	TGCGGTGCTCTTCCATT	3D
105	GWM063	TCGACCTGATCGCCCCTA	CGCCCTGGGTGATGAATAGT	7A
106	GWM067	ACCACACAAACAAGGTAAGCG	CAACCCTCTTAATTTTGTGGG	5B
107	GWM070	AGTGGCTGGGAGAGTGTCT	GCCCATTACCGAGGACAC	6B
108	GWM088	CACTACAACATATGCGCTCGC	TCCATTGGCTTCTCTCTCAA	6B
109	GWM095	CACTACAACATATGCGCTCGC	TCCATTGGCTTCTCTCTCAA	2A
110	GWM099	AAGATGGACGTATGCATCACA	GCCATATTTGATGACGCATA	-
111	GWM102	TCTCCCATCCAACGCCTC	TGTGGTGGCTTGACTATTG	-
112	GWM121	TCCTCTACAAACAAACACAC	CTCGCAACTAGAGGTGTATG	7D
113	GWM122	GGGTGGGAGAAAGGAGATG	AAACCATCCTCCATCCTGG	2B
114	GWM124	GCCATGGCTATCACCCAG	ACTGTTGCGGTGCAATTTGAG	1B
115	GWM126	CACACGCTCCACCATGAC	GTTGAGTTGATGCGGGAGG	5A
116	GWM129	TCAGTGGGCAAGCTACACAG	AAAACCTAGTAGCCGCGT	1B
117	GWM132	TACCAAATCGAAACACATGAGG	CATATCAAGGTCTCCTTCCCC	2B,6A
118	GWM133	ATCTAAACAAGACGGCGGTG	ATCTGTGACAACCGGTGAGA	1B,3A
119	GWM136	GACAGCACCTTGCCCTTTG	CATCGGCAACATGCTCATC	1A
120	GWM140	ATGGAGATATTGGCCTACAAC	CTTGACTTCAAGGCGTGACA	1B
121	GWM146	CCAAAAAACTGCCTGCATG	CTCTGGCATTGCTCCTTGG	7B
122	GWM156	CCAACCGTGCTATTAGTCATTC	CAATGCAGGCCCTCTTAAC	4B,5B
123	GWM160	TTCAATTCAGTCTTGCTTGG	CTGCAGGAAAAAAGTACACCC	4A
124	GWM161	GATCGAGTGATGGCAGATGG	TGTGAATTACTTGACGTGG	3D
125	GWM181	TCATTGTAATGAGGAGAGA	GAACCATTATGTGCATGTC	3B
126	GWM183	GTCTTCCCATCTCGCAAGAG	CTCGACTCCCATGTGGATG	3D

Çizelge 3.8. (devam)

127	GWM186	GCAGAGCCTGGTTCAAAAAG	CGCCTCTAGCGAGAGCTATG	5A
128	GWM192	GGTTTTCTTTTCAGATTGCGC	CGTTGTCTAATCTTGCCTTGC	4A,4B
129	GWM194	GATCTGCTCTACTCTCCTCC	CGACGCAGAACTTAAACAAG	4D
130	GWM205	CGACCCGGTTCACCTCAG	AGTCGCCGTTGTATAGTGCC	5A,5D
131	GWM210	TGCATCAAGAATAGTGGAAG	TGAGAGGAAGGCTCACACCT	2A,2B
132	GWM213	TGCCTGGCTCGTTCTATCTC	CTAGCTTAGCACTGTGCCCC	4D,4B
133	GWM219	GATGAGCGACACCTAGCCTC	GGGGTCCGAGTCCACAAC	6B
134	GWM221	ATGAGCGACACCTGCCTCC	GGGTCCGAGTCCACAAA	7D
135	GWM232	ATCTCAACGGCAAGCCG	CTGATGCAAGCAATCCAC	1D
136	GWM233	TCAAAACATAAATGTTCAATTGA	TCAACCGTGTGTAATTTGTCC	7A
137	GWM234	GAGTCCTGATGTGAAGCTGTTG	CTCATTGGGGTGTGTACGTG	5A,5B
138	GWM247	GCAATCTTTTTTCTGACCACG	ATGTGCATGTCCGACGC	3A,3B
139	GWM257	AGAGTGCATGGTGGGACG	CCAAGACGATGCTGAAGTCA	2B
140	GWM260	GCCCCCTTGACACAATC	CGCAGCTACAGGAGGCC	7A
141	GWM271	CAAGATCGTGGAGCCAGC	AGCTGCTAGCTTTTGGGAC	2B,5B,5D
142	GWM276	ATTTGCCTGAAGAAAATATT	AATTTCACTGCATACACAA	7A,7B
143	GWM282	TTGGCCGTGTAAGGCAG	TCTCATTACACACAACACTAGC	7A
144	GWM292	TCACCGTGGTCACCGAC	CCACCGAGCCGATAATGTAC	5D
145	GWM294	GGATTGGAGTTAAGAGAGAACCG	GCAGAGTGATCAATGCCAGA	2A
146	GWM295	GTGAAGCAGACCCACAACAC	GACGGCTGCGACGTAGAG	7D
147	GWM301	GAGGAGTAAGACACATGCC	GTGGCTGGAGATTGAGTTT	2D
148	GWM312	ATCGCATGATGCACGTAGAG	ACATGCATGCCTACCTAATGG	2A
149	GWM314	AGGAGCTCCTCTGTGCCAC	TTCGGGACTCTCTTCCCTG	3D
150	GWM334	AATTTCAAAAAGGAGAGAGA	AACATGTGTTTTTAGCTATC	6A
151	GWM335	CGTACTCCACTCCACACGG	CGGTCCAAGTGCTACCTTTC	5B
152	GWM340	GCAATCTTTTTTCTGACCACG	ACGAGGCAAGAACACACATG	3B
153	GWM350	ACCTCATCCACATGTTCTACG	GCATGGATAGGACGCC	4A
154	GWM368	CCATTTACCTAATGCCTGC	AATAAAACCATGAGCTCACTTGC	4B
155	GWM369	CTGCAGGCCATGATGATG	ACCGTGGGTGTTGTGAGC	3A,4B
156	GWM372	AATAGAGCCCTGGGACTGGG	GAAGGACGACATTCCACCTG	2A
157	GWM374	ATAGTGTGTTGCATGCTGTGTG	TCTAATTAGCGTTGGCTGCC	1B,2B
158	GWM382	GTCAGATAACGCCGTCCAAT	CTACGTGCACCACCATTTTG	2A,2B,2D
159	GWM391	ATAGCGAAGTCTCCCTACTCCA	ATGTGCATGTCCGACGC	3A
160	GWM400	GTGCTGCCACCACTTGC	TGTAGGCACTGCTTGGGAG	7B
161	GWM403	CGACATTGGCTTCGGTG	ATAAAACAGTGCGGTCCAGG	1B,2B
162	GWM410	GCTTGAGACCGGCACAGT	CGAGACCTTGAGGGTCTAGA	5B,5A
163	GWM413	TGCTTGTCTAGATTGCTTGGG	GATCGTCTCGTCCTTGGCA	1B
164	GWM415	GATCTCCCATGTCCGCC	CGACAGTCGTCACTTGCCCTA	5A
165	GWM427	AAACTTAGAACTGTAATTCAGA	AGTGTGTTCAATTTGACAGTT	6A
166	GWM441	AACTTAGAACTGTAATTCAGAG	GTGTGTTCAATTTGACAGTTT	2B
167	GWM428	CGAGGCAGCGAGGATTT	TTCTCCACTAGCCCCGC	7D
168	GWM459	ATGGAGTGGTCAACATTTGAA	AGCTTCTCTGACCAACTTCTCG	6A
169	GWM469	CAACTCAGTGCTCACACAACG	CGATAACCACTCATCCACACC	-
170	GWM480	TGCTGCTACTGTACAGAGGAC	CCGAATTGTCCGCCATAG	3A
171	GWM493	TTCCATAAATAAAACCGCG	GCAACATCATTTCTGGACTTTG	3B
172	GWM494	ATTGAACAGGAAGACATCAGGG	TTCTGGAGCTGTCTGGC	1B,3A,4A
173	GWM497	GTAGTGAAGACAAGGGCATT	CCGAAAGTTGGGTGATATA	1A
174	GWM501	GGCTATCTCTGGCGCTAAAA	TCCACAAACAAGTAGCGCC	2B
175	GWM508	GTTATAGTAGCATATAATGGCC	GTGCTGCCATGATATTT	6B

Çizelge 3.8. (devam)

176	GWM518	AATCACAACAAGGCGTGACA	CAGGGTGGTGCATGCAT	6B
177	GWM533	AAGGCGAATCAAACGGAATA	GTTGCTTTAGGGGAAAAGC	3B,3D
178	GWM538	GCATTTCGGGTGAACCC	GTTGCATGTATACGTTAAGC	4B
179	GWM565	GCGTCAGATATGCCTACCTAGG	AGTGAGTTAGCCCTGAGCC	4A,5D
180	GWM569	GGAAACTTATTGATTGAAAT	TCAATTTTGACAGAAGAAT	7B
181	GWM570	TCGCCTTTACAGTCGGC	ATGGGTAGCTGAGAGCCAA	6A
182	GWM583	TTCACACCCAACCAATAGCA	TCTAGGCAGACACATGCCT	5D
183	GWM608	ACATTGTGTGTGCGGCC	GATCCCTCTCCGCTAGAAG	1B,1D,2D
184	GWM609	GCGACATGACCATTTTGTG	GATATTAAATCTCTCTATGT	4D
185	GWM611	CATGGAAACACCTACCGAAA	CGTGCAAATCATGTGGTAG	7B
186	GWM613	CCGACCCGACCTACTTCTCT	TTGCCGTCGTAGACTGG	4A
187	GWM613	CCGACCCGACCTACTTCTCT	TTGCCGTCGTAGACTGG	6B
188	GWM630	GTGCCTGTGCCATCGTC	CGAAAGTAACAGCGCAGTG	2B
189	GWM635	TTCTCACTGTAAGGCGGTT	CAGCCTTAGCCTTGGCG	7A
190	GWM636	CGGTAGTTTTTAGCAAAGAG	CCTTACAGTTCTTGGCAGAA	7A,7B
191	GWM637	AAAGAGGTCTGCCGCTAACA	TATACGGTTTTGTGAGGGG	4A
192	GWM639	CTCTCTCCATTGCGTTTTCC	CATGCCCCCTTTTCTG	5A
193	GWM642	ACGGCGAGAAGGTGCTC	CATGAAAGGCAAGTTCGTC	5A,5B,5D
194	GWM644	GTGGGTCAAGGCCAAGG	AGGAGTAGCGTGAGGGGC	1D
195	GWM645	TGACCGGAAAAGGGCAGA	GCCCCGTCAGGAGTTTAAG	3D
196	WMC010	GATCCGTTCTGAGGTGAGTT	GGCAGCACCTCTATTGTCT	7B
197	WMC048	GAGGGTTCTGAAATGTTTTGCC	ACGTGCTAGGGAGGTATCT	4B,4D
198	WMC163	TTACACCCATCAGGGTGGTCTT	GTCTATCCATACGACAA	6A
199	WMC285	TGTGGTTGTATTGCGGTATGG	TTGTGGTGCTGAGTTAGCTT	4D
200	WMC326	GGAGCATCGCAGGACAGA	GGACGAGGACGCCTGAAT	3B,5B
201	WMC329	ACAAAGGTGCATTTCGTAGA	AACACGCATCAGTTTCAGT	1A,1B
202	WMC356	GCCGTTGCCCAATGTAGAAG	CCAGAGAAACTCGCCGTGTC	2B
203	WMC376	TCTCAACCACCGACTTGTA	ACATGTAATTGGGGACACTG	3B
204	WMC506	CACTTCCTCAACATGCCAGA	CTTCAATGTGGAAGGCGAC	7D
205	WMC511	CGCACTCGCATGATTTTCTT	ATGCCCCGAAACGAGACTGT	4B
206	WMC532	GATACATCAAGATCGTGCCAAA	GGGAGAAATCATTAAACGAAGGG	3A
207	WMC557	GGTGCTTGTCATACGGGCT	AGGTCCTCGATCCGCTCAT	7B
208	WMC559	ACACCACGAATGATGTGCCA	ACGACGCCATGTATGCAGAA	3A
209	WMC594	CCCCCTACTGCCG	ATATCCATATAGTACTCGCAC	3A
210	WMC622	CAGGAAGAAGAGCTCCGAGAAA	CTTGCTAACCCGCGCC	4D
211	WMC687	AGGACGCCTGAATCCGAG	GGGAGCGTAGGAGGACTAACA	3B
212	WMC710	GTAAGAAGGCAGCACGTATGAA	TAAGCATTCCTCACTCTCA	4B
213	WMC722	GCTTTTCGATGGGATGGTGC	TTTGTCCACTGCCTTCTGCC	4A
214	WMC764	CCTCGAACCTGAAGCTCTGA	TTCGCAAGGACTCCGTAACA	2B
215	WMC765	GGGATCAGACTGGGACTGGAG	GGGTTGGCTTGGCAGAGAA	5D
216	WMC776	CCATGACGTGACAACGCAG	ATTGCAGGCGCGTTGGTA	1B
217	WMC783	AGGTTGGAGATGCAGGTGGG	TCTTCCTTCTCCTGCCGCTA	5D
218	GWM 261	GATGTGCATGTGAATCTCAAAAGTA	AAAGAGGGTCACAGAATAACCTAAA	D2
219	GWM 271	ACTACTTAGGCCTCCCGCC	TGACCCACTTGCAATTCATC	D5-B2-B5
220	GWM 272	GCAAGAAGCAACAGCAGTAAC	'CAGATGCTCTTCTCTGCTGG	D5
221	GWM 274	AGGAAACAGAAATATCGCGG	AGGACTGTGGGGAATGAATG	B3-B5
222	GWM 276	TCACGTGGAAGACGCTCC	CTACGTGCACCACCATTTTG	A7

Çizelge 3.8. (devam)

223	GWM 282	GGTTGCTGTACAAGTGTTACAG	CGGGTGCTGTGTGTAATGAC	A7
224	GWM 292	TTTCTTCTGTCGTTCTCTTCCC	'TTTTACGCGTCAACGACG	D5
225	GWM 296	AGCCAGCAAGTACCAAAAAC	AGTGCTGGAAAGAGTAGTGAAGC	-
226	GWM 299	'GCCCCGTCATGTAAAACG	TTTCAGTTTGCGTTAAGCTTTG	B3-B2
227	GWM 302	'CGTACTCCACTCCACACGG	CGGTCCAAGTGCTACCTTTC	B7
228	GWM 304	CCTCTTCTCCCTCACTTAGC	'TGCTAACTGGCCTTTGCC	A2-A5
229	GWM 311	CAAGGAAATAGGCGTAACT	ATTGAGTCTGAAGTTTGCA '	A2
230	GWM 319	GGCTTCCAGAAAACAACAGG	ATCGGTGCGTACCATCCTAC	B2
231	GWM 325	TATGGTCAAAGTTGGACCTCG	AGGCTGCAGCTCTTCTTCAG	D6
232	GWM 332	AAACAGCGGATTTTCATCGAG	TCCGCTGTTGTTCTGATCTC	A7
233	GWM 333	CCATTTACCTAATGCCTGC	AATAAAACCATGAGCTCACTTGC	B7
234	GWM 335	CTGCAGGCCATGATGATG	ACCGTGGGTGTTGTGAGC	B5
235	GWM 337	GACCAAGATATTCAAACCTGGCC	AGCTCAGCTTGCTTGGTACC	B1-D1
236	GWM 344	ATAGTGTGTTGCATGCTGTGTG	TCTAATTAGCGTTGGCTGCC	B7
237	GWM 349	GTCAGATAACGCCGTCCAAT	CTACGTGCACCACCATTTTG	D2
238	GWM 357	CTACAATTCGAAGGAGAGGGG	CACCGCGTCAACTACTTAAGC	A1
239	GWM 358	ATCATGTCGATCTCCTTGACG	TGCCATGCACATTAGCAGAT	D5
240	GWM 368	TGTCATGGATTATTTGGTCCG	CTGCACTCTCGGTATACCAGC	B4
241	GWM 369	GTGCTGCCACCACTTGC	TGTAGGCACTGCTTGGGAG	A3
242	GWM 371	TCGATTATTTGGGCCACTG	GTATAATTCGTTACAGCACGC	B5
243	GWM 374	GCTTGAGACCGGCACAGT	CGAGACCTTGAGGGTCTAGA	B2-B1
244	GWM 191	AGACTGTTGTTTGCGGGC	TAGCACGACAGTTGTATGCATG	B2-B6
245	GWM 192	GGTTTTCTTTTCAGATTGCGC	CGTGTCTAATCTTGCCTTGC	D5
246	GWM 194	GATCTGCTCTACTCTCTCC	CGACGCAGAACTTAAACAAG	D4
247	GWM212	AAGCAACATTTGCTGCAATG	TGCAGTTAACTTGTGAAAGGA	D5
248	GWM 13	TGCCTGGCTCGTTCTATCTC	CTAGCTTAGCACTGTGCCCC	B5
249	GWM219	GATGAGCGACACCTAGCCTC 3'	GGGGTCCGAGTCCACAAC	B6
250	WMS 2	CTGCAAGCCTGTGATCAACT	CATTCTCAAATGATCGAACA	A3-D3
251	WMS 5	GCCAGCTACCTCGATACAACCTC	AGAAAGGGCCAGGCTAGTAGT	A3
252	WMS 6	CGTATCACCTCCTAGCTAACTAG	AGCCTTATCATGACCTACCTT	A5-B4-
253	WMS 10	CGCACCATCTGTATCATTTCTG	TGGTCGTACCAAAGTATACGG	A2-B2
254	WMS 16	GCTTGACTAGCTAGAGTATCATA	CAATCTTCAATTCTGTGCGACGG	B2-D5
255	WMS 24	CACACAAGGCACCATTGC	CAATGGACATAGTTGTGTGCG	D2-B1
256	WMS 30	ATCTTAGCATAGAAGGGAGTGGG	TTCTGCACCCTGGGTGAT	A2,A4
257	WMS 32	TATGCCGAATTTGTGGACAA	TGCTTGGTCTTGAGCATCAC	A3
258	WMS 33	GGAGTCACACTTGTTTGTGCA	CACTGCACACCTAACTACCTGC	A1-B1
259	WMS 37	ACTTCATTGTTGATCTTGCATG	CGACGAATTCAGCTAAAC	D7- D2
260	WMS 43	CACCGACGGTTTCCCTAGAGT	GGTGAGTGCAAATGTCATGTG	B7-A4
261	WMS 44	GTTGAGCTTTTCAGTTCCGGC	ACTGGCATCCACTGAGCTG	D7-A4
262	WMS 46	GCACGTGAATGGATTGGAC	TGACCCAATAGTGGTGGTCA	B7
263	WMS 47	TTGCTACCATGCATGACCAT'	TTCACCTCGATTGAGGTCTT	B2-A2
264	WMS 52	CTATGAGGCGGAGGTTGAAG	TGCGGTGCTCTTCCATTT	D3
265	WMS 55	GCATCTGGTACACTAGCTGCC	TCATGGATGCATCACATCCT	B2-D6
266	WMS 58	TCTGATCCCGTGAGTGTAACA	GAAAAAATTGCATATGAGCCC	B6
267	WMS 63	TCGACCTGATCGCCCCTA	CGCCCTGGGTGATGAATAGT	A7
268	WMS 67	ACCACACAAACAAGGTAAGCG	CAACCCTCTTAATTTTGTGGG	A3-B5
269	WMS 72	TGGTCCCTCTCCCTTTCTCT	ACAGAATTGAAGATTGTCGGTC	B3
270	WMS 77	ACAAAGGTAAGCAGCACCTG	ACCCCTTGCCCCGTGTTG	B3

Çizelge 3.8. (devam)

271	WMS 88	CACTACAACATATGCGCTCGC	TCCATTGGCTTCTCTCTCAA	B6
272	WMS 95	GATCAAACACACACCCCTCC	AATGCAAAGTGAAAAACCCG	A2
273	WMS 99	AAGATGGACGTATGCATCACA	GCCATATTTGATGACGCATA	A1
274	WMS 102	TCTCCCATCCAACGCCTC	TGT TGG TGG CTT GAC TAT TG	D2
275	WMS 106	CTGTCTTGCGTGGCATTAA	AATAAGGACACAATTGGGATGG	D1
276	WMS 107	ATTAATACCTGAGGGAGGTGC	GGTCTCAGGAGCAAGAACAC	B4-B3-B6
277	WMS 108	CGACAATGGGGTCTTAGCAT	TGCACACTTAAATTACATCCGC	B3-B2
278	WMS 111	TCTGTAGGCTCTCTCCGACTG	ACCTGATCAGATCCCACTCG	D7-A4-B7-
279	WMS 113	ATTCGAGGTTAGGAGGAAGAGG	GAGGGTCGGCCTATAAGACC	B4
280	WMS 114	ACAAACAGAAAATCAAAACCCG	ATCCATCGCCATTGGAGTG 3'	B3-D3
281	WMS 118	GATGTTGCCACTTGAGCATG	GATTAGTCAAATGGAACACCCC	A4-B5
282	WMS 120	GATCCACCTTCCTCTCTCTC	GATTATACTGGTGCCGAAAC	B2
283	WMS 121	TCCTCTACAAACAAACACAC	CTCGCAACTAGAGGTGTATG	D5-D7
284	WMS 122	-	-	-
285	WMS 124	GCCATGGCTATCACCCAG	ACTGTTCCGGTGCAATTTGAG	B1
286	WMS 126	CACACGCTCCACCATGAC	GTTGAGTTGATGCGGGAGG	A5
287	WMS 129	TCAGTGGGCAAGCTACACAG	AAACTTAGTAGCCGCGT	B2-A5
288	WMS 140	ATGGAGATATTTGGCCTACAAC	CTTGACTTCAAGGCGTGACA	B1
289	WMS 148	GTGAGGCAGCAAGAGAGAAA	CAAAGCTTGACTCAGACCAAAA	B2
290	WMS 149	CATTGTTTTCTGCCTCTAGCC	CTAGCATCGAACCTGAACAAG	B4
291	WMS 155	CAATCATTTCCTCCCTCCC	AATCATTGGAATCCATATGCC	A3
292	WMS 174	GGGTTCTATCTGGTAAATCCC	GACACACATGTTCTGCCAC	D5
293	WMS 181	TCATTGGTAATGAGGAGAGA	GAACCATTCATGTGCATGTC	B3
294	WMS 186	GCAGAGCCTGGTTCAAAAAG	CGCCTCTAGCGAGAGCTATG	A5
295	WMS 189	AGGAGCAGCGGAACGAAC	AGAAATACGGAAACCCACCC	B2
296	WMS 190	GTGCTTGCTGAGCTATGAGTC	GTGCCACGTGGTACCTTTG	D5
297	WMS 200	TCAACGGAACAGATGAGCG	GACCTGATGAGAGCAAGCAC	-
298	WMS 210	TGCATCAAGAATAGTGTGGAAG	TGAGAGGAAGGCTCACACCT	-
299	WMS 388	GCGATGCTTTTGCCCTGTTCAG	GCGGCCCTTTGACTCTTCATAG	-
300	BARC 1	TTCCCTGTGTCTTTCTAATTTTTT	GCGAACTCCCGAACATTTTTAT	A5
301	BARC 3	CGCCTCTTATGGACCAGCCTAT	GCGGTGAGCCATCGGGTTACAAA	A6
302	BARC 8	-	-	1B
303	BARC 24	CAGCGCTCCCGACTCAGATCCTT	GCGCCATGTTTCTTTTATTACTACT	B6
304	BARC 37	GCCGCCTACCACAGAGTTGCAGC	GCGGCATTGACAAGACCATAGC	A6
305	BARC 40	CCCAGATGCAATGAAACCACAAT	GCGTAGAACTGAAGCGTAAAAATT	A5
306	BARC 45	GCGAGCTGCAGAGGTCCATC	GCGTTAGTCTTCTTGGTCAATCAC	A3
307	BARC 48	GCGAACAGGAG	GCGCTTTCCACGTTCCATGTTTC	A6-B6-
308	BARC 54	GCGTTGGCTAATCATCGTTCCTTC	AGCACCTACCCAGCGTCAGTCAA	D6-A3
309	BARC 59	GCG GAG TCT GCA AT	GCA TCC ACC TCC GCA GTC AGT	B5-D2
310	BARC 64	CGCGATCGATCTCCCGTTTGCT	GGGAAGAGGACCAAGGCCACTA	A7
311	BARC 66	GCGGCATTTACATTTAGATAGA	TGTGCTGATTGTAGTAACGTATGT	D1-B2-D7
312	BARC 67	GCGAAAAACGATGCGACTCAAAG	GCGCCATATAATTCAGACCCACAAA	A3
313	BARC 70	GCGTGTCGTGCTTGTCTCGGTTT	CGCTATTTGCCGCCACCTCCATCA	A4-A7-D7
314	BARC 73	AGGGTTACAGTTTGCTCTTTTAC	CCCGACGACCTATCTATACTTCTCT	B3
315	BARC 75	GCGTATTCTCCCTCGTTTCCAAGT	GTGGGAATTTCTGGGAGTCTGTA	B3
316	BARC 77	5' CTCCCCGGTCAAGTTAATCTCT	GCGACATGGGAATTTGAGAAGTGCC	B3
317	BARC 78	GCGAATTAGCATCTGCATCTGTTT	CGGTCAACCACTACTGCACAAC	A4
318	BARC 80	GCTCACCGGCATTGGGATCA	GCGATGACGAGATAAAGGTGGAG	B1
319	BARC 87	AGGCCTAGAGACTCAAAGCTG	GCGCTCTTCATCAACACATTCCTC	B3-D7
320	BARC 88	GGGCGCGGCACCAGCACTACC	GGGCGCGGCACCAGCACTACC 3'	B5
321	BARC 89	GCGGTTGTGATGTGCTGAAAGAT	GCGTGGGCTGTTTCTCTCTTTGTT	B5

Çizelge 3.8. (devam)

322	BARC 92	CGAAGAGACCATTTGTATTGAGAA	GCGCATCATAGAGGGGTTGTTCAT	B3-A5
323	BARC 94	GGGGTGTGGTTGTTTGTAAAGG	TGCGAATTCTATATACGATCTTGA	B7-A5
324	BARC 95	GGGGTGTGGTTGTTTGTAAAGG	TGCGAATTCTATATACGATCTTGA	B7-D2
325	BARC 100	CCGTTAAGCCGCCTACCACAGAG	GGCTTAAAACGGATCCTCCAGGT	A5-A2
326	BARC 113	TCATGCGTGCTAAGTGCTAA	GAGGGCAGGAAAAAGTGACT	A6-A3
327	BARC 117	TCATGCGTGCTAAGTGCTAA	GAGGGCAGGAAAAAGTGACT	A5
328	BARC 128	GCGGGTAGCATTTTATGTTGA	CAAACCAGGCAAGAGTCTGA	B1-B2
329	BARC 130	CGGCTAGTAGTTGGAGTGTTGG	ACCGCTCTAGTTATTGCTCTC	D5
330	BARC 134	CCGTGCTGCAAATGAACAC	AGTTGCCGGTTCCCATTTGTCA	B6
331	BARC 135	ATC GCC ATC TCC TCT ACC A	GCG AAC CCA TGT GCT AAG T	A5
332	BARC 140	CGCCAACACCTACCATT	TTCTCCGCACTCACAAAC	B1-B2
333	BARC 141	GGCCCATGGATAATTTTGAAATG	CAATTCGGCCAAAGAAGAAGTCA	D5
334	BARC 151	TGAGGAAAATGTCTCTATAGCATC	CGCATAAACACCTTCGCTCTTCCA	D3
335	BARC 152	CTTCCTAAAATCGGGCAACCGCTTGTG	GCGTAATGATGGGAGTGGCTATAGGCAGTT	B5-D5-B2
336	BARC 165	GCGTAGAGCGGCTGTAGTGCAAAAT	GCGTTATCTCAAGTTTGTAGCAG	A5
337	BARC 169	CCGCGAACCATACAAAGGAAAC	GCTATAGAGGCGCCTTGGAGTAC	A5-A7
338	BARC 170	CGCTTGACTTTGAATGGCTGAACA	CGCCCACTTTTACCTAATCCTTTT	B1- D1
339	BARC 175	GCGTAACAGAAGCGGAGAAAGC	GCGAATCATTTAGTGTTAGGTGGC	A5-A6
340	BARC 178	GCGTATTAGCAAAACAGAAGTGA	GCGACTAGTACGAACACCACAAA	D1 - B6
341	BARC 180	GCGATGCTTGTGTTTACTTCTC	GCGATGGAACCTCTTTTTGCTCTA	A4
342	BARC 135	ATC GCC ATC TCC TCT ACC A	GCG AAC CCA TGT GCT AAG T	D6
343	BARC 140	CGCCAACACCTACCATT	TTCTCCGCACTCACAAAC	B6
344	BARC 141	GGCCCATGGATAATTTTGAAATG	CAATTCGGCCAAAGAAGAAGTCA	A5-B3-
345	BARC 151	TGAGGAAAATGTCTCTATAGCATC	CGCATAAACACCTTCGCTCTTCCA	A5-A7
346	BARC 152	CTTCCTAAAATCGGGCAACCGCTTGT	GCGTAATGATGGGAGTGGCTATA	B1- D1
347	BARC 165	GCGTAGAGCGGCTGTAGTGCA	GCGTTATCTCAAGTTTGTAGCAG	A5-A6
348	BARC 169	TGAGGAAAATGTCTCTATAGCATC	CGCATAAACACCTTCGCTCTTCCA	A5-A7
349	BARC 170	CGCTTGACTTTGAATGGCTGAACA	CGCCCACTTTTACCTAATCCTTTT	A4
350	BARC 175	GCGTAACAGAAGCGGAGAAAGC	GCGAATCATTTAGTGTTAGGTGGC	D6
351	BARC 178	GCGTATTAGCAAAACAGAAGTGA	GCGACTAGTACGAACACCACAAA	B6
352	BARC 180	GCGATGCTTGTGTTTACTTCTC	GCGATGGAACCTCTTTTTGCTCTA	A5-B3
353	BARC 186	GGAGTGTGAGATGATGTGGAAA	GCAGACGTCAGCAGCTCGAGAG	A5
354	BARC 197	GCGATGGTCAGTTTCTTTTAATC	GCGCTCTCCTTCATTTATGGTTTG	A3-A5
355	BARC 204	CGCAGAAGAAAAACCTCGCAGAAAA	CGCAGTGTATCCAAATGGGCAAG	A6 - D6
356	BARC 205	GCGACAGTTGTAGCGGCAGTAGC	GAGCGTAGTAGAAGCAGAAGGAG	D5
357	BARC 206	GCTTTGCCAGGTGAGCACTCT	TGGCCGGGTATTTGAGTTGGAGTT	A4-B3
358	BARC 230	CCC CTC CTC CTT CTC CCT CCT CCT	GGC TCA TGC GGG CGT GTT TGG	A5-B2
359	BARC 240	AGAGGACGCTGAGAACTTTAGAGAA	GCGATCTTTGTAATGCATGGTGAA	A1-B1
360	BARC 255	GTGGCGGCTTGCGGGTGGCTGAGTA	GGGTCGGCTAGCCTTCTTTTATGT	B7
361	BARC 286	GCG AAG AAA ACA TTA GAC CAA	GCG ATA TGT TTC CCG ACA ACT	D5
362	BARC 303	GCG AGC TAT GAT CTG ATG AGG AG	GCG TGT CCT ACT AAT CCA ACT	A5
363	BARC 308	GCG ATC TTG CGT GTG CGT AGG A	GCG TGG GAT GCA AGT GAA CAA	D4-B5
364	BARC 315	CAT CCA GGC GGG CGC ACG AGA	CAA GCC TCC GTG CAC ACC GTA	A4-B7
365	BARC 319	GCA GAG CTA CGG CAA TGT	GCG TAA GTC CCG GAA GTA ACA	A5
366	BARC 320	CGT CTT CAT CAA ATC CGA ACT G	AAA ATC TAT GCG CAG GAG AAA	D5
367	BARC 330	GCA CTA AGC GCT CTT TAT TTA C	CCT GCA TCT GGT ATG GAG A	A5
368	BARC 347	GCG CAC CTC TCC TCA CCT TCT	GCG AAC ATG GAA ATG AAA ACT	D5
369	BARC 352	CCC TTT CTC GCT CGC CTA TCC C	CTG TTT CGC CCA ATC TCG GTG	D7
370	BARC 215	CAC TGA CCT GGT AGC TTG CTC TTT	AGC CAT AGT CTT GAT CTT CGT	A3-B7
371	BARC 216	CGCAGAAGAAAAACCTCGCAGAAAA	CGCAGTGTATCCAAATGGGCAAG	A6 - D6
372	BARC 186	GCGACAGTTGTAGCGGCAGTAGC	GAGCGTAGTAGAAGCAGAAGGAG	D5

Çizelge 3.8. (devam)

373	BARC 197	GCTTTGCCAGGTGAGCACTCT	TGGCCGGGTATTTGAGTTGGAGTT	A4-B3-
374	BARC 204	CCC CTC CTC CTT CTC CCT CCT	CGCAGTGTATCCAC	A5-B2
375	BARC 205	AGAGGACGCTGAGAACTTTAGAG	GCGATCTTTGTAATGCATGGTGAA	A1-B1
376	BARC 206	GTGGCGGCTTGCGGGTGGCTGAG	GGGTCGGCTAGCCTTCTTTTATGT	B7
377	BARC 230	GCG AAG AAA ACA TTA GAC CAA	GCG ATA TGT TTC CCG ACA ACT	D5
378	BARC 240	GCG AGC TAT GAT CTG ATG AGG	GCG TGT CCT ACT AAT CCA ACT	A5
379	BARC 255	GCG ATC TTG CGT GTG CGT AGG	GCG TGG GAT GCA AGT GAA CAA	D4-B5
380	BARC 286	CAT CCA GGC GGG CGC ACG AGA	CAA GCC TCC GTG CAC ACC GTA	A4-B7
381	BARC 303	GCA GAG CTA CGG CAA TGT	'GCG TAA GTC CCG GAA GTA	A5
382	BARC 308	CGT CTT CAT CAA ATC CGA ACT	AAA ATC TAT GCG CAG GAG AAA	D5
383	BARC 315	GCA CTA AGC GCT CTT TAT TTA	CCT GCA TCT GGT ATG GAG A	A5
384	BARC 319	GCG CAC CTC TCC TCA CCT TCT	GCG AAC ATG GAA ATG AAA ACT	D5
385	BARC 320	CCC TTT CTC GCT CGC CTA TCC C	CTG TTT CGC CCA ATC TCG GTG	D7
386	BARC 330	CAC TGA CCT GGT AGC TTG CTC TTT	AGC CAT AGT CTT GAT CTT CGT	A3-B7
387	BARC 347	CGCAGAAGAAAAACCTCGCAGAAAA	CGCAGTGTATCCAAATGGGCAAG	A6 - D6
388	BARC 352	GCGACAGTTGTAGCGGCAGTAGC	GAGCGTAGTAGAAGCAGAAAGGAG	D5
389	BARC 215	GCTTTGCCAGGTGAGCACTCT	TGGCCGGGTATTTGAGTTGGAGTT	A4-B3
390	BARC 216	CCC CTC CTC CTT CTC CCT CCT CCT	GGC TCA TGC GGG CGT GTT	A5-B2
400	CFA 2163	TTGATCCTTGATGGGAGGAG	CATCATGTGTGTACGTTCTTTC	A5
401	CFA 2174	'ACGGCATCACAGGTTAAAGG	GGTCTTTGCACTGCTAGCCT	A7,B7
402	CFA 2185	TTCTTCAGTTGTTTTGGGGG	TTTGGTCGACAAGCAAATCA	A5
403	CFA 2187	TAGCAAAGGGTGCATGTGAG	GCATGTTACGTCGCTGTTGT	A5,D1
404	CFA 2190	CAGTCTGCAATCCACTTTGC	AAAAGGAACTAAAGCGATG	A5
405	CFA 2234	AATCTGACCGAACAAAATCAC	TCGGAGAGTATTAGAACAGTG	A3
406	CFA 2240	TGCAGCATGCATTTTAGCTT	TGCCGCACTTATTGTTCAC	A7
407	WMS 2	CTGCAAGCCTGTGATCAACT	CATTCTCAAATGATCGAACA	A3-D3
408	WMS 5	GCCAGCTACCTCGATACAACCTC	AGAAAGGGCCAGGCTAGTAGT	A3
409	WMS 6	CGTATCACCTCCTAGCTAAACTAG	AGCCTTATCATGACCCTACCTT	A5-B4
410	WMS 10	CGCACCATCTGTATCATTCTG	TGGTCGTACCAAAGTATACGG	A2-B2
411	WMS 16	GCTTGGACTAGCTAGAGTATCATA	CAATCTTCAATTCTGTGCGACGG	B2-D5
412	WMS 24	CACACAAGGCACCATTGC	CAATGGACATAGTTGTGTGCG	D2-B1
413	WMS 30	ATCTTAGCATAGAAGGGAGTGGG	TTCTGCACCCTGGGTGAT	A2- A4
414	WMS 32	TATGCCGAATTGTGGACAA	TGCTTGGTCTTGAGCATCAC	A3
415	WMS 33	GGAGTCACACTTGTGTTGTGCA	CACTGCACACCTAACTACCTGC	A1-B1
416	WMS 37	ACTTCATTGTTGATCTTGCATG	CGACGAATTCCCAGCTAAAC	D7- D2
417	WMS 43	CACCGACGGTTTCCCTAGAGT	GGTGAGTGCAAATGTCATGTG	B7-A4
418	WMS 44	GTTGAGCTTTTCAGTTCGGC	ACTGGCATCCACTGAGCTG	D7-A4
419	WMS 46	GCACGTGAATGGATTGGAC	TGACCCAATAGTGGTGGTCA	B7
420	WMS 47	TTGCTACCATGCATGACCAT	TTACCTCGATTGAGGTCCT	B2-A2
421	WMS 52	CTATGAGGCGGAGGTTGAAG	TGCGGTGCTCTTCCATT	D3
422	WMS 55	GCATCTGGTACACTAGCTGCC	TCATGGATGCATCACATCCT	B2-D6
423	WMS 58	TCTGATCCCGTGAGTGTAACA	GAAAAAAATTGCATATGAGCCC	B6
424	WMS 63	TCGACCTGATCGCCCTA	CGCCCTGGGTGATGAATAGT	A7
425	WMS 67	ACCACACAAACAAGGTAAGCG	CAACCCCTTAAATTTGTGGG	A3-B5

4. ARAŞTIRMA BULGULARI

4.1. Tarımsal Özelliklerin Değerlendirilmesi

Tarla denemeleri, tam şansa bağlı deneme desenine göre iki tekrarlı olarak iki yetiştirme yılında yürütülmüştür. Denemede, Norstar ve Zagros ebeveynleri ve F₁₂ kademesinde 180 adet rekombinant kendilenmiş (RK) hat kullanılmıştır. Tarla denemelerinden elde edilen tarımsal özelliklere ait verilerin dağılımı Şekil 4.1’de sunulmuştur. Tarımsal özelliklerin değerlendirilmesi amacıyla alınan verilerin normal bir dağılım gösterip göstermedikleri *Kolmogorov-Smirnov* yöntemi ile test edilmiştir. Bu test sonucuna göre normal dağılım göstermeyen özellikler için farklı transformasyon metotları uygulanmıştır. Bu test sonucuna göre normal dağılım gösteren veya transformasyon sonrasında normal dağılım gösteren özelliklerde varyans analizi yapılmıştır. Transformasyon sonucunda halen normal dağılım göstermeyen özellikler için parametrik olmayan analizler kullanılmıştır. Parametrik olmayan analiz yöntemlerinden Kruskal-Wallis metodu uygulanmıştır. Transformasyon sonrasında 4 adet tarımsal özellik; çiçeklenmeden 25 gün sonra yaprak klorofil içeriği (YKİ³), çiçeklenme süresi (ÇİS), başaklanma süresi (BS) ve fizyolojik olum süresi (FOS) normal dağılım göstermemişlerdir. Bu dört özellik için genotipler arasındaki farkın önemli olup olmadığının belirlenmesinde *Kruskal-Wallis* metodu kullanılmıştır. Geri kalan özellikler varyans analizine tabi tutulmuştur.

Yıllara göre yapılan varyans analizi sonuçları Çizelge 4.1, 4.2 ve birleştirilmiş yıllar olarak Çizelge 4.3’te gösterilmiştir. 2013-2014 ve 2014-2015 yetiştirme yıllarına göre varyans analiz sonuçları değerlendirildiğinde RK hatlar arasında yaprak klorofil içeriği¹ (YKİ¹), yaprak klorofil içeriği² (YKİ²), bitki boyu (BİB), başakta başakçık sayısı (BABS), başak uzunluğu (BAU), bin tane ağırlığı (BA), kıştan sora canlı bitki sayısı (CBS) ve başakta tane sayısı (BTS) yönünden önemli farklılıklar tespit edilmiştir (Çizelge 4.1 ve 4.2). Her iki yetiştirme yılının beraber değerlendirilmesinde ise hem yıllar arasında hem de hatlar arasında önemli farklılıkların bulunduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.3).

Normal dağılım göstermeyen özellikler için *Kruskal-Wallis* analizi sonuçları yıllara göre Çizelge 4.4, 4.5 ve 4.6'da sunulmuştur. Parametrik olmayan analiz sonucuna göre ilk yetiştirme yılında YKİ³, FOS ve ÇİS karakterleri açısından genotipler arasında önemli düzeyde farklılık olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.4). Parametrik olmayan analiz sonuçlarına göre ikinci yılda birinci yıl ile aynı sonuçlar elde edilmiştir (Çizelge 4.5). Birleştirilmiş yıllar için yapılan parametrik olmayan analiz sonuçlarına göre aynı özellikler açısından RK hatlar arasında çok önemli farklılık olduğu saptanmıştır. İncelenen özellikler açısından hatlar arasında önemli farklılıkların bulunması RK hatlardan oluşan haritalama popülasyonu içerisinde yeteri düzeyde varyasyonun olduğunu göstermektedir.

Çalışmamızda incelenen karakterlerin genotiplere bağlı olarak çeşitlilik gösterdiği tespit edilmiştir. Benzer şekilde, Karaman vd (2014) 10 adet ekmeklik buğday genotipleri üzerinde fizyolojik özellikler ile tane verimi arasındaki ilişkileri araştırdıkları çalışmada başaklanma ve çiçeklenme dönemi yaprak klorofil içeriği ve fizyolojik olum süresi ile ilgili genotipler arasında önemli farklılıklar olduğunu bildirmişlerdir. Bununla beraber, Dönmez vd. (2008) tarafından yapılan çalışmada, klorofil içeriğinin çevresel şartlardan etkilendiğini ve genellikle besin maddelerinin eksikliğinden dolayı bitkide renk açılması veya sararma şeklinde ortaya çıktığını belirtmişlerdir. Yıldırım vd. (2009) tarafından yapılan çalışmada klorofil miktarının makarnalık buğday ıslahında kullanılabilirliğini incelemiş olup, başaklanma döneminde klorofil miktarı ile ilgili genotipler arasında önemli farklılıklar bulunduğu tespit edilmiş bulgular bu yönüyle bizim çalışmamız ile benzerlik göstermiştir. Kara vd. (2007) farklı tane iriliği ve ekim derinliklerin buğdayın fide gelişimi üzerine etkilerini belirlemek üzere yaptıkları araştırmada incelenen buğday çeşitlerinde çıkış oranı bakımından çeşitler arasındaki önemli farklılıkların bulunduğunu bildirmişlerdir.

Çizelge 4.1. 2013-2014 yetiştirme yılında incelenen tarımsal özelliklere ait kareler ortalaması

	SD	YKİ ¹	YKİ ²	BİB	BABS	BAU	BA	CBS	BTS
Blok	1	41,50**	4,20	6,83	1,06	0,029	0,016	689,60**	177,00**
Genotip	181	56,84**	128,00**	698,60**	8,52**	3,74**	0,32**	307,9**	19,02**
Hata	181	6,62	17,48	7,45	0,40	0,20	0,031	87,58	13,12
%VKS		7,38	16,76	2,30	4,05	5,44	4,34	41,10	9,92

SD: Serbestlik derecesi, VK: Varyasyon katsayısı, ** 0.01 düzeyinde önemli

Çizelge 4.2. 2014-2015 yetiştirme yılında incelenen tarımsal özelliklere ait kareler ortalaması

	SD	YKİ ¹	YKİ ²	BİB	BABS	BAU	BA	CBS	BTS
Blok	1	0,75	0,987	0,05	0,87	91,92	77,20	13,52**	57,84
Genotip	181	52,15**	104,80**	237,20**	6,63**	79,80**	93,86*	263,70**	13,74**
Hata	181	4,54	6,44	3,69	0,62	78,95	94,13	99,16	13,74
%VKS		6,07	10,66	2,30	5,04	11,47	28,2	3,43	12,22

SD: Serbestlik derecesi, VK: Varyasyon katsayısı, ** 0.01 düzeyinde önemli, * 0.05 düzeyinde önemli

YKİ¹: Yaprak klorofil içeriği¹, **YKİ²**: Yaprak klorofil içeriği², **BİB**: Bitki boyu, **BABS**: Başakta başakçık sayısı, **BAU**: Başak uzunluğu, **BA**: Bin tane ağırlık, **CBS**: Kıştan sora canlı bitki sayısı, **BTS**: Başakta tane sayısı

Çizelge 4.3. 2013-2014 ve 2014-2015 yetiştirme yılında incelenen tarımsal özelliklere ait kareler ortalaması

	SD	YKİ¹	YKİ²	BİB	BABS	BAU	BA	CBS	BTS
Yıl	1	11,60	225,40**	3835,35**	114,30**	168,36**	48,18**	332830,15**	864666,33**
Blok(Yıl)	2	21,03	2,91	3,418	1,06	0,25	0,44**	966,93 **	83,76**
Genotip	181	101,20**	199,00**	545,32**	11,83**	3,44**	0,55**	325,76 **	38,32**
Genotip x Yıl	181	7,81**	33,93**	390,57**	3,34**	2,32**	0,22**	246,17**	36,66**
Hata	362	5,57	11,98	5,56	0,53	0,16	0,015	91,98	13,08
%VKS		6,74	14,19	2,74	4,54	5.20	3.30	21.72	10.82

SD: Serbestlik derecesi, VK: Varyasyon katsayısı, ** 0.01 düzeyinde önemli, * 0.05 düzeyinde önemli,

YKİ¹: Yaprak klorofil içeriği¹, **YKİ²**: Yaprak klorofil içeriği², **BİB**: Bitki boyu, **BABS**: Başakta başakçık sayısı, **BAU**: Başak uzunluğu, **BA**: Bin tane ağırlık, **CBS**: Kıştan sora canlı bitki sayısı, **BTS**: Başakta tane sayısı

Çizelge 4.4. 2013-2014 yetiştirme yılında incelenen tarımsal özelliklere ait parametrik olmayan analiz sonuçları

	YKİ³	BS	ÇİS	FOS
Ki- kare	353,606**	322,920	341,707**	58,949**
SD	181	181	181	181
ÖD	0,000	1, 000	0,000	0,000

SD: Serbestlik derecesi, ÖD: Önem derecesi, ** 0.01 düzeyinde önemli

Çizelge 4.5. 2014-2015 yetiştirme yılında incelenen tarımsal özelliklere ait parametrik olmayan analiz sonuçları

	YKİ³	BS	ÇİS	FOS
Ki- kare	344,881**	211,583	320,359**	336,130**
SD	181	181	181	181
ÖD	0,000	1, 000	0,000	0,000

SD: Serbestlik derecesi, ÖD: Önem derecesi, ** 0.01 düzeyinde önemli

Çizelge 4.6. Birleştirilmiş yıllar YKİ³, BS, ÇİS ve FOS özellikleri için parametrik olmayan analiz sonuçları

	YKİ³	BS	ÇİS	FOS
Ki- kare	621,501**	100,482	548,327**	454,310**
SD	181	181	181	181
ÖD	0,000	1, 000	0,000	0,000

SD: Serbestlik derecesi, ÖD: Önem derecesi, ** 0.01 düzeyinde önemli

YKİ³: Yaprak klorofil içeriği³, **BS:** Başaklanma süresi **ÇİS:** Çiçeklenme süresi **FOS:** Fizyolojik olum süresi

Öztürk ve Korkut (2018) 15 buğday genotipinde abiyotik stres uygulamasının verim ve verim unsurlarına etkilerini araştırdıkları çalışmada karşılaştırılan agronomik karakterler içerisinde yer alan başakta başakçık sayısı, başakta tane sayısı ve başak uzunluğu yönünden genotipler arasında çok önemli farklılık olduğunu rapor etmişlerdir. Çağlar vd (2006), 25 ekmeklik buğday çeşidinin Erzurum koşullarına adaptasyonu üzerine yaptıkları araştırmada bitki boyu, başak sayısı, başaktaki tane sayısı yönünden çeşitler arasında önemli farkların olduğunu bildirmişlerdir. Tüm bu bilgiler, çalışmamızda elde ettiğimiz tarımsal özelliklerin genotipe bağlı olarak değiştiği sonucunu desteklemektedir. Ekmeklik buğday genotiplerinin verim ve fenolojik özelliklerinin tane doldurma dönemindeki kuraklık stresine tepkilerinin belirlenmesi üzerine yapılan bir

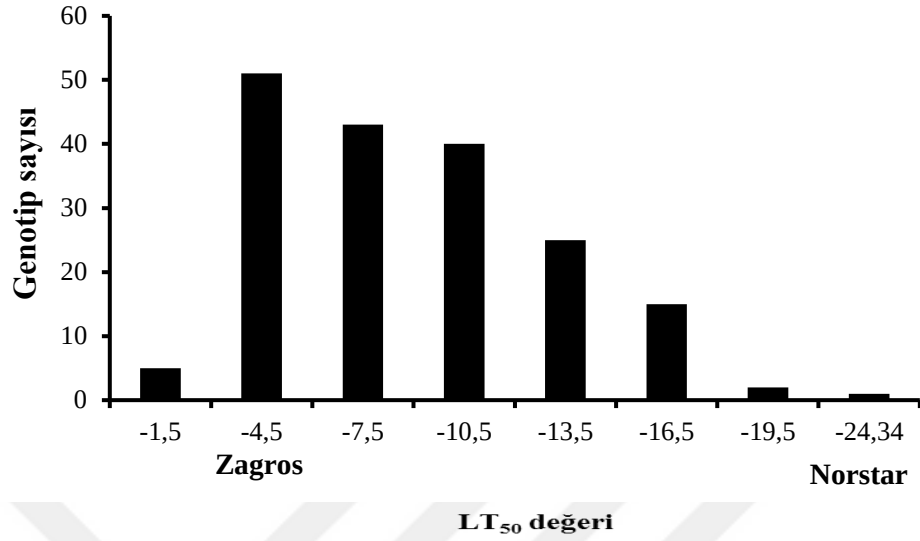
çalışmada (Ayrancı vd 2017), genotipler arasında başaklanma süresi, çiçeklenme süresi ve fizyolojik olum süresi yönünden önemli farklılıklar bulunduğu bildirilmiştir. Yazlık yerel ve ticari çeşitlerden oluşan 63 adet ekmeklik buğday genotipi üzerinde Murphy *et al.* (2008) tarafından yapılan bir çalışmada 1000 tane ağırlığı yönünden genotipler arasında çok önemli farklılıklar bulunduğu belirlenmiştir. Bu sonuçlar, bizim çalışmamızdan elde ettiğimiz sonuçları desteklemektedir. Bununla beraber, 1000 tane ağırlığın çevresel faktörlerden de oldukça etkilendiğine dair raporlar bulunmaktadır (Blue *et al.* 1990; Dokuyucu vd 2001).

Her bir incelenen karakter için genotip ortalamasının karşılaştırılması LSD testi kullanılarak %5'lik bir olasılık seviyesinde yapılmış ve sonuçlar her yıl için Ek 1, 2 ve 3 ile sunulmuştur.

Norstar ve Zagros melezrine ait 180 RK hat ve bunların ebeveynleri dondurma testine tabi tutulmuş ve genotiplerin LT₅₀ değerlerinin -3 °C ile -25 °C arasında değiştiği gözlenmiştir. Zagros ve Norstar ebeveynlerin LT₅₀ değerleri sırasıyla -4.5°C ve -24.34 °C olarak belirlenmiştir. Hatlara ait ortalama LT₅₀ değerleri Çizelge 4.7'de gösterilmiştir. İlgili çizelgeden görüleceği gibi, hatlara ait LT₅₀ değeri soğuğa hassas olan Zagros ebeveynine yakın bir dağılım göstermiştir (Şekil 4.1).

Çizelge 4.7. Rekombinant kendilenmiş hatlara ait ortalama LT₅₀ değerleri

LT ₅₀ değeri	-1,5	-4,5	-7,5	-10,5	-13,5	-16,5	-19,5	-24,34
Genotip sayısı	5	51	43	40	25	15	2	1



Şekil 4.1. Denemede kullanılan genotiplerin LT₅₀ değeri

Ele alınan popülasyonda yapılan dondurma testi sonucunda Norstar -24,34 °C LT₅₀ değeri ile soğuğa en dayanıklı çeşit olmuştur. Yapılan benzer bir çalışmada Norstar çeşidinde LT₅₀ değeri -22,31 °C olarak saptanmıştır (Norayin, 2007). Parody *et al.* (1983) ve Sutka (2001) yaptıkları çalışmalarında bitki materyaline ve çevre şartlarına bağlı olarak LT₅₀ değerinin farklı çıkabileceğini rapor etmişlerdir. Ayrıca Sofalian *et al.* (2008) ortalama LT₅₀ değerinin Norstar için -22,25±0,53 °C Zagros için ise -3,5±0,43 °C olarak belirlemişlerdir. Popülasyona ait (F_{2:3} hatlar) ortalama LT₅₀ sıcaklık dağılımının ise -1,5 ile -24,2 °C arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Fojita *et al.* (1992) 30 buğday çeşidini kullanarak yaptıkları çalışmada, LT₅₀ değerinin -3,8 °C ile -9,2 °C arasında olduğunu belirtmişlerdir. Tüm populasyon bireylerine ait LT₅₀ değeri Ek4'te sunulmuştur.

4.2. Tarımsal Özellikler Arasındaki İlişkilerin Belirlenmesi

Yapılan değerlendirmeler sonucunda populasyon içerisinde incelenen bazı özellikler arasında önemli ilişkiler olduğu tespit edilmiştir (Şekil 4.8). Bu ilişkiler korelasyon analizi ile doğrulanmış ve ilişkinin boyutu regresyon değerleri ile açıklanmıştır.

Çizelge 4.8. Denemede incelenen özellikler arasındaki ilişkilere ait korelasyon değerleri

	YKİ ¹	YKİ ²	YKİ ³	BİB	BABS	BAU	BS	BA	ÇİS	FOS	CBS	BTS	LT ₅₀
YKİ¹	1												
YKİ²	0,536**	1											
YKİ³	0,306**	0,520**	1										
BİB	0,105	0,024	0,007	1									
BABS	0,082	0,185	0,287**	0,008	1								
BAU	0,181*	0,346**	0,343**	0,210**	0,573**	1							
BS	0,114	0,331**	0,160*	0,068	0,092	0,165*	1						
BA	0,241**	0,150*	0,170*	0,033	-0,002	0,209**	-0,097	1					
ÇİS	0,105	0,313**	0,389**	0,133	0,265**	0,350**	0,157*	0,119	1				
FOS	0,354**	0,580**	0,675**	0,138	0,095	0,308**	0,256**	0,204**	0,375*	1			
CBS	-0,201**	0,069	0,029	-0,084	0,157*	0,088	-0,130	-0,223**	-0,014	-0,174*	1		
BTS	0,138	0,007	0,047	0,013	-0,108	0,010	-0,055	0,501**	0,057	0,123	-0,243**	1	
LT₅₀	0,039	0,016	0,002	0,012	0,111	0,079	0,154*	0,084	0,002	0,062	0,66	0,006	1

YKİ¹: Yaprak klorofil içeriği¹, YKİ²: Yaprak klorofil içeriği², YKİ³: Yaprak klorofil içeriği³, BİB: Bitki boyu, BABS: Başakta başakçık sayısı, BAU: Başak uzunluğu, BS: başaklanma süresi, BA: Bin tane ağırlık, ÇİS: Çiçeklenme süresi, FOS: Fizyolojik olum süresi, CBS: Kıştan sora canlı bitki sayısı, BTS: Başakta tane sayısı, LT₅₀: Düşük sıcaklık değeri

**, korelasyon %1 düzeyinde önemli

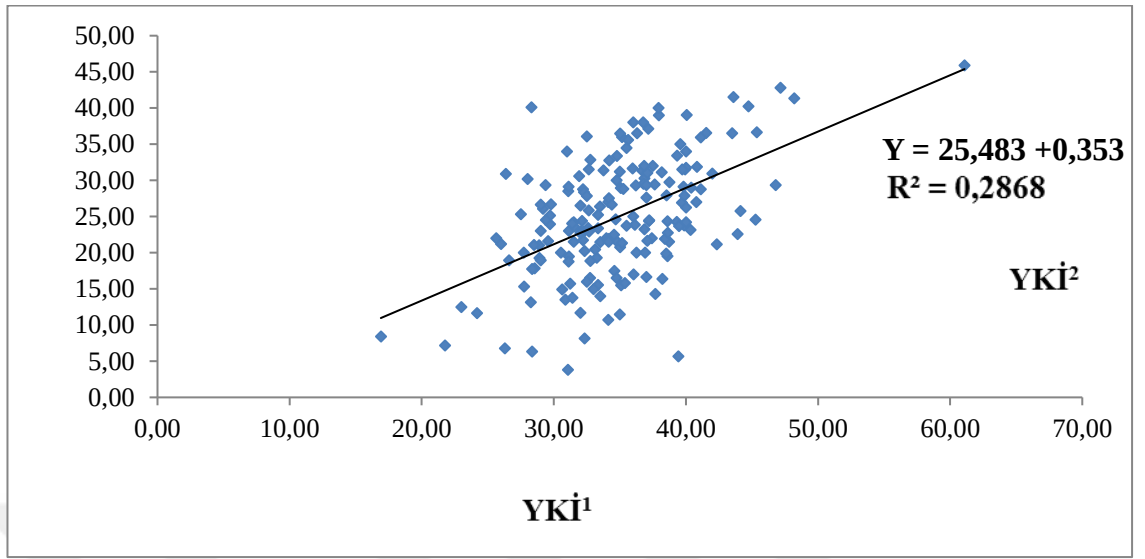
*, korelasyon %5 düzeyinde önemli

4.2.1. Yaprak klorofil içeriği¹

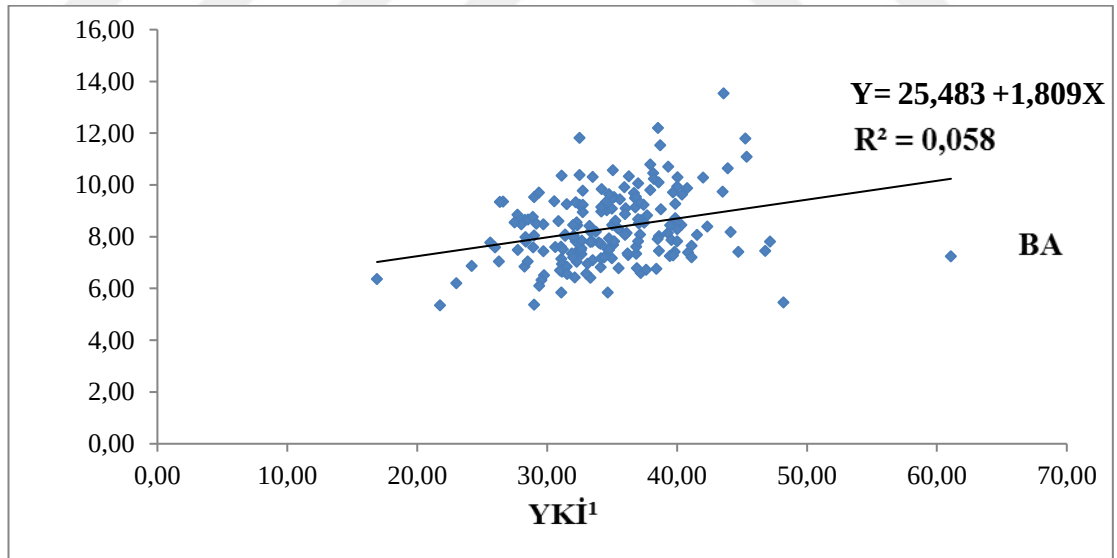
Yaprak klorofil içeriği¹ özelliği ile yaprak klorofil içeriği² (0,536**), yaprak klorofil içeriği³ (0,306**), başak uzunluğu (0,181*), bin tane ağırlığı (0,241**), fizyolojik olum süresi (0,354**) ve kıştan sonra canlı bitki sayısı (-0,201**) arasında doğrusal önemli bir ilişki bulunmuştur. İlişkinin boyutu doğrusal regresyon eşitliği $y = a + bx$ formulu ile belirlenmiştir. Ayrıca özellikler arasındaki ilişkiler ve regresyon denklemleri Şekil 4.2, 4.3 , 4.4 ve Çizelge 4.8, 4.9’da verilmiştir. Karaman vd. (2014) 10 adet ekmeklik buğday çeşidinde fizyolojik parametreler ile tane verimi arasındaki ilişkilerin belirlenmesi üzerine yaptıkları çalışmada, yaprağın klorofil içeriği ile başaklanma dönemindeki klorofil içeriği arasında pozitif ve önemli bir korelasyon olduğunu tespit edilmiştir. Ayrıca yaprağın klorofil içeriği özelliğinin çevre şartlarında bağlı olarak buğday ıslah programlarında seleksiyon kriteri olarakda kullanılabileceğini bildirilmişlerdir.

Çizelge 4.9. Yaprak klorofil içeriği¹ (YKİ¹) ile diğer tarımsal özelliklerin regresyon analizleri

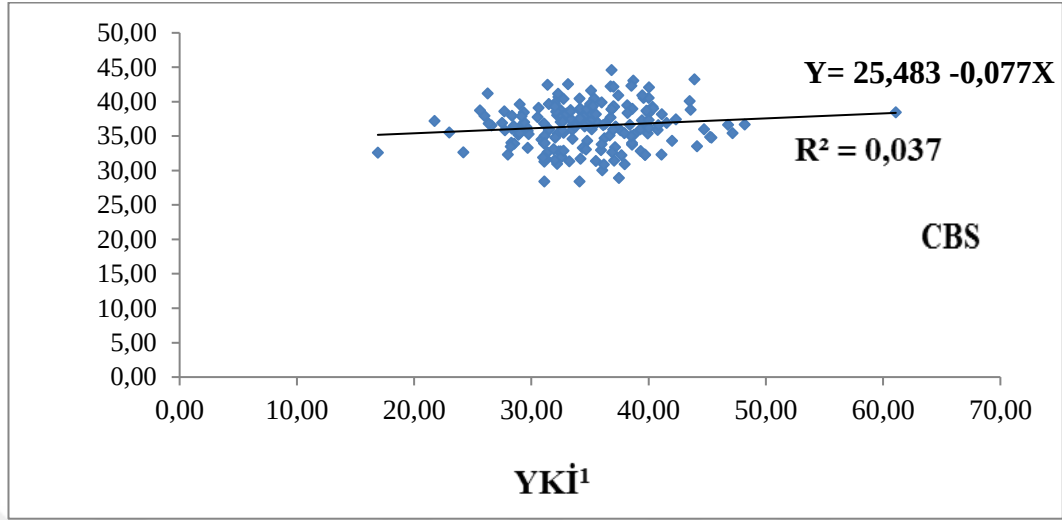
	t değeri	%P
YKİ²	6,260	0,000
YKİ³	0,457	0,648
BAU	-0,264	0,792
BA	2,042	0,043
FOS	-0,064	0,949
CBS	-2,074	0,04



Şekil 4.2. Yaprak klorofil içeriği¹ (YKİ¹) özelliği ile yaprak klorofil içeriği² (YKİ²) arasında ilişkiler



Şekil 4.3. Yaprak klorofil içeriği¹ (YKİ¹) özelliği ile bin tane Ağırlığı (BA) arasında ilişkiler



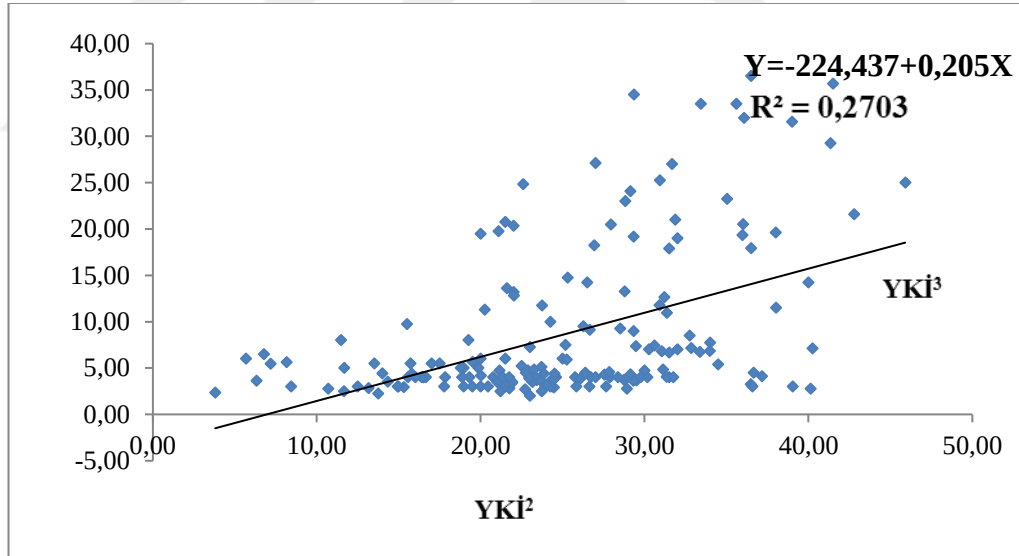
Şekil 4.4. Yaprak klorofil içeriği¹ (YKİ¹) özelliği ile kıştan sonra canlı bitki sayısı (CBS) arasında ilişkiler

4.2.2. Yaprak klorofil içeriği²

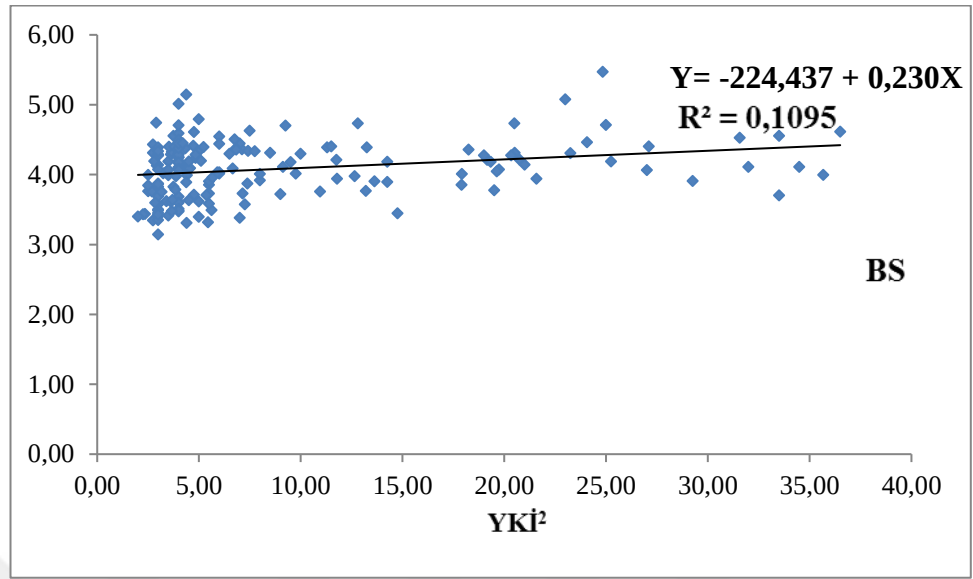
Yaprak klorofil içeriği² ile yaprak klorofil içeriği³ (0,520**), başakta başakçık sayısı (0,287**), başaklanma süresi (0,343**), bin tane ağırlığı (0,160*), başak uzunluğu (0,170*), fizyolojik olum süresi (0,389**) ve çiçeklenme süresi (0,675**) arasında pozitif ve çok önemli ilişkiler belirlenmiştir (Çizelge 4.8, 4.10). Benzer şekilde, Karaman vd. (2014) yaptıkları çalışmada çiçeklenme döneminde yaprağın klorofil içeriği ile başaklanma dönemindeki klorofil içeriği ve süt olum dönemindeki yaprağın klorofil içeriği arasında pozitif ve önemli bir korelasyon olduğunu rapor etmişlerdir. Yaprak klorofil içeriği² özelliği ile yaprak klorofil içeriği³, bin tane ağırlığı ve çiçeklenme süresine ait doğrusal regresyon denklemleri Şekil 4.5, 4.6 ve 4.7’de sunulmuştur. Sonuçlarımızı destekler şekilde, Özcan ve Barutcular (2018) yaprak klorofil içeriği ile başaktaki tane sayısı arasında (0,523*) pozitif ve önemli bir ilişki tespit etmişlerdir.

Çizelge 4.10. Yaprak klorofil içeriği² (YKİ²) ile diğer tarımsal özelliklerin regresyon analizleri

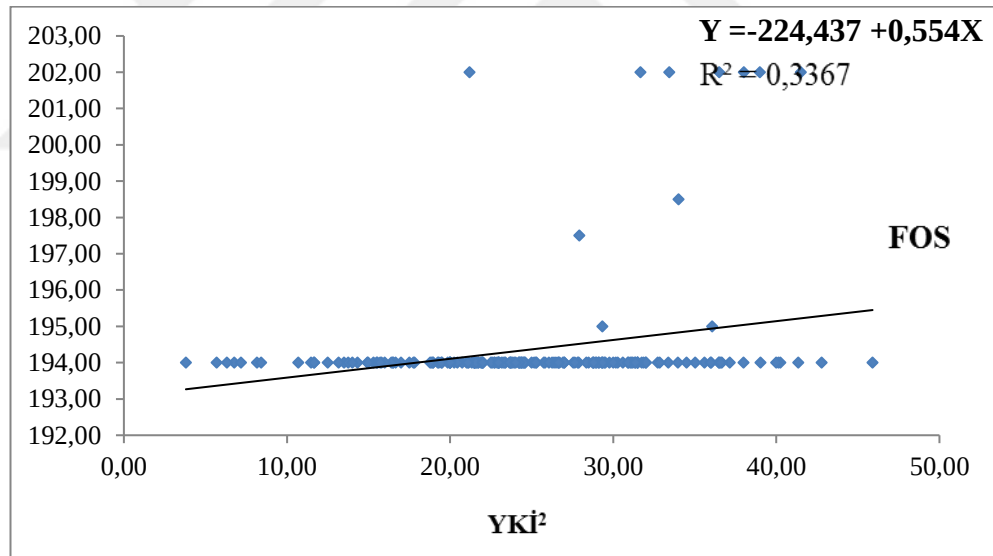
	t değeri	%P
YKİ³	-3,681	0,016
BABS	2,423	0,983
BAU	-0,021	0,109
BS	1,612	0,002
BA	3,119	0,561
ÇİS	0,583	0,646
FOS	0,460	0,000



Şekil 4.5. Yaprak klorofil içeriği² (YKİ²) özelliği ile yaprak klorofil içeriği³ (YKİ³) arasında ilişkiler



Şekil 4.6. Yaprak klorofil içeriği² (YKI²) özelliği ile başaklanma süresi (BS) arasındaki ilişki



Şekil 4.7. Yaprak klorofil içeriği² (YKI²) özelliği ile fizyolojik olum süresi(FOS) arasındaki ilişkiler

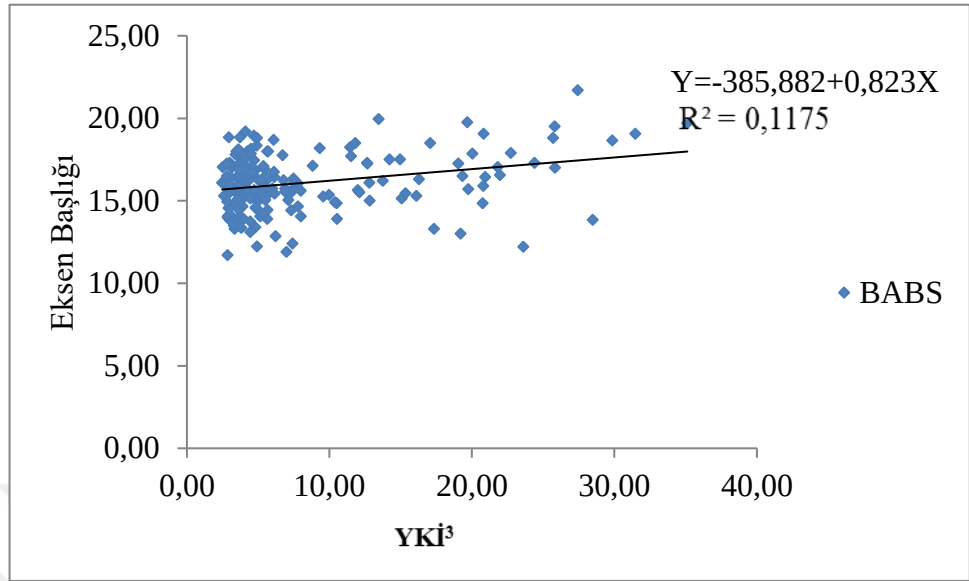
4.2.3. Yaprak klorofil içeriği³

Yaprak klorofil içeriği³ ile başakta başakçık sayısı arasında negative ve önemli (-0,287**), başak uzunluğu ile pozitif ve önemli (0,343**), başaklanma süresi ile pozitif ve önemli (0,160*), bin tane ağırlığı ile pozitif ve önemli (0,170*), çiçeklenme süresi ile pozitif ve önemli (0,389**) ve fizyolojik olum süresi arasında (0,675**) pozitif ve önemli ilişki bulunmuştur (Çizelge 4.8 ve 4.11). Çakmak (2008) ekmeklik buğday çeşitleri ile yaptığı bir araştırmada yaprak klorofil içeriği ve bin tane ağırlığı arasında pozitif ve önemli ilişki olduğunu gözlemlemiştir.

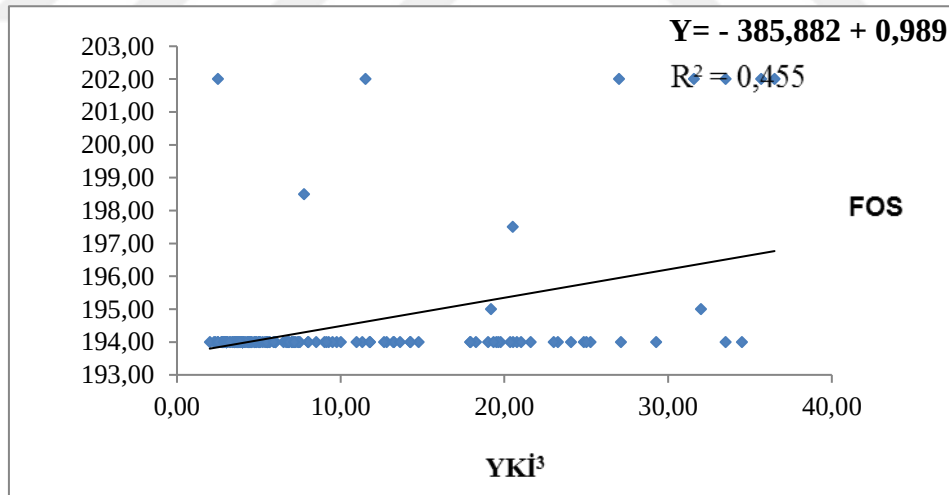
Yaprak klorofil içeriği³ ile bazı tarımsal özellikler arasındaki doğrusal regresyon ilişkileri incelendiğinde, başakta başakçık sayısı ve çiçeklenme süresi regresyon katsayılarının önemli olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.11). Bu değişkenlere ait regresyon eşitlikleri Şekil 4.8 ve 4.9'ta sunulmuştur.

Çizelge 4.11. Yaprak klorofil³ içeriği³ (YKİ³) ile diğer tarımsal özelliklerin regresyon analizleri

	t değeri	%P
BABS	3,118	0,002
BAU	-0,042	0,967
BS	-0,552	0,581
BA	0,525	0,600
ÇİS	1,758	0,080
FOS	10,239	0,000



Şekil 4.8. Yaprak klorofil içeriği³ (YKI³) parametreleri ile başakta başakçık sayısı (BABS) arasındaki ilişkiler



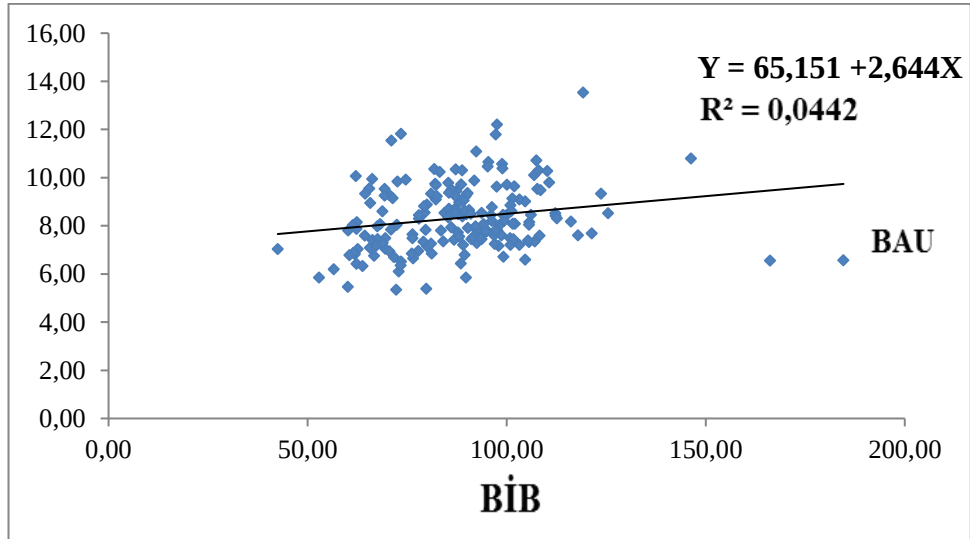
Şekil 4.9. Yaprak klorofil içeriği³ (YKI³) parametreleri ile fizyolojik olum süresi (FOS) arasındaki ilişkiler

4.2.4. Bitki boyu

Bitki boyu ile başak uzunluğu arasında pozitif ve önemli bir ilişki (0,210**) olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.8 ve 4.12). İncelenen bu iki özelliğe ait doğrusal regresyon katsayıları Şekil 4.10'da verilmiştir. Avcı (1998) makarnalık buğdayda sap verimi ile bazı verim ögeleri arasındaki ilişkilerin belirlenmesi amacı ile yaptığı araştırmada, bitki boyu ile başak uzunluğu arasında önemli ve olumlu ilişki olduğunu bildirmiştir. Buna göre buğday çeşitlerinde, bitki boyunun uzaması fazla olmamak koşuluyla fotosentez yapan organların ve başağın uzun olmasına neden olmaktadır.

Çizelge 4.12. Bitki boyu ile diğer tarımsal özelliklerin regresyon analizleri

	t değeri	%P
BAU	2,884	0,004



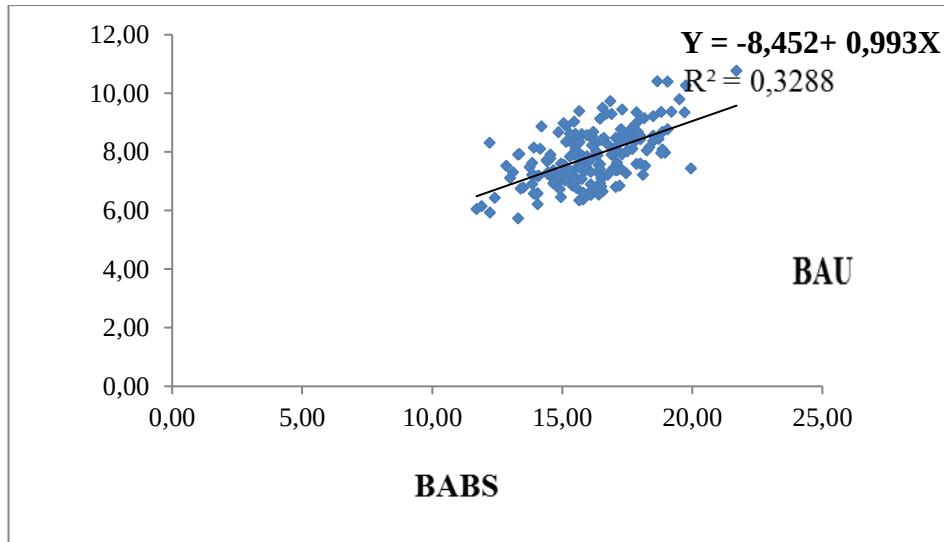
Şekil 4.10. Bitki boyu özelliği (BİB) ile başak uzunluğu (BAU) arasındaki ilişkiler

4.2.5. Başakta başakçık sayısı

Başakta başakçık sayısı ile yaprak klorofil içeriği² (0,185*), yaprak klorofil içeriği³ (0,287**), başak uzunluğu (0,573**), çiçeklenme süresi (0,263**) ve çıkış sayısı (0,157*) arasında pozitif ve önemli ilişkiler bulunmuştur (Çizelge 4.8 ve 4.13). İncelenen özellikler arasında başakta başakçık sayısı ve başak uzunluğu arasındaki regresyon katsayısı doğrusal bir ilişkiyi göstermektedir (Şekil 4.11).

Çizelge 4.13. Başakta başakçık sayısı ile diğer tarımsal özelliklerin regresyon analizleri

	t değeri	%P
BAU	8,239	0,000
CBS	1,228	0,221
ÇİS	1,822	0,070



Şekil 4.11. Başakta başakçık sayısı (BABS) ile başak uzunluğu (BAU) arasındaki ilişkiler

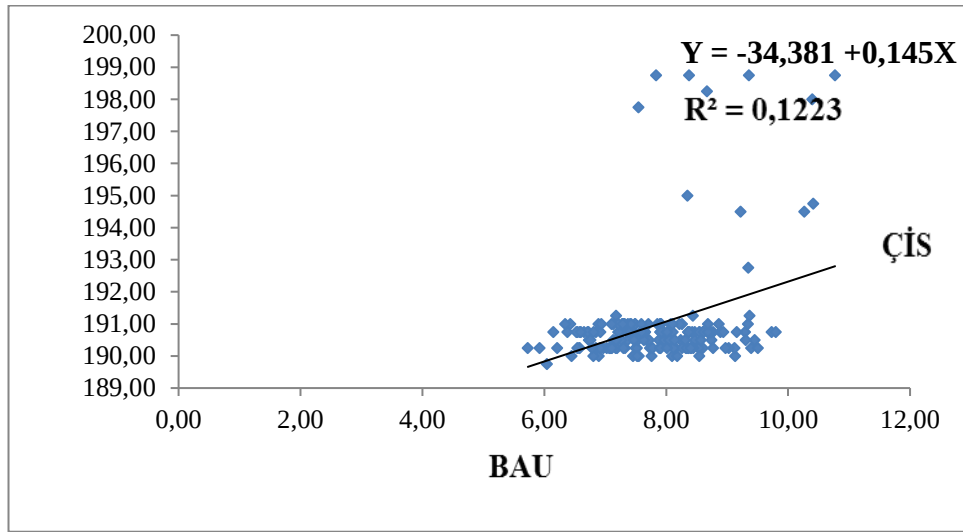
4.2.6. Başak uzunluğu

Başak uzunluğu özelliği ile yaprak klorofil içeriği¹ (0,187*), yaprak klorofil içeriği² (0,346**), yaprak klorofil içeriği³ (0,343**), bitki boyu (0,210**), başakta başaçık sayısı (0,553**), başaklanma süresi (0,165*), bin tane ağırlığı (0,209**), çiçeklenme süresi (0,350**) ve fizyolojik olum süresi (0,308**) arasında pozitif ve önemli ilişkiler gözlenmiştir (Çizelge 4.8 ve 4.14).

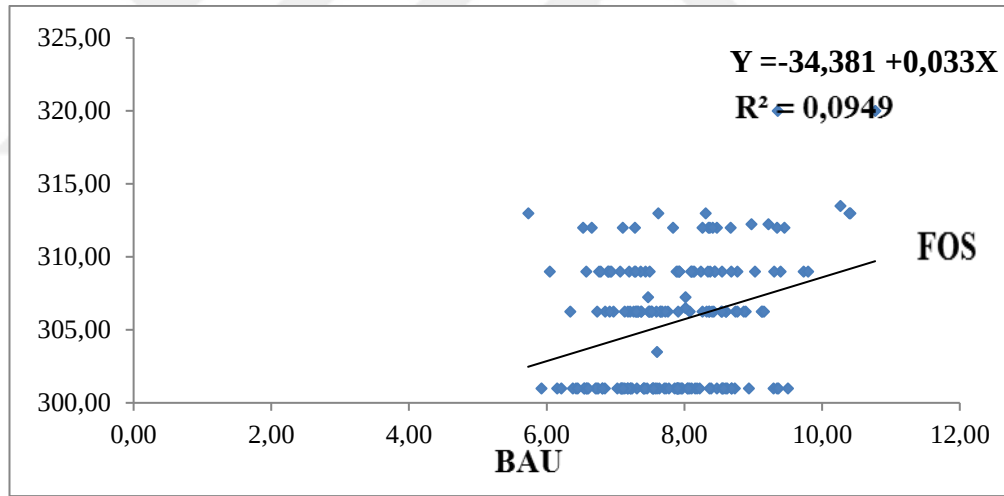
Başak uzunluğu özelliği ile çiçeklenme süresi ve fizyolojik olum süresi arasında önemli doğrusal regresyon tespit edilmiştir ve regresyon eşitliği Şekil 4.12 ve 4.13 sunulmuştur. Avcı (1998) yaptığı araştırmada da bizim sonuçlarımızı destekler nitelikte başak uzunluğu ile bitki boyu arasında önemli ve olumlu ilişki saptamıştır.

Çizelge 4.14. Başak uzunluğu ile diğer tarımsal özelliklerin regresyon analizleri

	t değeri	%P
BS	1,410	0,160
BA	2,236	0,027
ÇİS	3,508	0,001
FOS	2,010	0,046



Şekil 4.12. Başak uzunluğu (BAU) özelliği ile çiçeklenme süresi (ÇİS) arasındaki ilişkiler



Şekil 4.13. Başak uzunluğu (BAU) ile fizyolojik olum süresi (FOS) arasındaki ilişkiler

4.2.7. Bin tane ağırlığı

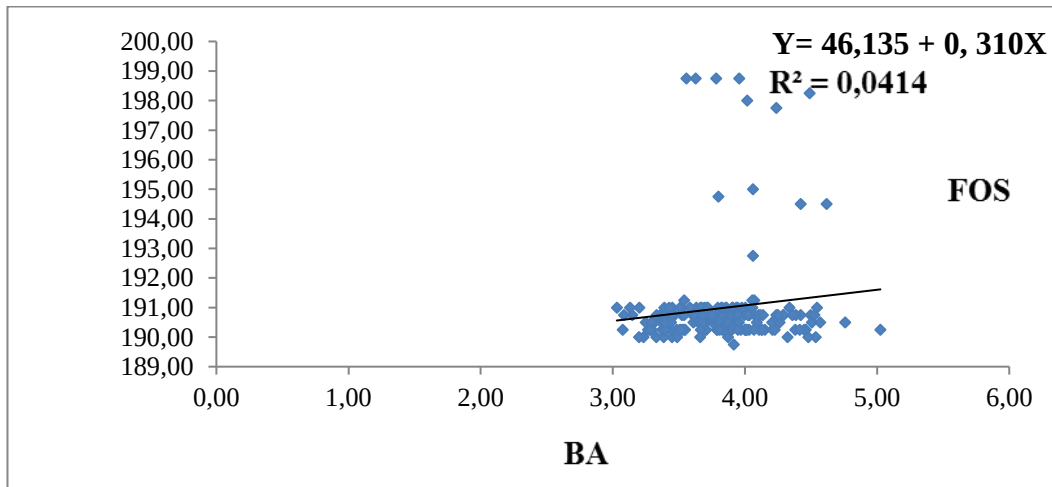
Bin tane ağırlığı ile yaprak klorofil içeriği¹ (0,241**), yaprak klorofil içeriği² (0,150*), yaprak klorofil içeriği³ (0,209**), başak uzunluğu (0,209**), çiçeklenme süresi (0,204**) ve başta tane sayısı (0,501**) arasında anlamlı ilişkiler belirlenmiştir. Ancak bin tane ağırlığı ile kıştan sonra canlı bitki sayısı (-0,223**) arasında negatif ve önemli bir

korelasyon görülmüştür (Çizelge 4.8). Bu durum, bin tane ağırlığı arttıkça kış sonrası hayatta kalan bitki sayısında azalma şeklinde karşımıza çıkmıştır.

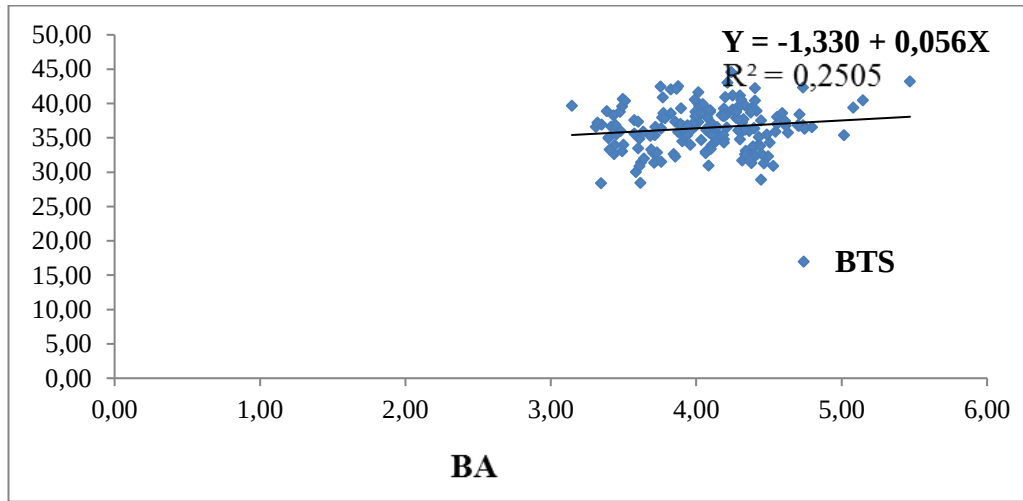
Bin tane ağırlığı ile çiçeklenme süresi ve başakta tane sayısı özellikleri ile arasında anlamlı doğrusal regresyon eşitlikleri belirlenmiştir (Şekil 4.14 , 4.15 ve Çizelge 4.15). Ayrıca, bin tane ağırlığı ile başak boyu özelliği arasında pozitif ve önemli ilişki gözlenmiştir. Bu sonuçlar aynı özellikler için Avcı (1998) elde ettiği sonuçlarıyla benzerlik göstermektedir. Yağmur ve Kaydan (2008) 16 buğday genotipi üzerinde tane verimi, verim öğeleri ve genolojik dönemler arasındaki ilişkilerin irdelenmesi üzerine yaptığı araştırmada bin tane ağırlığı ile başakta tane sayısı özellikleri arasında önemli ve olumlu ilişki olduğunu bildirmişlerdir. Ancak regresyon analizleri sonucunda bu özellikler arasında bir ilişki bulunamamıştır.

Çizelge 4.15. Bin tane ağırlığı ile diğer tarımsal özelliklerin regresyon analizleri

	t değeri	%P
FOS	2,019	0,045
CBS	-1,327	0,186
BTS	7,026	0,000



Şekil 4.14. Bin tane ağırlığı (BA) ile fizyolojik olum süresi (FOS) arasındaki ilişkiler



Şekil 4.15. Bin tane ağırlığı (BA) ile başakta tane sayısı (BTS) arasındaki ilişkiler

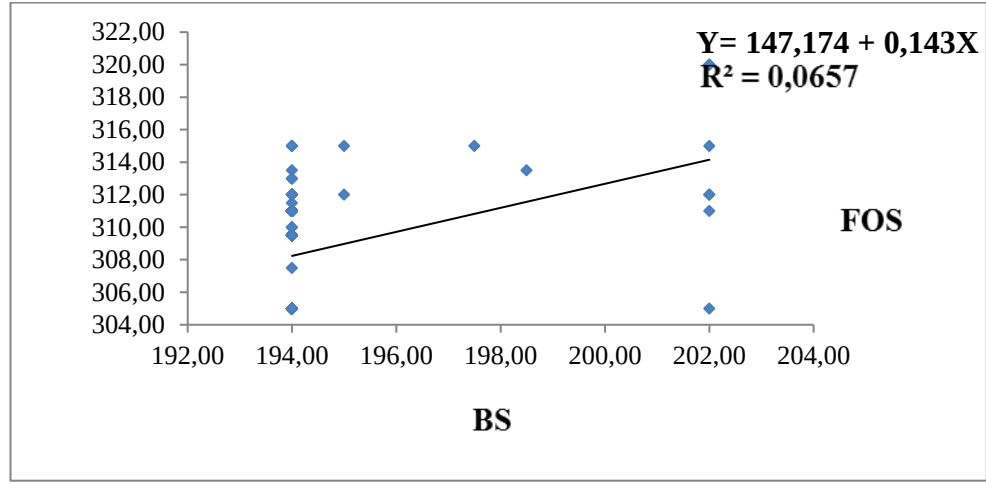
4.2.8. Başaklanma süresi

Başaklanma süresi özelliği ile yaprak klorofil içeriği² (0,331**), yaprak klorofil içeriği³ (0,160*), başak uzunluğu (0,165*), çiçeklenme süresi (0,157*) fizyolojik olum süresi (0,256**) pozitif ve önemli ilişkiler tespit edilmiştir (Çizelge 4.8). Bu ilişkiler içerisinde başaklanma süresi ve fizyolojik olum süresine ait ilişkinin boyutu hakkında önemli doğrusal regresyon değeri bulunmuştur (Şekil 4.16 ve Çizelge 4.16).

Öztürk ve Korkut (2018) 15 buğday çeşiti kullanarak yaptıkları araştırmada, başaklanma döneminden fizyolojik olum dönemine kadar geçen süre, tane verimi açısından en kritik dönem olmasından dolayı tane verimi ile verim unsurları arasındaki ilişkinin yüksek olduğu bildirmişlerdir.

Çizelge 4.16. Başaklama süresi ile diğer tarımsal özelliklerin regresyon analizleri

	t değeri	%P
ÇİS	0,912	0,363
FOS	2,954	0,004



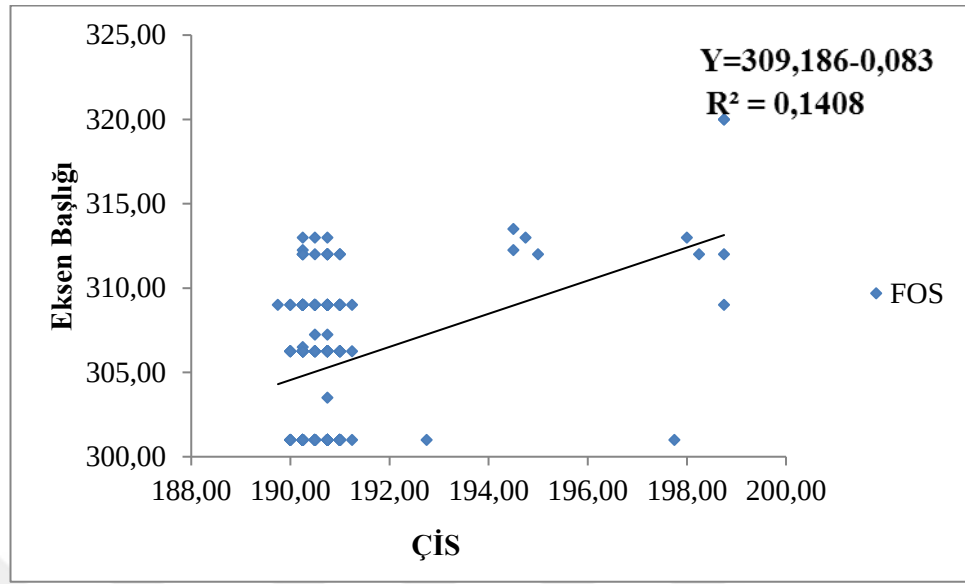
Şekil 4.16. Başaklanma süresi (BS) fizyolojik olum süresi (FOS) arasındaki ilişkiler

4.2.9. Çiçeklenme süresi

Çiçeklenme süresi ile yaprak klorofil içeriği² (0,313**), yaprak klorofil içeriği³ (0,389**), başak uzunluğu (0,265**), başakta başakçık sayısı (0,350**), başaklanma süresi (0,157*) ve fizyolojik olum süresi (0,375**) arasında pozitif ve önemli ilişki olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.8).

Çizelge 4.17. Çiçeklenme süresi ile diğer tarımsal özelliklerin regresyon analizleri

	t değeri	%P
FOS	5,432	0,000



Şekil 4.17. Çiçeklenme süresi(ÇİS) ile fizyolojik olum süresi (FOS) arasındaki ilişkiler

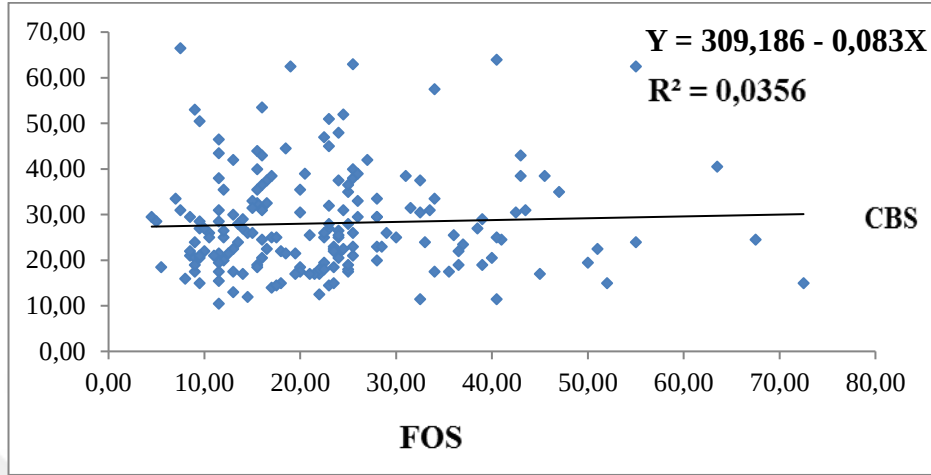
İncelenen özellikler arasında sadece çiçeklenme süresi ile fizyolojik olum süresi ait regresyon katsayısı önemli olduğu görülmüştür (Şekil 4.17 ve Çizelge 4.17).

4.2.10. Fizyolojik olum süresi

Fizyolojik olum süresi özelliği ile yaprak klorofil içeriği¹ (0,354**), yaprak klorofil içeriği² (0,580**), yaprak klorofil içeriği³ (0,675**), başakta başakçık sayısı (0,308**), başaklanma süresi (0,256**), bin tane ağırlığı (0,204**) ve çiçeklenme süresi (0,375**) arasında pozitif ve önemli ilişki olduğu ortaya çıkmıştır (Şekil 4.18 ve Çizelge 4.8, 4.18). Elde edilen sonuçlarımıza benzerlik gösteren diğer araştırmada fizyolojik olum süresi ile başaklanma süresi arasında yakın ilişki olduğu belirtilmiştir (Borghetti *et al.* 1992).

Çizelge 4.18. Fizyolojik olum süresi ile diğer tarımsal özelliklerin regresyon analizleri

	t değeri	%P
CBS	-2,369	0,019



Şekil 4.18. Fizyolojik olum süesi (FOS) ile kıştan sonra canlı bitki sayısı (CBS) arasındaki ilişkiler

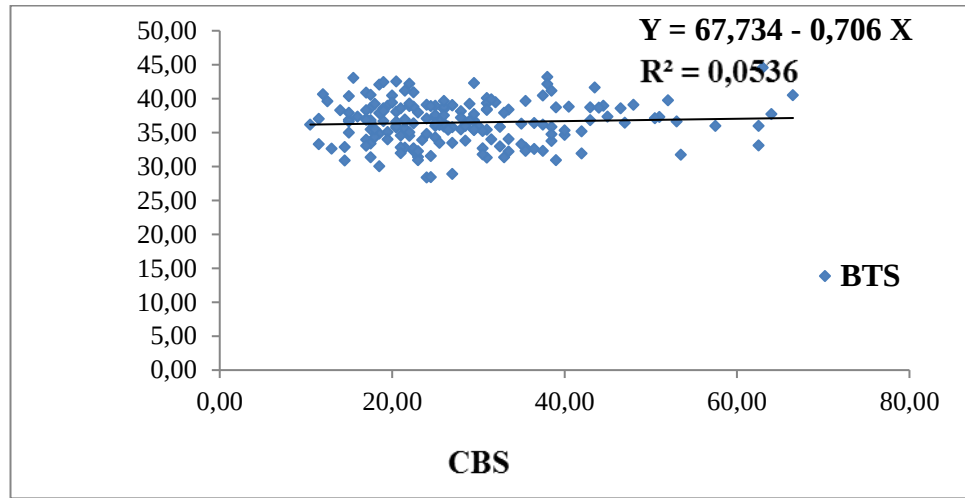
4.2.11. Kıştan sonra canlı bitki sayısı

Kıştan sonra canlı bitki sayısı özelliği ile yaprak klorofil içeriği¹ (-0,201**), bin tane ağırlığı (-0,223**), fizyolojik olum süresi (-0,174*) ve başakta tane sayısı (-0,243**) arasında negatif ve önemli ve başakta başakçık sayısı (0,157*) ile pozitif ve önemli ilişkiler tespit edilmiştir (Çizelge 4.8). Kıştan sonra canlı bitki sayısı ile başakta tane sayısı arasında önemli ve doğrusal bir regresyon bulunmuştur (Şekil 4.19 ve Çizelge 4.19).

Bitkilerin kışa girdikleri gelişme durumu, ilkbaharda yeniden büyümeye başlama zamanı ve bu dönemdeki iklim koşulları bitkilerin çiçeklenme zamanını etkilemektedir (Borghi *et al.* 1992).

Çizelge 4.19. Kıştan sonra canlı bitki sayısı ile diğer tarımsal özelliklerin regresyon analizleri

	t değeri	%P
BTS	-3,360	0,001



Şekil 4.19. Kıştan sonra canlı bitki sayısı (CBS) ile başakta tane sayısı (BTS) arasındaki ilişkiler

4.2.12. Başakta tane sayısı

Başakta tane sayısı ile bin tane ağırlığı ($0,501^{**}$) arasında pozitif ve çok önemli, kış sonrası canlı bitki sayısı ($-0,243^{**}$) ile de negatif ve çok önemli korelasyon belirlenmiştir (Çizelge 4.8). Aydoğan vd (2017) ekmeklik buğday çeşitlerinin verim ve verim öğelerinin belirlenmesi üzerine yaptıkları araştırmada, başakta tane sayısı ile başaktaki tane ağırlığı ($0,6216^{*}$), bin tane ağırlığı ile başakta tane ağırlığı ($0,4512^{*}$), hektolitre ağırlığı ile bin tane ağırlığı ($0,6173^{*}$), hektolitre ağırlığı ile tane verimi ($0,3823^{*}$), Zeleny sedimantasyon ve hektolitre ağırlığı ($0,5655^{*}$) ve protein oranı ve sertlik değerleri arasında ($0,5042^{*}$) önemli pozitif ilişkiler tespit etmişlerdir.

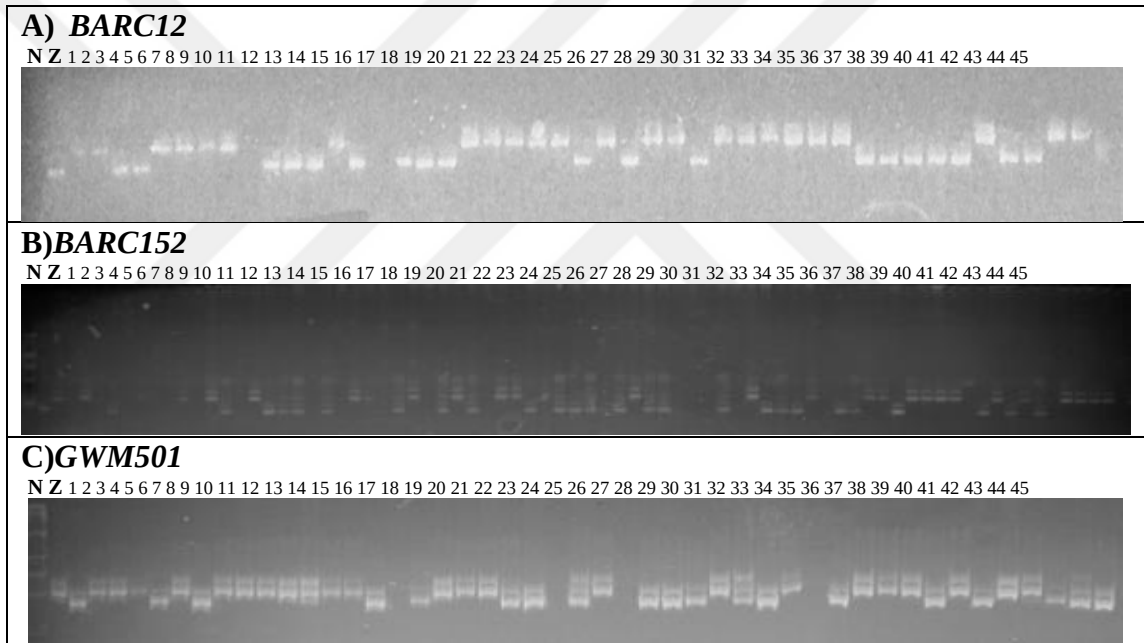
4.2.13. LT₅₀ değeri

Deneme incelenen tarımsal özellikler ile LT₅₀ değeri arasındaki ilişki Çizelge 4.8’de verilmiştir. İncelenen tarımsal özelliklerden sadece başaklanma süresi ile LT₅₀ değeri arasında pozitif ve önemli bir korelasyon ($0,154^{*}$) tespit edilmiştir. Ancak, bu iki özellik arasında doğrusal önemli bir regresyon ilişkisi bulunamamıştır. Başaklanma süresi arttıkça LT₅₀ değerinin de arttığı gözlenmiştir. Brule-Bable and Fowler (1988) soğuğa dayanıklılık ile geç olgunlaşma arasında genetik bağlılığın olduğunu bildirmişlerdir.

Benzer olarak, Limin and Fowler (2002) bitkinin vejetatif dönemi ne kadar uzun olursa soğuğa dayanıklılık ile ilgili genlerin daha fazla ifade olduğunu bildirmişlerdir. Ayrıca, Sofalian *et al.* (2008) dona tolerans ve başaklanma tarihi ile ilgili QTL'lerin belirlenmesi üzerine kurguladıkları araştırmada; başaklanma tarihi ve dona tolerans özelliği arasında önemli bir korelasyon tespit etmişlerdir. Ancak Armonine *et al.* (2013) yaptıkları çalışmada, LT₅₀ ve tarımsal özellikler arasında hiçbir ilişki bulamamışlar ve kışa dayanıklılık özelliğinin karmaşık yollar tarafından kontrol edildiğini ve farklı iklim koşullarında değişebileceğini bildirmişlerdir. Mahfozi *et al.* (2010) yaptıkları araştırmada ise LT₅₀ özelliği ile çiçeklenme ve fizyolojik olum süresi arasında önemli olumlu korelasyon olduğunu beyan etmişlerdir.

4.3. Genotipik Değerlendirme

Buğday genomuna ait 425 SSR markörü ebeveynler arasında taranmıştır. Polimorfizm gösteren 33 SSR markörü, 180 RK hattın oluşan popülasyonunun genotiplenmesinde kullanılmıştır. Popülasyon genotiplemesi için şekilde (Şekil 4.20) görüldüğü gibi kodominant bantlama modeline göre skorlanmış ve QTL analizinde kullanılmıştır. Bantlama modeline göre ebeveynler ve RK hatlar ile ilgili 3 SSR işaretçisinin bant görüntüsü Şekil 4.20’de sunulmuştur.



Şekil 4.20. Farklı SSR işaretçilerin popülasyon içindeki jel görüntüleri
Bant sırası sağdan sola doğru: N.Z.1....

4.3.1. 2013-2014 yetiştirme yılı için tarımsal özelliklerden elde edilen QTL değerleri

2013-2014 yetiştirme yılında incelenen tarımsal özelliklerden elde edilen QTL değerleri Çizelge 4.20’de sunulmuştur.

Çizelge 4.20. 2013-2014 yılı için elde edilen QTL değerleri

Özellik	İşaretçi ismi	Kromozom yeri	%FV	% P
YKİ¹	<i>Barc24</i>	6B	3	0,03
	<i>Barc70</i>	3A	3	0,01
	<i>Barc186</i>	5AL-12~c	7	0,01
	<i>GWM493</i>	3B	4	0,01
YKİ²	<i>Barc186</i>	5AL-12~c	8	0,006
	<i>Gwm 493</i>	3B	6	0,003
	<i>Barc45</i>	3A	2	0,05
YKİ³	<i>Barc186</i>	5AL-12~c	3	0,04
	<i>GWM501</i>	2B	4	0,03
	<i>GWM493</i>	3B	4	0,02
BİB	<i>Barc101</i>	2BL	3	0,04
	<i>Barc 197</i>	3AL-3~c	3	0,05
	<i>GWM497</i>	1A,4A,3A,3D,4D,5B,6A	2	0,05
BAU	<i>Barc45</i>	3A	2	0,04
BS	<i>GWM413</i>	1B	6	0,001
	<i>GWM160</i>	4A	3	0,03
	<i>WMS99</i>	1A	2	0,05
BA	<i>Barc77</i>	3B	2	0,04
	<i>GWM160</i>	4A	7	0,002
ÇİS	<i>Barc70</i>	3A	2	0,04
FOS	<i>Barc186</i>	5AL-12~c	2	0,04
CBS	<i>GWM304</i>	5A	2	0,04
BTS	<i>GWM340</i>	3B	2	0,05

YKİ¹: Yaprak klorofil içeriği¹, YKİ²: Yaprak klorofil içeriği², YKİ³: Yaprak klorofil içeriği³, BİB: Bitki boyu, BABS: Başakta başakçık sayısı, BAU: Başak uzunluğu, BS: başaklanma süresi, BA: Bin tane ağırlık, ÇİS: Çiçeklenme süresi, FOS: Fizyolojik olum süresi, CBS: Kıştan sora canlı bitki sayısı, BTS: Başakta tane sayısı, %FV: fenotipik varyasyonun yüzdesi, %P: Önemlilik derecesi

4.3.1.a. Yaprak klorofil içeriği ¹(%50 çiçeklenme aşamasında klorofil ölçümü)

Tek işaretçi analizi sonucunda %50 çiçeklenme aşamasında yaprak klorofil içeriği¹ ile ilişkili 4 adet QTL tespit edilmiştir (Çizelge 4.20). Bu QTL'ler farklı kromozomlar üzerinde yer almıştır. Bu kromozomlar 5AL-12~c, 6B, 3A ve 3B'dir. QTL'ler *Barc24*, *Barc70*, *Barc186* ve *GWM493* işaretçiler tarafından belirlenmiştir. Bu QTL'ler yaprak klorofil içeriği¹ açısından meydana gelen varyasyonu % 3 ile % 7 arasında değişen oranlarda açıklamaktadır.

4.3.1.b. Yaprak klorofil içeriği ² (%50 çiçeklenme başladıktan 15 gün sonra klorofil ölçümü)

Tek işaretleyici analizi sonucunda %50 çiçeklenme başladıktan 15 gün sonra klorofil değerleri ile ilişkili 3 QTL tespit edilmiştir(Çizelge 4.20). Bu QTL'ler *Barc186*, *Gwm493* ve *Barc45* işaretçileri tarafından tespit edilmekte ve sırası ile 5AL-12~c, 3B ve 3A kromozomlar üzerinde yer almaktadırlar. Tespit edilen QTL'ler fenotipik değişiklikleri açıklama oranı % 8 ile % 2 arasında değişmektedir.

4.3.1.c. Yaprak klorofil içeriği ³ (%50 çiçeklenme başladıktan 25 gün sonra klorofil ölçümü)

Tek işaretleyici analizi sonucunda %50 çiçeklenme başladıktan 25 gün sonra klorofil değerleri ile ilişkili 3 QTL bulunmuştur (Çizelge 4.20). Bu QTL'ler 5AL-12~c, 2B ve 3B kromozomlar üzerinde yer almış ve sırası ile *Barc186*, *GWM501*, ve *GWM493* işaretçiler tarafından belirlenmişlerdir. Tespit edilen QTL'ler fenotipik değişikliklerin %3 ile %4 arasında değişen oranlarda sorumlu olduğu gözlenmiştir.

4.3.1.d. Bitki boyu

Bitki boyu ile ilişkili 3 adet QTL bulunmuştur(Çizelge 4.20). Bu QTL'ler 2BL, 3AL-3~c, 1A, 4A, 3A, 3D, 4D, 5B ve 6A kromozomlar üzerinde yer almış ve sırası ile *Barc101*, *Barc197* ve *Gwm497* işaretçileri ile ilintili olduğu belirlenmiştir. Bitki boyu özelliğinde gözlenen varyasyonun en fazla %3'lük kısmı bu işaretçiler tarafından açıklanabilmektedir.

4.3.1.e. Başak uzunluğu

Başak uzunluğu özelliği ile ilgili tek bir QTL 3A koromozom üzerinde bulunmuştur (Çizelge 4.20). Tespit edilen bu QTL (*Barc45*) fenotipik değişikliklerin %2'sine işaret etmektedir.

4.3.1.f. Başaklanma süresi

Tek işaretçi analizi sonucunda başaklanma süresi özelliği için 3 ilgili QTL elde edilmiştir (Çizelge 4.20). Bu QTL'ler, *GWM413*, *GWM160* ve *WMS99* işaretçiler tarafından bulunmuş ve sırası ile 1B, 4A ve 1A kromozomları üzerinde yer almaktadır. Başaklanma süresine ait varyasyonun %2 ile %6 arasında değişen oranda açıklamaktadır.

4.3.1.g. Bin tane ağırlığı

İki QTL bu tarımsal özellik için belirlenmiştir (Çizelge 4.20). Bu işaretçiler, *Barc77* ve *GWM160*, sırası ile 3B ve 4A kromozomlar üzerinde yer almakta ve %2 ile %7 arasında fenotipik değişikliklerden sorumlu olmaktadır.

4.3.1.h. Çiçeklenme süresi

Çiçeklenme süresi özelliği ile ilgili tek bir QTL 3A koromozom üzerinde bulunmuştur (Çizelge 4.20). Tespit edilen bu QTL (*Barc70*) fenotipik değişikliklerin % 2'sine işaret etmektedir.

4.3.1.i. Fizyolojik olum süresi

Bu tarımsal özellik için de 1 QTL bölgesi (*Barc186*) bulunmuştur ve 5AL-12~c koromozomu üzerinde yer almaktadır (Çizelge 4.20). Bu QTL, fizyolojik olum süresi ile ilişkili varyasyonun sadece %2'lik kısmını açıklamaktadır.

4.3.1.i. Kış sonrası canlı bitki sayısı

Bu tarımsal özellik için bir adet QTL bölgesi 5AL-12~c kromozomu üzerinde tespit edilmiş olup ve *GWM304* işaretçisi tarafından belirlenmektedir. İlgili özelliğin %2'lik varyasyonunu temsil etmektedir (Çizelge 4.20).

4.3.1.j. Başakta tane sayısı

Başakta tane sayısı özelliği ile ilgili tek bir QTL 3B koromozom üzerinde bulunmuştur (Çizelge 4.20). Tespit edilen bu QTL (*GWM340*) fenotipik değişikliklerin % 2'sine işaret etmektedir.

4.3.2. 2014-2015 Yetiştirme yılının tarımsal özelliklerinden elde edilen QTL değerleri

2014-2015 yetiştirme yılında incelenen tarımsal özelliklerden elde edilen QTL değerleri Çizelge 4.21'de sunulmuştur..

Çizelge 4.21. 2014-2015 yılı için elde edilen QTL değerleri

Özellikler	İşaretçi ismi	Lokasyon	%FV	% P
YKİ¹	<i>Barc24</i>	6B	2	0,044
	<i>Barc70</i>	3A	3	0,015
	<i>Barc186</i>	5AL-12~c	6	0,004
YKİ²	<i>Barc186</i>	5AL-12~c	3	0,025
	<i>Gwm 493</i>	3B	4	0,032
	<i>Barc24</i>	6B	5	0,012
	<i>GWM501</i>	2B	4	0,033
	<i>Barc154</i>	7A,D	3	0,0199
	<i>GWM413</i>	1B	4	0,007
	<i>WMS99</i>	1A	3	0,025
YKİ³	<i>Barc186</i>	5AL-12~c	4	0,027
	<i>GWM340</i>	3B	3	0,011
BİB	<i>WMC765</i>	5D	4	0,009
	<i>GWM497</i>	1A,4A,3A,3D,4D,5B,6A	3	0,015
	<i>GWM340</i>	3B	6	0,005
BAU	<i>Barc12</i>	3A	4	0,008
	<i>Barc 70</i>	3A	2	0,038
	<i>GWM304</i>	5A	2	0,04
	<i>GWM340</i>	3B	4	0,005
	<i>GWM160</i>	4A	19	0,000
BABS	<i>Barc 165</i>	5AL-2~10	3	0,028
	<i>Barc186</i>	5AL-12~c	2	0,042
	<i>GWM340</i>	3B	3	0,013
	<i>GWM 160</i>	4A	3	0,028
BS	<i>Barc 77</i>	3B	2	0,049
	<i>Barc165</i>	5AL-12~10	3	0,021
	<i>GWM413</i>	1B	6	0,00
BA	<i>GWM160</i>	4A	15	0,000
ÇİS	<i>Barc100</i>	5AL-12~1	4	0,038
	<i>GWM501</i>	2B	4	0,023
FOS	<i>Barc186</i>	5AL-12~c	4	0,0154
	<i>CFD49</i>	6D	2	0,048
CBS	<i>Barc3</i>	6A	3	0,04
	<i>Barc101</i>	2B	5	0,007
	<i>GWM493</i>	3B	4	0,032
	<i>GWM501</i>	2B	6	0,002
	<i>GWM340</i>	3B	15	0,000
	<i>GWM160</i>	4A	12	0,000
	<i>GWM500</i>	2B,3B,4A,5B,7B	3	0,029
	<i>WMC765</i>	5D	6	0,040
BTS	<i>GWM160</i>	4A	4	0,021
	<i>GWM 382</i>	2A	2	0,039
	<i>Barc186</i>	5AL-12~c	4	0,021
	<i>Barc101</i>	2B	2	0,033

YKİ¹: Yaprak klorofil içeriği¹, **YKİ²**: Yaprak klorofil içeriği², **YKİ³**: Yaprak klorofil içeriği³, **BİB**: Bitki boyu, **BABS**: Başakta başakçık sayısı, **BAU**: Başak uzunluğu, **BS**: başaklanma süresi, **BA**: Bin tane ağırlık, **ÇİS**: Çiçeklenme süresi, **FOS**: Fizyolojik olum süresi, **CBS**: Kıştan sora canlı bitki sayısı, **BTS**: Başakta tane sayısı, **%FV**: fenotipik varyasyonun yüzdesi, **%P**: Önemlilik derecesi

4.3.2.a. Yaprak klorofil içeriği ¹(%50 çiçeklenme aşamasında klorofil ölçümü)

Tek işaretçi analizi sonucunda %50 çiçeklenme aşamasında yaprak klorofil içeriği¹ ile ilişkili 3 adet QTL tespit edilmiştir (Çizelge 4.21). Bu QTL'ler farklı kromozomlar üzerinde yer almıştır. Bu kromozomlar 5AL-12~c, 6B ve 3A'dır. QTL'ler *Barc24*, *Barc70*, ve *Barc186* işaretçiler tarafından belirlenmiştir. Bu QTL'ler yaprak klorofil içeriği¹ açısından meydana gelen varyasyonu %2 ile %6 arasında değişen oranlarda açıklamaktadır.

4.3.2.b. Yaprak klorofil içeriği ²(%50 çiçeklenme başladıktan 15 gün sonra klorofil ölçümü)

Tek işaretleyici analizi sonucunda %50 çiçeklenme başladıktan 15 gün sonra klorofil değerleri ile ilişkili 7 QTL bölgesi tespit edilmiştir (Çizelge 4.21). Bu QTL'ler *Barc186*, *Gwm493*, *Barc24*, *GWM501*, *Barc154*, *GWM413* ve *WMS99* işaretçileri tarafından tespit edilmekte ve sırası ile 5AL-12~c, 3B, 6B, 2B, 7A, 7D, 1B ve 1A kromozomlar üzerinde yer almaktadırlar. Tespit edilen QTL'ler fenotipik değişiklikleri açıklama oranı %3 ile %5 arasında değişmektedir.

4.3.2.c. Yaprak klorofil içeriği ³(%50 çiçeklenme başladıktan 25 gün sonra klorofil ölçümü)

Tek işaretleyici analizi sonucunda %50 çiçeklenme başladıktan 25 gün sonra klorofil değerleri ile ilişkili 2 QTL bulunmuştur (Çizelge 4.21). Bu QTL'ler 5AL-12~c ve 2B kromozomlar üzerinde yer almış ve sırası ile *Barc186* ve *GWM340* işaretçiler tarafından belirlenmişlerdir. Tespit edilen QTL'ler fenotipik değişikliklerin %3 ile %4 arasında değişen oranlarda sorumlu olduğu gözlenmiştir.

4.3.2.d. Bitki boyu

Bitki boyu ile ilişkili 3 adet QTL bulunmuştur (Çizelge 4.21). Bu QTL'ler 1A, 4A, 3A, 3D, 4D, 5B, 6A ve 3B kromozomlar üzerinde yer almış ve sırası ile *WMC765*, *GWM497* ve *GWM340* işaretçileri ile ilintili olduğu belirlenmiştir. Bitki boyu özelliğinde gözlenen varyasyonun en fazla %6'lık kısmı bu işaretçiler tarafından açıklanabilmektedir.

4.3.2.e. Başak uzunluğu

Başak uzunluğu özelliği ile ilgili 5 QTL bulunmuştur (Çizelge 4.21). Bu QTL'ler 3A, 5A, 3B ve 4A kromozomlar üzerinde yer almış ve tespit edilen QTL'ler *Barc12*, *Barc70*, *GWM304*, *GWM340* ve *GWM160* SSR işaretçileri tarafından belirlenmişlerdir. Bu QTL'ler fenotipik değişikliklerin %2 ile %19 arasında değişen oranlarda sorumlu olduğu gözlenmiştir.

4.3.2.f. Başakta başakçık sayısı

Başakta başakçık sayısı özelliği ile ilgili 4 QTL tespit edilmiştir (Çizelge 4.21). Bu QTL'ler 5AL-12~10, 5AL-12~c, 3B ve 4A kromozomlar üzerinde yer almış ve tespit edilen QTL'ler *Barc165*, *Barc186*, *GWM340* ve *GWM160* SSR işaretçileri tarafından belirlenmişlerdir. Bu QTL'ler fenotipik değişikliklerin %2 ile %3 arasında değişen oranlarda sorumlu olduğu gözlenmiştir.

4.3.2.g. Başaklanma süresi

Tek işaretçi analizi sonucunda başaklanma süresi özelliği için 3 ilgili QTL bölgesi tespit edilmiştir (Çizelge 4.21). Bu QTL'ler, *GWM413*, *Barc77* ve *Barc165* işaretçiler tarafından bulunmuş ve sırası ile 1B, 3B ve 5AL-12~c kromozomları üzerinde yer

almaktadır. Başaklanma süresine ait varyasyonun %2 ile %6 arasında değişen oranda açıklamaktadır.

4.3.2.h. Bin tane ağırlığı

Bin tane ağırlığı özelliği ile ilgili tek bir QTL 4A kromozomu üzerinde bulunmuştur (Çizelge 4.21). Tespit edilen bu QTL (*GWM160*) fenotipik değişikliklerin %15'sine işaret etmektedir.

4.3.2.i. Çiçeklenme süresi

Çiçeklenme süresi özelliği ile ilgili 2 QTL bölgesi bulunmuştur (Çizelge 4.21). Bu QTL'ler *Barc100* ve *GWM501* işaretçileri yardımıyla tespit edilmiştir. Tespit edilen QTL'ler 5AL-12~c ve 2B kromozomlar bölgesinde yer almışlar ve varyasyonun açıklanmasında %15'lik kısmını işaret etmektedir.

4.3.2.i. Fizyolojik olum süresi

Bu tarımsal özellik için 2 QTL bölgesi *Barc186* ve *CFA49* bulunmuştur (Çizelge 4.21). Tespit edilen QTL'ler 5AL-12~c ve 6D kromozomları üzerinde yer almış ve fizyolojik olum süresi ile ilişkili varyasyonun %4 ile %2 kısmını açıklamaktadır.

4.3.2.j. Kıştan sonra canlı bitki sayısı

Tek işaretliyi analizi temel alınarak 8 ilgili QTL bölgesi bulunmuştur (Çizelge 4.21). Bu QTL'ler *Barc3*, *Barc101*, *GWM493*, *GWM501*, *GWM340*, *GWM160*, *GWM500*, ve *GWM 765* işaretçileri tarafından belirlenmektedir. En yüksek fenotipik varyasyon %15 ile *GWM340* işaretçisi tarafından belirlenmiş ve 3B kromozomu üzerinde yer almıştır. Bunu %12'lik oran ile *GWM160* işaretçisi (4A kromozom üzerinde) takip etmiştir.

4.3.2. Başakta tane sayısı

Başakta tane sayısı özelliği ile ilgili 4 QTL bulunmuştur (Çizelge 4.21). Tespit edilen QTL'ler *GWM160*, *GWM382*, *Barc 186* ve *Barc101* işaretçiler tarafından belirlenmiştir. Bu QTL'ler, başakta tane sayısı ile ilişkili varyasyonun %4 ile %2 kısmını açıklamaktadır.

4.3.3. İki yıllık ortalama verilere göre tarımsal özelliklerinden elde edilen QTL değerleri

İki yıllık ortalama verilere göre tarımsal özelliklerinden elde edilen QTL değerleri Çizelge 4.22'de sunulmuştur.

Çizelge 4.22. İki yıllık ortalamalara göre QTL değerleri

Özellik	İşaretçi ismi	Lokasyon	%FV	% P
YKİ ¹	<i>Barc24</i>	6B	3	0,030
	<i>Barc70</i>	3A	3	0,041
	<i>Barc186</i>	5AL-12~c	5	0,001
	<i>GWM493</i>	3B	4	0,027
	<i>Barc165</i>	5AL-12~10	7	0,0018
YKİ ²	<i>Barc186</i>	5AL-12~c	6	0,003
	<i>Gwm 493</i>	3B	6	0,004
	<i>Barc24</i>	3A	4	0,021
	<i>GWM413</i>	1B	2	0,046
YKİ ³	<i>Barc186</i>	5AL-12~c	4	0,023
	<i>GWM493</i>	3B	4	0,032
BİB	<i>Barc101</i>	2BL	3	0,029
	<i>Barc 197</i>	3AL-3-c	4	0,039
	<i>GWM340</i>	1A, 4A, 3A, 3D, 4D,5B,6A	2	0,040
BAU	<i>GWM501</i>	2B	4	0,027
	<i>Barc54</i>	5B	3	0,027
	<i>Barc165</i>	5AL-12~10	3	0,022
	<i>GWM160</i>	4A	3	0,022
BS	<i>GWM413</i>	1B	6	0,000
	<i>Barc165</i>	5AL-12~10	2	0,032
BA	<i>GWM160</i>	4A	16	0,000

Çizelge 4.22. (devam)

ÇİS	<i>Barc70</i>	3A	2	0,047
	<i>GWM501</i>	2B	3	0,047
FOS	<i>Barc186</i>	5AL-12~c	4	0,022
	<i>GWM 382</i>	2A	2	0,048
	<i>CFA49</i>	6D	2	0,045
CBS	<i>Barc 154</i>	7A.D	5	0,011
	<i>Barc100</i>	5AL-12~1	2	0,033
	<i>GWM501</i>	2B	3	0,022
	<i>GWM340</i>	3B	9	0,000
	<i>GWM160</i>	4A,2B,3B,4A,5B,7B	12	0,000
	<i>WMC765</i>	5D	5	0,003
BTS	<i>Barc186</i>	5AL-12~c	6	0,003
	<i>Barc101</i>	2BL	2	0,043
	<i>GWM160</i>	4A	3	0,012

YKİ¹: Yaprak klorofil içeriği¹, **YKİ²**: Yaprak klorofil içeriği², **YKİ³**: Yaprak klorofil içeriği³, **BİB**: Bitki boyu, **BABS**: Başakta başakçık sayısı, **BAU**: Başak uzunluğu, **BS**: başaklanma süresi, **BA**: Bin tane ağırlık, **ÇİS**: Çiçeklenme süresi, **FOS**: Fizyolojik olum süresi, **CBS**: Kıştan sora canlı bitki sayısı, **BTS**: Başakta tane sayısı, **%FV**: fenotipik varyasyonun yüzdesi, **%P**: Önemlilik derecesi

4.3.3.a. Yaprak klorofil içeriği ¹(%50 çiçeklenme aşamasında klorofil ölçümü)

Tek işaretçi analizi sonucunda %50 çiçeklenme aşamasında yaprak klorofil içeriği¹ ile ilişkili 5 adet QTL tespit edilmiştir (Çizelge 4.22). Bu QTL'ler farklı kromozomlar üzerinde yer almıştır. Bu kromozomlar 5AL-12~c, 6B, 3A ve 3B'dir. QTL'ler *Barc24*, *Barc70*, *Barc186*, *GWM493* ve *Barc165* işaretçiler tarafından belirlenmiştir. Bu QTL'ler yaprak klorofil içeriği¹ açısından meydana gelen varyasyonu %3 ile %7 arasında değişen oranlarda açıklamaktadır.

4.3.3.b. Yaprak klorofil içeriği ²(%50 çiçeklenme başladıktan 15 gün sonra klorofil ölçümü)

Tek işaretleyici analizi sonucunda %50 çiçeklenme başladıktan 15 gün sonra klorofil değerleri ile ilişkili 4 QTL tespit edilmiştir (Çizelge 4.22). Bu QTL'ler *Barc186*, *Gwm493*, *Barc24* ve *GWM413* işaretçileri tarafından tespit edilmekte ve sırası ile 5AL-12~c, 3B, 3A ve 1B kromozomlar üzerinde yer almaktadırlar. Tespit edilen QTL'ler fenotipik değişiklikleri açıklama oranı %2 ile %6 arasında değişmektedir.

4.3.3.c. Yaprak klorofil içeriği³ (%50 çiçeklenme başladıktan 25 gün sonra klorofil ölçümü)

Tek işaretleyici analizi %50 çiçeklenme başladıktan 25 gün sonra klorofil değerleri ile ilişkili 2 QTL bulunmuştur (Çizelge 4.22). Bu QTL'ler 5AL-12~c ve 3B kromozomlar üzerinde yer almış ve sırası ile *Barc186* ve *GWM493* işaretçiler tarafından belirlenmişler. Tespit edilen QTL'ler fenotipik değişikliklerin %4'ü oranında sorumlu olduğu gözlenmiştir.

4.3.3.d. Bitki boyu

Bitki boyu ile ilişkili 3 adet QTL bulunmuştur (Çizelge 4.22). Bu QTL'ler 2BL, 3AL-3~c, 1A, 4A, 3A, 3D, 4D, 5B ve 6A kromozomlar üzerinde yer almış ve sırası ile *Barc101*, *Barc197* ve *Gwm497* işaretçileri ile ilintili olduğu belirlenmiştir. Bitki boyu özelliğinde gözlenen varyasyonun en fazla %4'lük kısmı bu işaretçiler tarafından açıklanabilmektedir.

4.3.3.e. Başak uzunluğu

Başak uzunluğu özelliği ile ilgili 4 QTL bulunmuştur (Çizelge 4.22). Bu QTL'ler 2B, 5B, 5AL-12~10 ve 4A kromozomlar üzerinde yer almış ve sırası ile *GWM501*, *Barc54*, *Barc165* ve *GWM160* SSR işaretçileri tarafından belirlenmişler. Bu QTL'ler fenotipik değişikliklerin %3 ile %4 arasında değişen oranlarda sorumlu olduğu gözlenmiştir.

4.3.3.f. Başaklanma süresi

Tek işaretçi analizi sonucunda başaklanma süresi özelliği için 2 ilgili QTL elde edilmiştir (Çizelge 4.22). Bu QTL'ler, *GWM413* ve *Barc165* işaretçiler tarafından bulunmuş ve sırası ile 1B ve 5AL-12~c kromozomları üzerinde yer almaktadır.

Başaklanma süresine ait varyasyonun %2 ile %6 arasında değişen oranda açıklamaktadır.

4.3.3.g. Bin tane ağırlığı

Bin tane ağırlığı özelliği ile ilgili tek bir QTL 4A kromozom üzerinde bulunmuştur (Çizelge 4.22). Tespit edilen bu QTL (*GWM160*) fenotipik değişikliklerin %16'sine işaret etmektedir.

4.3.3.h. Çiçeklenme süresi

QTL analizine göre çiçeklenme süresi ile 2 ilgili QTL elde edilmiştir (Çizelge 4.22). Bunlar, *Barc70* ve *GWM501* işaretçileri yardımıyla belirlenmiş ve 3A ve 2B kromozomları üzerinde sırayla %2 ve %3 katkıda fenotipik varyasyonu açıklamıştır.

4.3.3.i. Fizyolojik olum süresi

Bu tarımsal özellik için 3 QTL bölgesi; *Barc186*, *CFA49* ve *GWM382* bulunmuştur (Çizelge 4.22). Tespit edilen QTL'ler 5AL-12~c, 2A ve 6D kromozom bölgelerinde yer almış ve fizyolojik olum süresi ile ilişkili varyasyonun %4 ile %2 kısmını açıklamaktadır.

4.3.3.i. Kıştan sonra canlı bitki sayısı

QTL analizlerine göre 6 QTL bölgesi kış sonrası canlı bitki sayısı karakterini kontrol etmektedir. Bu QTL'ler 6A, 2B, 3B, 4A, 5B, 7B ve 5D kromozomları üzerinde bulunmuştur. Tespit edilen QTL'ler fenotipik varyasyonunu en yüksek %12 düzeyinde katkıda bulunmuş ve *GWM160* işaretçisi tarafından tespit edilmiştir.

4.3.3.j. Başakta tane sayısı

Başakta tane sayısı özelliği ile ilgili 3 QTL bulunmuştur (Çizelge 4.22). Tespit edilen QTL'ler *GWM160*, *Barc 186* ve *Barc101* işaretçiler tarafından belirlenmiş ve başakta tane sayısı ile ilişkili varyasyonun %2 ile %6 kısmını açıklamaktadır.

4.4. LT₅₀ İle Bulunan QTL'ler

LT₅₀ özelliği normal dağılım göstermediği için LOG data transformasyonu gerçekleştirilmiş ve normal dağılım elde edilerek regresyon probit analizine tabi tutulmuştur. LT₅₀ özelliği ile ilgili 4 QTL bölgesi tespit edilmiştir (Çizelge 4.23). Bulunan QTL bölgeleri, *Barc101*, *GWM340*, *GWM160* ve *GWM493* işaretçileri ile ilintili bulunmuştur. LT₅₀ özelliği ile ilişkili varyasyonun açıklanmasında *Gwm160* işaretçisi %12'lik oranla en yüksek değere sahip olmuş ve 4A kromozomu üzerinde yer almıştır. Geriye kalan 3 QTL bölgesi fenotipik değişikliklerin %2 ile %7 değişen oranlarda ifade etmektedir.

Çizelge 4.23. LT₅₀ değeri ile ilgili bulunan QTL'ler

İşaretçi	Lokasyon	%FV	%p
<i>Barc101</i>	2BL	7	0,002
<i>GWM340</i>	3B	2	0,036
<i>GWM160</i>	4A	12	0,000
<i>GWM493</i>	3B	4	0,004

4.5. Genotipik Degerlendirmelerle ilgili Tartışma

Genel olarak farklı dönemlerde ve yetiştirme yıllarında ölçümü yapılan klorofil içeriği özelliği ile ilgili QTL bölgeleri değerlendirildiğinde toplam 4 adet QTL bölgesi öne çıkmaktadır. Bunlar, *Barc24*, *Barc70*, *Barc186* ve *GWM493* işaretçileri tarafından temsil edilmekte ve 6B, 3A, 5AL-12~c ve 3B kromozomları üzerinde yer almaktadır ve

toplam fenotipik varyasyonun %3 ile %6 arasında değişen oranda ifade etmektedir. Zhang *et al.* (2012) yaptığı bir çalışmada klorofil içeriği özelliği için 5 QTL bölgesi tespit etmişler ve bu bölgelerin 4B, 4D, 6D ve 7A kromozomları üzerinde olduğunu bildirmişlerdir. 6D ve 7A kromozomları üzerinde bulunan QTL'lerin etkilerinin toplam fenotipik varyasyon içerisinde sırası ile %15.60 ve %11.04 gibi yüksek değerlerde olduğunu bildirmişlerdir. Bu çalışmada elde edilen değerler bizim tespit ettiğimiz QTL bölgelerine göre daha yüksektir. Bu farklılık kullanılan farklı SSR işaretçilerinden kaynaklanabilir. Klorofil içeriği ile ilişkili QTL bölgelerinin belirlenmesi amaçlı yapılan diğer bir araştırmada Delong (2007) 150 buğday genotipini kullanmış ve ilgili QTL bölgelerini 6A, 7A, 1B, 3B, 4D ve 7D kromozomları üzerinde belirlemiştir. QTL'lerin fenotip varyasyona katkısının %7.27 ile %72.72 aralığında olduğunu bildirmişlerdir. Bununla beraber, 1B, 7A ve 7D kromozomlarında da birkaç QTL kümesi tespit etmişler ve ancak bunlar için farklı kromatit bölgeleri belirleyememişlerdir. Bu durum, QTL'lerin değişik koşullar altında farklı ifade modelleri sergilediklerini göstermektedir.

Araştırmamız da elde edilen neticelere göre bitki boyu özelliği açısından ilk yıl için 3 ilgili QTL bölgesi *Barc101*, *Barc 197* ve *GWM497* işaretçileri tarafından ilintili ve 1A, 4A, 3A, 3D, 4D, 5B, 6A, 3B, 2BL, 3AL-3-c ve 5D kromozomları üzerinde görülmüştür. İkinci yıl analizlerine ise *WMC756* ve *GWM340* isimli SSR işaretçileri sırayla 5D ve 3B kromozom bölgesi üzerinde tespit edilmiştir. Her iki yıl beraber değerlendirildiğinde, *Barc 186*, *Barc 197* ve *GWM 340* işaretçilerinin etkili olduğu görülmüştür. Toplam 5 QTL bölgesinin fenotip bitki boyu karakterinin fenotipik değişimine katkısı %2 – 6 arasında gözlemiştir. Tek yıllık ve her iki yıl için müşterek olan işaretçi tespit edilmemiştir. Dolayısıyla elde edilen işaretçilerin çevreden yüksek oranda etkilendiği sonucuna ulaşılmaktadır. Shah *et al.* (1999) RFLP işaretçileri yardımıyla buğday da bitki boyu özelliği için iki bağlı QTL bölgesini 3A kromozomu üzerinde bulmuşlardır. Buğdayda bitki boyu özelliği, etki değeri yüksek olan genler ve etki değeri küçük olan eklemeli genler tarafından birlikte kontrol edildiği bildirilmiştir (Caihong *et al.* 2013). Ma *et al.* (2012) yürüttüğü bir çalışmada, 2B, 3B, 3D, 4B ve 5A kromozomları üzerinde bitki boyu karakteri ile ilgili 5 QTL tespit etmişler ve fenotipik değişimin %6.37- 30.76

arasında değişen oranlarda katkıda bulunduğunu rapor etmişlerdir. Pirseyedi *et al.* (2006) benzer bir çalışmada *GWM493* işaretçi yardımıyla bitki boyu özelliğinin 3B kromozom üzerinde olduğunu bildirilmişlerdir.

Başak uzunluğu tarımsal özelliği için farklı yetiştirme yıllarında elde edilen değerler incelendiğinde toplam 8 adet QTL bölgesi belirlenmiştir. Bu QTL bölgeleri 3A, 4A, 5A, 2B, 3B, 5B ve 5AL-12~10 kromozomları üzerinde görülmüş ve fenotipik varyasyonun açıklanmasında %2 ile %19 değişen oranda katkıda bulunmuştur. Ancak, her yetiştirme yılında gözlenen ortak işaretçi bulunamamıştır. Ma *et al.* (2012) yaptıkları çalışmada başak boyu için 3 QTL tespit etmişlerdir. Bu QTL bölgeleri 1D, 5A kromozomları üzerinde yer almış ve fenotipik varyasyonun %10.77'lik kısmını kontrol etmektedir. Brabaklic *et al.* (2013) tarafından yapılan bir araştırmada başak uzunluğu ile ilgili iki bölge 4A ve 6A kromozomları üzerinde olduğu belirtilmiştir.

Bin tane ağırlığı ile ilgili olarak toplam adet 2 QTL bölgesi, 4A ve 3B kromozomları üzerinde tespit edilmiştir. Bu QTL'lerden sadece *GWM160* işaretçisi ile ilintili olan QTL bölgesi her yetiştirme yılında gözlenmiş ve ilili tarımsal özellikteki fenotipik varyasyonun %16'lık bölümünü açıklamaktadır ve. 4A kromozomu üzerinde yer almaktadır. Bu işaretçi bin tane ağırlık ile ilişkili olarak yüksek oranda bir varyasyonu açıklayabilme yeteneği, bu işaretçinin moleküler ıslah programlarında etkin bir seleksiyonun başarılı bir şekilde yürütülmesine imkân sağlayacaktır. Buğday bitkisinde ilişkilendirme haritası ile genetik işaretçiler ve tarımsal özelliklerin birbirleri ile olan ilişkilerinin tespit edilmesi üzerine yapılan bir araştırmada 4A kromozomunun önemli bir oranda bitki boyu, başaklanma süresi, başakta tane sayısı, başak uzunluğu, başakçık sayısı, tane sayısı ve tane ağırlığı ile ilişkili olduğu bildirilmiştir (Liu *et al.* 2010).

Çiçeklenme süresi ile ilgili 3 QTL bölgesi tespit edilmiştir. Bunlar 5AL-12~1, 3A ve 2B kromozomları üzerinde yer almışlar ve *Barc70*, *GWM501*, *Barc100* tarafından belirlenmişlerdir. Fenotipik değişikliklerini %2-%4'lük oranında açıklanmasına katkıda bulunmuşlardır. Ancak her iki yıl değerlendirilmesine göre müşterek işaretçi elde edilmemiştir. Flower *et al.* (2016) yaptıkları çalışmada çiçeklenme süresi özelliği ile

ilgili 6 QTL bölgesi bildirilmişlerdir. Bu QTL'lerden 2 adedi 1B kromozomu, 2 adedi 2B kromozomu ve birer adet te 4A ve 6A kromozomları üzerinde bulunduğunu bildirmişlerdir.

Fizyolojik olum süresi tarımsal özelliği için farklı yetiştirme yıllarında elde edilen değerler incelendiğinde toplam 3 adet QTL bölgesi belirlenmiştir. Bu QTL 5AL-12~c, 2A ve 6D kromozomları üzerinde görülmüş ve fenotipik varyasyonun açıklanmasında %2 ile %4 değişen oranda katkıda bulunmuştur. *Barc186* işaretçisi her iki yıl değerlendirilmesinde müşterek işaretçi olarak belirlenmiş ve işaretçi yardımı ile seleksiyon çalışmalarında kullanılabilir. Flower *et al.* (2016) yaptıkları çalışmada Fizyolojik olum süresi özelliği ile ilgili bir QTL bölgesi tespit edilmiş ve bu QTL'i 6A kromozomu üzerinde bulunduğunu bildirmişlerdir.

Başakta başakçık sayısı özelliği için ilk yetiştirme yılında önemli QTL bulunmamıştır. İkinci yetiştirme yılında ise 4 ilgili QTL bölgesi *Barc 165*, *Barc 186*, *GWM 349* ve *GWM160* işaretçileri ile belirlenmiş ve 5AL-12~c, 5AL-12~10 3B ve 4A kromozomları üzerinde yer almıştır. Analizler neticesine göre her iki yıl değerlendirilmesinde de hiç bir QTL tanımlanmamıştır. Sofalian (2008) yaptığı araştırmada, başakta başakçık sayısı özelliği için 4 ilgili QTL'e 5A ve 7A kromozomları üzerinde rastlamış ve bunlar *GWM291*, *GWM319*, *BARC180* işaretçileri tarafından belirlendiğini bildirmiştir. Liho *et al.* (2010) yaptıkları çalışmada 76 SSR ve 40 EST-SSR işaretçiler yardımıyla buğday bitkisinin 4A kromozomu üzerinde 5 tarımsal özelliği (bitki boyu, başak uzunluğu, başakta başakçık sayısı, başakta tane sayısı ve bin tane ağırlığı) ile ilgili toplamda 10 ilgili SSR işaretçi bölgesi belirlenmiş ve fenotipik varyasyonun açıklanmasında %4.85 ile %20.59 değişen oranda katkıları bulunduğunu rapor etmişlerdir.

Kıştan sonra çıkış sayısı özelliği değerlendirildiğinde toplam 10 adet QTL bölgesi tespit edilmiştir. Bunlar, 6A, 2B, 3B, 4A, 5D, 5B, 7B, 7A, 7D ve 5AL-12~1 kromozomları üzerinde yer almışlar ve fenotipik varyasyonun %2 ile %15 arasında değişen oranlarda açıklamaktadır. Her iki yıldaki verilere göre ortak bir işaretçi görülmemiştir. Dolayısıyla

kıştan sonra çıkış sayısı özelliğinin çevreden daha oldukça etkilendiği sonucuna varılmıştır.

Çalışmamızda başakta tane sayısı ile ilgili toplam 5 QTL tespit edilmiştir. Bunlar, 4A, 2A, 2B, 3B, 5AL-12-c ve 2 BL kromozomları bölgesinde tanımlanmış ve %2 ile %6 arasında değişen oranlara fenotipik varyasyonunu açıklamışlardır. Ancak her iki yetiştirme yılında müşterek olan işaretçiye rastlanmamıştır. Liu *et al.* (2010) başakta tane sayısı ile ilgili 2B ve 5A kromozomları üzerinde 2 QTL bölgesinin %3.36'lık bir oranda fenotipik varyasyonun açıklanmasına destek verdiğini bildirmişlerdir. Ayrıca, yaptıkları analiz sonuçlarına göre başakta tane sayısı, kıştan sonra çıkış sayısı, bin tane ağırlık, başakta başakçık sayısı ve başak uzunluğu ile ilgili QTL bölgelerinin 4A kromozomu üzerinde bulunduğunu rapor etmişlerdir.

Çalışmamızda önemli bir yer tutan ve soğuğa dayanıklılığın belirlenmesinde etkin bir seleksiyon yöntemi olan LT₅₀ sonuçlarına göre, *Barc101*, *GWM340*, *GWM160* ve *GWM493* işaretçileri ile ilişkili toplam 4 adet QTL bölgesi QTL'lerin %2 ile %12 arası fenotipik varyasyonun LT₅₀ özelliği için göstermiştir. *GWM160* ve *Barc101* işaretçileri büyük etkili olarak belirlenmiştir. Bu QTL'lerin 4A ve 2B kromozom bölgesinde bulunduğu tespit edilmiştir. Soğuğa dayanıklılık ile ilgili buğday bitkisinde yapılan başka bir çalışmada, Case *et al.* 2014 Brundage ve Coda çeşitleri melezlemesinden elde edilen rekombinant kendilenmiş F_{2:7} hatlarında 2391 DNA işaretçiler yardımıyla (bunlardan 1984 adedi SNP işaretçisi, 232 adet DArT işaretçisi ve 175 adet SSR işaretçisi olarak) 6 ilgili QTL bölgesi belirlenmiş ve bu QTL bölgelerinin 5BL, 3A, 2A ve 6D kromozomları üzerinde yer aldıklarını tespit etmişlerdir. Bu özelliğin fenotipik varyasyonunun açıklanmasında %1 ile %4 oranında katkıda bulunduğunu bildirmiştir. Ayrıca donmaya karşı dayanıklılık ile ilgili yürütülen diğer çalışmalarda, 1A, 1D, 2B, 5A, 5B, 6A ve 7B kromozomları üzerinde ilgili QTL'ler olduğunu saptamışlardır (Baga *et al.* 2007; Fowler *et al.* 2016).

Taleei *et al.* (2010) ekmeklik buğdayda düşük sıcaklığa dayanma seviyesi ile ilişkili QTL bölgeleri tanımlamak amacıyla kışlık çeşit Mirnovoskaya 808 (LT₅₀ = -20°C) ve

Pishtaz ($LT_{50} = -7^{\circ}C$) melezlenmesinden üretilen $F_2:F_3$ ve $F_2:F_4$ rekombinant kendilenmiş hattı kullanarak ve 170 SSR ve 22 AFLP işaretçi ile tarama işlemi gerçekleştirmiştir. Bu çalışma sonucunda 1 adet ilişkili QTL bölgesine 5B kromozomu üzerinde rastlamış ve bunlar *Xca21-Xca24* işaretçileri tarafından belirlendiğini bildirmişlerdir. Tespit edilen QTL bölgesinin %11.3'lik bir oranda fenotipik varyasyonun açıklanmasına görev aldığını rapor etmişlerdir. Kruse *et al.* (2017) ekmeklik buğday da 155 rekombinant kendilenmiş $F_{2:5}$ hattı kullanarak toplam 663 moleküler işaretçi aracılığıyla donma toleransı ile ilişkili bir QTL, 5A ve 4B kromozomları üzerinde olduğunu bildirilmişlerdir. Buna ek olarak; Baga *et al.* (2007) LT_{50} özelliğini etkileyen QTL bölgelerinin belirlenmesi amacı yaptıkları çalışmada tek işaretçi analizi yardımıyla, büyük bir etkiye sahip bir QTL bölgesini 5A kromozom üzerinde ve daha zayıf bir QTL bölgesini ise 1D kromozomu üzerinde saptamışlardır. Ayrıca 2A, 2B, 6D ve 7B kromozomlarının soğuğa dayanıklılıkla ilgili toplam 11 QTL bölgesini barındırdığını tespit etmişlerdir. Buna benzer diğer bir çalışmada Mohfozi *et al.* (2010) LT_{50} özelliği ile ilişkili iki QTL bölgesini 5D kromozomu üzerinde, iki QTL'i 5A kromozomu üzerinde, bir QTL'i 2B kromozomu üzerinde, bir QTL bölgesi 5B kromozom üzerinde ve önemli etki derecesine sahip bir QTL bölgesinde 1A kromozomu üzerinde tespit etmişlerdir. Toth *et al.* (2003) buğdayda yaptıkları benzer çalışmada donmaya dayanıklılık genlerinin, homolog 5. grup kromozomları üzerinde haritalandığını bildirmişlerdir ve ayrıca aynı kromozom üzerinde çiçeklenme süresini kontrol eden genlerde tespit edilmiştir.

5. SONUÇ

Birleştirilmiş varyans analizi sonuçlarına göre her iki yılda da tüm özellikler açısından genotipler arasında önemli bir fark olduğu görülmüştür. İncelenen özellikler açısından hatlar arasında önemli farklılıkların bulunması RK hatlardan oluşan haritalama popülasyonu içerisinde yeteri düzeyde varyasyonun olduğunu göstermektedir. Çalışmamızda elde ettiğimiz sonuç tarımsal özelliklerin genotipe bağlı olarak değiştiği sonucunu desteklemektedir.

Popülasyona ait bireylerin LT_{50} değerlerinin $-3^{\circ}C$ ile $-25^{\circ}C$ arasında değiştiği gözlemlenmiştir. Zagros ve Norstar ebeveynlerin LT_{50} değerleri sırasıyla $-4,5^{\circ}C$ ve $-24,34^{\circ}C$ olarak belirlenmiştir. Dondurma testi sonucunda Norstar çeşidi $-24,34^{\circ}C$ 'de LT_{50} değeri ile maksimum soğuğa dayanıklılık göstermiştir. Hatlara ait LT_{50} değeri soğuğa hassas olan Zagros ebeveynine yakın bir dağılım göstermiştir.

Yapılan değerlendirmeler sonucunda RK hatlardan oluşan haritalama popülasyonu içerisinde incelenen bazı özellikler arasında önemli ilişkiler olduğu tespit edilmiştir. En yüksek korelasyon değerinin ($0,675^{**}$), yaprak klorofil içeriği³ ile çiçeklenme süresi arasında gözlenmiş olup pozitif ve çok önemli bir ilişkiyi ortaya çıkarmıştır. Bu iki özelliğin regresyon eşitliği doğrusal ve çok önemli olmuştur.

İncelenen tarımsal özellikler ile LT_{50} değeri arasında sadece başaklanma süresi açısından pozitif ve önemli bir ilişki ($0,154^{*}$) olduğu tespit edilmiştir. Ancak, bu iki özellik arasında doğrusal olarak önemli bir regresyon ilişkisi bulunamamıştır. Başaklanma süresi arttıkça LT_{50} değerinin de arttığı gözlemlenmiştir.

2013-2014 yetiştirme yılı RK hatların tarımsal özelliklerinden elde edilen 23 adet QTL değeri belirlenmiş ve tespit edilen QTL'lerin fenotipik değişiklikleri açıklama oranı %2 ile %8 arasında değişmiştir.

2014-2015 yetiřtirme yılında hatların tarımsal özelliklerinden elde edilen 44 adet QTL değeri tespit edilmiř ve bu QTL'ler tarımsal özellikler ile iliřkili varyasyonun %2 ile %19'luk kısmını açıklamıřtır.

2013-2014 ve 2014-2015 yetiřtirme yılları için hatların tarımsal özelliklerinden elde edilen 35 adet QTL değeri bulunmuř ve tarımsal özellikleri ile ilgili varyasyonu %2 ile %16 arasında deęiřen oranda açıklamıřtır. İki yıl QTL verileri deęerlendirildięinde özellikler için toplamda 9 ortak QTL tespit edilmiřtir. Her iki yıl ortalamasında da SSR iřaretçilerden *GWM160*'ın %16 ile en yüksek etki değeriine sahip QTL olduęu belirlenmiřtir.

Bazı QTL bölgeleri farklı tarımsal özellikler için aynı olmuřtur. Bu durum, genetik baęlılıęın varlıęını veya pleiotropik etkiyi iřaret etmektedir. Çalışmamızda önemli bir yer tutan ve soęuęa dayanıklılıęın belirlenmesinde etkin bir seleksiyon yöntemi olan *LT₅₀* sonuçlarına göre, *Barc101*, *GWM340*, *GWM160* ve *GWM 493* iřaretçileri ile iliřkili toplam 4 adet QTL bulunmuřtur. *LT₅₀* tarımsal özellięi ile iliřkili olarak, SSR iřaretçilerinden *GWM160*'ın %12 ile en yüksek QTL oranına sahip olduęu belirlenmiřtir. Donmaya dayanıklılık ile ilgili QTL'lerin 4A, 2B ve 3B kromozomlarının üzerinde olduęu tespit edilmiřtir.

5.1. Öneriler

1. Bu çalışma sonucunda, buęday bitkisinde dona dayanıklılık ıslah programlarında etki değeri yüksek *GWM160* moleküler iřaretçisi etkin olarak kullanılabilir.
2. Bin tane aęırlıęı açısından seleksiyon programlarında *GWM160* moleküler iřaretçisi başarı ile kullanılabilir.
3. Haritalama popülasyonu farklı lokasyonlarda denenerek çevreden kaynaklanabilecek etkilerin gözlenmesine yardımcı olunabilir.

KAYNAKLAR

- Akkaya, A., 1993. Fosforlu Gübre Miktarı ve Uygulama Yöntemlerinin Kışlık Buğdayda Verim ve Bazı Verim Unsurlarına Etkisi. Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi, 24 (2), 36-50.
- Anonim, 2018. Başbakanlık Devlet Meteoroloji İşleri Genel Müdürlüğü Meteoroloji bültenleri ve Erzurum Meteoroloji Bölge Müdürlüğü'nün rasat sonuçları. <https://www.mgm.gov.tr>.
- Armoniene, R., Liatukas, Z. ve Brazauskas, G., 2013. Evaluation of freezing tolerance of winter wheat (*Triticum aestivum* L.) under controlled conditions and in the field. No:4 (2013) Zemdirbyste-Agriculture, vol. 100, No. 4: 417–424.
- Apogee, 2015. Chlorophyll Content Meter. www.apogeeinstruments.co.uk/apogee-instrumentschlorophyll-content-meter-technical-information (Erişim tarihi: 05.06.2015).
- Ateş, Ö., Sönmezoğlu, A., Yıldırım, T., Eserkaya, G. ve Kandemir, N., 2010. Markör Destekli Seleksiyonun Buğday Islahında Kullanımı. Gaziosmanpaşa Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkileri Bölümü, 60240 Tokat.
- Avcı, Bersin., M., 1998. Makarnalık buğdayda ana sapa verim ve bazı verim öğelerinin korelasyonu ve path analizi. 1998. Tarla Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsü Dergisi (7),2.
- Aydoğan, S., Soylu, S., 2017. Ekmeklik buğday çeşitlerinin verim ve verim öğeleri ile bazı kalite özelliklerinin belirlenmesi. Bahri Dağdaş Uluslararası Tarımsal Araştırma Enstitüsü, Konya. Dergisi, 26 (1):24-30.
- Ayrancı, R., Sade, B. ve Soylu, S., 2017. Ekmeklik buğday genotiplerinin verim ve fenolojik özelliklerinin tane doldurma dönemindeki kuraklık stresine tepkileri. Ahi Evran Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkileri Bölümü, Kırşehir. Araştırma Makalesi Tarla Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsü Dergisi, 26 (Özel Sayı): 112–118.
- Baga, M., Hodaparambil, S. V. C., Limin, A.E., Pecar, M., Brian Fowler, D. and Chibbar., R.N., 2007. Identification of quantitative trait loci and associated candidate genes for low-temperature tolerance in cold-hardy winter wheat. Functional & Integrative Genomics, Volume 7.pp 53–68.
- Blue, E. N., Mason, S. C. and Sander, D. H., 1990. Influence of planting date, seedingrate and phosphorus rate on wheat yield. Agronomy Journal 82.(4), 762-768.
- Borghi, B., Guiducci, M., Corbellini, M. and Monotti, M., 1992. Attempts al avoiding the yield constraints of bread wheat in mediterranean environments. Agron.and Crop Sci.168:49-60.
- Botstein, D., White, R.L., Skolnik, M. and Davis, R.W., 1980. Construction of a Genetic Linkage Map in Man Using Restriction Fragment Length Polymorphisms, Am. J. Hum. Genet., 32, 314-331.
- Börner, A., Schumann, E., Fürste, A., Cöster, H., Leithold, B., Röder, M.S. and 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.

- Bray EA. 2004. Genes commonly regulated by water-deficit stress in *Arabidopsis thaliana*. *J Exp Bot.* 55:2331–2341.
- Brbaklic, L., Trkulja, D., Kondic -Spika, A., Treskic , S. ve Kobiljski, B., 2013. Detection of QTLs for important agronomical traits in Hexaploid wheat using association analysis. *Czech J. Genet. Plant Breed.*, 49, 2013 (1): 1–8.
- Bridger G.M., Faik D.E., Mckersie B.D., Smith D.L., 1996. Crown freezing tolerance and field winter survival of winter cereals in Eastern Canada. *Crop Sci.* 36(1):150-157.
- Brule-Babel, A.L. and Fowler, D.B., 1988. Genetic control of cold hardiness and vernalization requirement in winter wheat. *Crop Science*, 28:879-884.
- Caihong, B., Liang, Y. and Malcolm, J.H., 2013. Identification of QTLs associated with seedling root traits and their correlation with plant height in wheat. *Journal of Experimental Botany*, Vol. 64, No. 6, pp. 1745–1753.
- Case, A. J., Skinner, D. Z., Garland-Campbell, K. A. and Carter, A. H., 2014. Freezing tolerance-associated quantitative trait loci in the Brundage x Coda wheat recombinant inbred line population. in *Crop Sci.* 54:982–992.
- Cattivelli, L. and Bartels, D., 1990. Molecular cloning and characterization of cold-regulated genes in barley. *Plant Physiol.* 93, 1504-1510.
- Collard, B.C.Y., M.Z.Z. Jahufer, J.B. Brouwer, and E.C.K. Pang. 2005. An introduction to markers, quantitative trait loci (QTL) mapping and marker-assisted selection for crop improvement: The basic concepts. *Euphytica* 142:169–196.
- Crosatti C., Nevo E., Stanca A. M., Cattivelli L., 1996. Genetic analysis of the accumulation of cor14 proteins in wild (*Hordeum spontaneum*) and cultivated (*Hordeum vulgare*) barley. *Theor. Appl. Genel.* 93 (5-6):975-981.
- Crosatti C., De Laureto P.P., Bassi R., Cattivelli L., 1999. The interaction between cold and light controls the expression of the cold-regulated barley gene cor14b and the accumulation of the corresponding protein. *Plant Physiol.* 119(2):671-680.
- Cushman JC, Bohnert HJ. 2000. Genomic approaches to plant stress tolerance. *Curr Opin Plant Biol.* 3:117–124.
- Çağlar, Ö., Öztürk A. ve Bulut., S., 2006. Bazı Ekmeklik Buğday Çeşitlerinin Erzurum Ovası Koşullarına Adaptasyonu. Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümü, 25240 Erzurum. 37 (1),1-7.
- Çakmak, M., 2008. Ekmeklik buğday (*T.aestivum* L.) Genotiplerinde Başaklanma Sonrası Bazı Fenolojik, Fizyolojik ve Bitkisel Özellikler ile Verim, Kalite Unsurları arasında ilişkileri belirlenmesi. 112. Yüksek Lisans Tezi.
- Çakmakçı, S., ve Açıkgöz, E., 1992. Tarla bitkilerinde soğuga dayanıklılık mekanizması ve dayanıklılık ıslahı. *Ulud. üniv. Zir. Fak. Dergi* 9:193-204. *GOÜ. Ziraat Fakültesi Dergisi*, 2010, 27(1), 105-112.
- De-Long, Y., 2007. Quantitative trait loci mapping for chlorophyll fluorescence and associated traits in wheat (*Triticum aestivum*) Ministry of Agriculture/Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China.
- Denesik TJ. 2007. Quantitative expression analysis of four low-temperature-tolerance-associated genes during cold acclimation in wheat (*Triticum aestivum* L.) [Master of Science]. University of Saskatchewan.

- Dhillon, T., S.P. Pearce, E.J. Stockinger, A. Distelfeld, C. Li, A.K. Knox, I. Vashegyi, A.V. Vagujfalvi, G. Galiba, and J. Dubcovsky. 2010. Regulation of freezing tolerance and flowering in temperate cereals: The VRN-1 connection. *Plant Physiol.* 153:1846–1858.
- Dokuyucu, T., Cesurer, L., Akkaya, A., 2001. Bazı Ekmeklik Buğday (*Triticum aestivum* L.) Çeşitlerinde Verim ve Verim Unsurlarının Belirlenmesi. Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniv. Fen ve Mühendislik Derg., 4(1), 109-117.
- Domon, E., Fujita M. and Ishikawa N., 2002. The insertion/deletion polymorphisms in the waxy gene of barley genetic resources from East Asia. *Theor Appl Genet* 104,132-138.
- Doyle, J.J. and Doyle, J.E., 1990. Isolation of plant DNA from fresh plant tissue. *Focus* 12,13 15.
- Dönmez, Ö., Aydemir, T. ve Aktaş, B. 2008. Arpada Çeşit Tanımlaması. Tohumluk Tescil ve Sertifikasyon Merkezi Yayınları, sayfa: 78. Ankara.
- Duncan D. and Widholm J. K., 1987. Proline accumulation and its implication in cold tolerance of refrigerable maize callus. *Plant Physiol.* 83,707-708.
- Dunn MA, White AJ, Vural S, Hughes MA. Identification of promoter element in a low-temperature-responsive gene (*blt4.9*) from barley (*Hordeum vulgare* L.) *Plant Mol Biol.* 1998;38:551–56
- Eagles, H. A., Bariana, H. S., Ogonnaya, F. C., Rebetzke, G. J., Hollamby, G. J., Henry, R. J., Henschke P.H. and Carter, M., 2001. Implementation of markers in Australian wheat breeding. *Australian Journal of Agricultural Research* 52(12) 1349 – 1356.
- Eric, W. S., Allan R. E. and Walker-Simmons, M. K., 1988. Effect of the *Vrnl-Frl* interval on cold hardiness levels in Near-isogenic wheat lines. *Crop. Sci.* 38,483-488.
- Fowler, D. B., Gusta L. V. and Tyler N. J., 1981. Selection for winter hardiness in wheat. III screening methods. *Crop. Sci.* 21,896-901.
- Fowler, D. B., 1982. Date of seeding, fall growth and survival of winter wheat and rye. *Agron. J.* 74:1060-1063.
- Fowler and Brydon, 1991. Response of no-till winter wheat to seed-placed ammonium nitrate fertilizer. *Can. J. Soil Sci.* 71,55-66.
- Fowler, D. B., Chauvin L. P., Limin A. E. and Sarhan F., 1996. The regulatory role of vernalization in the expression of low-temperature-induced genes in wheat and rye. *Theor. Appl. Genet.*, 93,554-559.
- Fowler, D. B., Limin A. E. and Ritchie J. T., 1999. Low-temperature tolerance in cereals: Model and genetic interpretation. *Crop. Sci.* 39,1-8.
- Fowler, S. and Thomashow, M.F., 2002. Arabidopsis transcriptome profiling indicates that multiple regulatory pathways are activated during cold acclimation in addition to the CBF cold response pathway. *Plant Cell.* 2002 Aug;14(8):1675-90.
- Fowler, D. B., Diaye, N., Laudencia-Chingcuanco, A. D. And Pozniak, C. J., 2016. Quantitative Trait loci associated with phenological development, low-temperature tolerance, grain quality, and agronomic characters in wheat (*Triticum aestivum* L.). NO: 10.1371 plos one /journal.pone.0152185.
- Fujita, M., Kawada, N. ve Tahir, M., 1992. Relation between cold resistance, heading traits and ear primordia development of wheat cultivars. *Euphytica* 64: 123-130.

- Galiba, G., S.A. Quarrie, J. Sutka, A. Morgounov, and J.W. Snape. 1995. RFLP mapping of the vernalization (Vrn1) and frost resistance (Fr1) genes on chromosome 5A of wheat. *Theor. Appl. Genet.* 90:1174–1179
- Galiba, G., Kerepesi I., Snepe J. W. and Sutka J., 1997. Lokation of a gene regulating cold-induced carbohydrate production on chromosome 5A of wheat. *Theor Appl Genet.* 95,265-270.
- Georges, F., Saleem M. and Cutler A. J., 1990. Desing and cloning of a synthetic gene far the flounder antifreeze protein and its expression in planı cells. *Gene*, 8,159-165.
- Giorni E., Crosatti C., Baldi P., Grossi M., Mare C., Stanca A.M., Cattivelli L., 1999. Cold-regulated gene expression during winter in frost tolerant and frost susceptible barley cultivars grown under field conditions. *Euphytica*. 106(2):149-157.
- Griffith, M., Ala P., Yang D. S. C., Hon W. and Muffat B., 1992. Antifreeze protein produced endogenously in winter rye leaves. *Plant Physiol.*, 100,593-596.
- Grossi, M., Giorni, E., Rizza, F., Stanca, A.M. and Cattivelli, L., 1998. Wild and cultivated barleys show differences in the expression pattern of a cold- regulated gene family under different light and temperature conditions *Plant Mol. Biol.* 38 (6), 1061-1069.
- Gupta, P.K. and Varshney, R.K., 2000. The development and use of microsatellite markers for genetic analysis and plant breeding with emphasis on bread wheat. *Euphytica* 113: 163–185.
- Gupta, P.K. and Rustgi, S., 2004. Molecular markers form the transcribed/expressed region of the genome in higher plants. *Funct Integr Genomics*, 4, 139-162.
- Gusta, L. V., Fowler D. B. and Tyler N. Y., 1983. An evaluation of several chemical tests as possible selection measures for winterhardiness in wheat. *Can. J. Plant Sci.*, 63,115-119.
- Guy, C. L. 1990. Cold acclimation and freezing stres tolerance: Role of protein metabolism. *Plant Mol. Biol.*, 41,187-223.
- Hamada, H., Petrino, M.G. and Kakunaga, T., 1982. A novel element with Z-DNA-forming potential is widely found in evolutionarily diverse eukaryotic genomes. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 79:6465–6469.
- Hannah MA, Heyer AG, Hinch DK. 2005. A global survey of gene regulation during cold acclimation in *Arabidopsis thaliana*. *PLoS Genet.* 1:e26.
- Hayes, H., Elduque, M., Gautier, L., Schibler, E., Cribiu, E. & Eggen, A., 2002. Gene mapping progress in cattle and updated comparative map with man, mouse, rat and pig. *Proc. XXVIII Int. Conf. Anim. Gen.* August 11-15, 2002. Göttingen, Germany.
- Heidarvand L, Maali Amiri R. 2010. What happens in plant molecular responses to cold stress? *Acta Physiol Plant.* 32:419–431.
- Hernandez L. and E. Vierting, 1993. Expression of low molecular weight heat-shock proteins under field conditions. *Plant. Physiol*, 101,1209-1216.
- Hightower, C. B., Penzes E., Lund P. and Dunsmuir P., 1991. Expression of antifreeze proteins in transgenic plants. *Plant Mol. Biol.*, 101,1013-1021.
- Hon, W-C., Griffith M., Chong P. and Yang D. S. C., 1994. Extraction isolation of antifreeze from winter rye (*Secale cereale* L.) leaves. *Plant. Physiol*, 104,971-980.

- Hughes M.A, Dunn M.A, 1996. The molecular biology of plant acclimation to low temperature. J. of Exp. Botany. 47 (296):291-305.
- Jan N, Mahboob Ul H, Andrabi KI. 2009. Cold resistance in plants: amystery unresolved. Electron J Biotechnol. 12:14–15.
- Kara, B ve Akman, Z., 2007. Yerel buğday ekotiplerinde özellikler arası ilişkiler ve path analizi. Süleyman Demirel Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergi, 11,3:219-224.
- Karaman, M., Akıncı, C. ve Yıldırım, M., 2014. Bazı ekmeklik buğday çeşitlerinde fizyolojik parametreler ile tane verimi arasındaki ilişkinin araştırılması yayın No: 15(1): Trakya Üniversitesi Journal of Natural Sciences, 41-46.
- Khaidizar, M., Haliloğlu, K., Elkoca, E., Aydın, M. ve Kantar, F., 2012. Genetic Diversity of common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces grown in northeast anatolia of Turkey assessed with simple sequence repeat markers. Turkish Journal of Field Crops, 2012, 17(2):145-150.
- Kıral, A.S. ve Özcan, H., 1990. Erzurum Kırac Şartlarında Lancer Kışlık Ekmeklik Buğday Çeşidinde Tohum, Fosfor ve Azot Uygulama Miktarları. Doğu Anadolu Tarımsal Araştırma Enst. Yay. No: 5, Erzurum.
- Kocsy, G., Athmer, B., Perovic, D., Himmelbach, A., Szűcs, A., Vashegyi, I., Schweizer, P., Galiba, G., Stein, N., 2010. Regulation of gene expression by chromosome 5A during cold hardening in wheat. Mol Genet Genomics. 283:351–363.
- Kreps JA, Wu YJ, Chang HS, Zhu T, Wang X, Harper JF. 2002. Transcriptome changes for Arabidopsis in response to salt, osmotic and cold stress. Plant Physiol. 130:2129–2141.
- Kruse, E.B., Scott, W., Carle, N., Wen, D., Skinner, Z., Timothy, D., M., Kimberly, A., Garland-Campbell and Arron, H., 2017. Genomic Regions Associated with Tolerance to Freezing Stress and Snow Mold in Winter Wheat. No:7. Department of Crop and Soil Sciences, United States Department of Agriculture-Agricultural Research Service, Wheat. 775-780.
- Landjeva, S., Lohwasser, U. and Börner, A., 2010. Genetic mapping within the wheat D genome reveals QTL for germination, seed vigour and longevity, and early seedling growth. Institute of Genetics Bulgarian Academy of Sciences Sofia Bulgaria Euphytica, 171:129.
- Liu, L., Wang, L., Yao, J., Zheng, Y. and Zhao, C., 2010. Association mapping of six agronomic traits on chromosome 4A of wheat (*Triticum aestivum* L.) Molecular Plant Breeding Vol.1 No.5:1-10.
- Limin, A. E., Danyluk J., Chauvin L. P., Fowler D. B. and Sarhan F., 1997. Chromosome mapping of low-temperatura induced *Wcs120* family genes and regulation of cold-tolerance expression in wheat. Mol and Gen. Genet. 253,720-727.
- Limin, A. E. and Fowler, D. B., 2002. Developmental traits affecting low-temperature tolerance response in near –isogenic lines for the vernalization locus *VrnA1* in wheat (*Triticum aestivum* L. em Thell). Ann. Bot. 89: 579-585.
- Limin, A.E. and Fowler, D.B., 2006. Low-Temperature tolerance and genetic potential in wheat (*Triticum aestivum* L.): Response to photoperiod, vernalization, and plant development. Planta 224:360–366.

- Livingston, D. P., 1996. The second phase of cold hardening: freezing tolerance and fructan isomer changes in winter cereal crowns. *Crop. Sci.* 36,1568-1573.
- MA, J., Zhang, C.Y., Yan, G.J. and Liu, C.J., 2012. Identification of qtls conferring agronomic and quality traits in hexaploid wheat. school of plant biology, the university of western australia. *Journal of Integrative Agriculture* 11(9): 1399-1408.
- Madison, D. L., Scrofano M. M., Ireland R. C. and Loomis L. H., 1991. Purification and partial characterization of an ice nucleator protein from the intertidal gastropod, *Melanopus bidentatus*. *Cryobiology*, 28,483-490.
- Mahfoozi S., Limin A. E., Fowler, D. B., 2001. Influence of vernalization and photoperiod responses on cold hardiness in winter cereals. *Crop Sci*41: 1006-1011.
- Mahfoozi, S., Khiavi, M., Janmohammadi, M. and Kamel, M., 2010. Study on developmental control of low-temperature (LT) tolerance of wheat cultivars acclimated at field conditions of cold and temperate regions of Iran. *Agricultural crops: wheat: area harvested*,14(6):415–21.
- Maruyama K., Sakuma Y., Kasuga M., Ito Y., Seki M., Goda H., Shimada Y., Yoshida S., Shinozaki K., Yamaguchi-Shinozaki K., 2004. Identification of cold-inducible downstream genes of the Arabidopsis DREB1A/CBF3 transcriptional factor using two microarray systems. *Plant J*.38:982–993.
- Mastrangelo, A.M., Baldi P., Mare C., Terzi V., Galiba G., Cattivelli L. and Di Fonzo N., 2000. The cold dependent accumulation of COR TMC-AP3 in cereals with contrasting, frost tolerance is regulated by different mRNA expression and protein turnover. *Plant Sci.* 156,47-54.
- Matsuoka, Y., Mitchell, S.E., Kresovich, S. Goodman, M. and Doebley, J., 2002. Microsatellites in *Zea*-variability, patterns of mutations and use for evolutionary studies. *Theor. Appl. Genet.*, 104, 436-450.
- Medini, M., Hamza, S., Rebai, A. and Baum, M., 2005. Analysis of genetic diversity in Tunisian durum wheat cultivars and related wild species by SSR and AFLP markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 52: 21–31.
- Murphy, K. M., Dawson, J.C. and Jones, S. S., 2008. Relationship among phenotypic growth traits, yield and weed suppression in spring wheat landraces and modern cultivars. *Field Crops Research* 105(1), 107-115.
- Muramoto, Y., Watanabe A, Nakamura T. and Takabe T., 1999. Enhanced expression of a nuclease gene in leaves of barley plants under salt stress. *Gene* 234,315-321.
- Murelli C., Rizza F., Albin F.M., Dulio A, Terzi V., Cattivelli L., 1995. Metabolic changes associated with cold-acclimation in contrasting cultivars of barley. *Physiol. Plantarum.* 94(1):87-93.
- Norayin, M., 2007. Estimation of Genetic Parameters for Cold Tolerance in Bread Wheat and It's Relation to Molecular Polymorphism of Parents. No:159. Yüksek Lisans Tezi.124.
- Özcan, O. B. ve Barutcular, C., 2018. Çukurova bölgesi ekmeklik buğday çeşidinde (*Triticum aestivum* L.) çiçeklenme döneminde ışık kullanım etkinliği özellikleri ile verim arasındaki ilişkileri incelenmesi. *Ç.Ü Fen ve Mühendislik Bilimleri Dergisi* Yıl 2018 Cilt: 35-7.

- Öztürk, İ. ve Korkut, K. Z., 2018. Ekmeklik Buğday (*Triticum aestivum* L.)'ın Farklı Gelişme Dönemlerinde Kuraklığın Verim ve Verim Unsurlarına Etkisi. Journal of Tekirdag Agricultural Faculty. 2018: 15 (02).
- Pan, A, Hayes P. M., Chen F., Chen T. H., Blake T., Wright S., Karsai I. and Bedo Z., 1994. Genetic analysis of components of winterhardiness in barley (*Hordeum vulgare* L.). Theor. Appl. Genet, 89,900-910.
- Parodi, P.C., Nyquist, W.E., Patterson, F.L. ve Hodgson, H.F., 1983. Traditional combining ability and Gardner- Eberhart analyses of diallel for cold resistance in winter wheat. Crop Sci., 23:314-318.
- Pearce R.S., Dunn M.A, Rixon J.E., Harrison P., Hughes M.A, 1996. Expression of cold-inducible genes and frost hardiness in the crown meristem of young barley (*Hordeum vulgare* L. cv igri) plants grown in different environments. Plant, Cell and Environment, 19 (3):275-290.
- Pearce R.S., Houlston C.E. Atherton K.M., Rixon J.E., Harrison P., Hughes M.A., Dunn M. A., 1998. Localization of expression of three cold-induced genes, btlOI, btl4.9, and btl14, in different tissues of the crown and developing leaves of cold-acclimated cultivated barley. Plant Physiol. 117(3):787-795.
- Phillips J.R., Dunn M.A., Hughes M.A., 1997. mRNA stability and localisation of the low-temperature-responsive barley gene family BLT14. Plant Mol. Biol. 33(6):1013-1023.
- Pirseyedi, S.A. M., Mardi, M., Naghavi, M. R., Poor Iran dost. H., sadeghzade, D., Mohammadi, S. A. AB and Ghareyazi. B., 2006. Evaluation of genetic diversity and identification of informative markers of morphological characters in sardari derivative wheat lines. NO:9(13). Pakistan journal of biological sciences. 2411-2418.
- Powell, W., Machray, G.C. and Provan, J., 1996. Polymorphism Revealed by Simple Sequence Repeats. Trends in Plant Science, 1(7), 215-221.
- Rafalski, A., Morgante, M., Powell, W., Vogel, J.M. and Tingey, S.V., 1996. Generating and Using DNA Markers in Plants. In: Birren B., Lai E. (Eds.): Analysis of Non-Mammalian Genomes -A Practical Guide. Academic Press., New York.
- Ravel, C., Praud, S., Canaguier, A., Dufour, P., Giancola, S., Balfourier, F., Chalhou, B., Brunel, D., Linossier, L., Dardevet, M., Beckert, M., Rousset, M., Murigneux, A. and Charmet, G., 2007. DNA Sequence Polymorphisms and Their Application to Bread Wheat Quality. Euphytica, 158: 331-336.
- Riede, C. R. and Anderson J. A., 1996. Linkage of RFLP markers to an aluminum tolerance gene in wheat. Crop. Sci. 36,905-909.
- Sanghai Maroof, M. A., Yang G. P., Biyashev R. M., Maughan P. J. and Zhang Q., 1996. Analysis of the barley and rice genomes by comparative RFLP linkage mapping. Theoretical and Applied Genet. 92,541-551.
- Scheffter, F. and Lorenz H., 1968. Pool-aminosäuren in keimenden Samen, Blättern mehrerer Entwicklungsstadien sowie im wachsenden und reifenden Korn. Phytochemistry 7,1279-1288.
- Seki, M., Narusaka, M., Abe, H., Kasuga, M., Yamaguchi-Shinozaki, K., Carninci, P., Hayashizaki, Y., Shinozaki, K., 2001. Monitoring the expression pattern of 1300 Arabidopsis genes under drought and cold stresses by using a full-length cDNA microarray. Plant Cell.13:61-72.

- Seki, M., Narusaka, M., Ishida, J., Nanjo, T., Fujita, M., Oono, Y., Kamiya, A., Nakajima, M., Enju, A., Sakurai, T., 2002. Monitoring the expression profiles of 7000 Arabidopsis genes under drought, cold and high-salinity stresses using a full-length cDNA microarray. *Plant J.* 31:279–292.
- Shah, M. M., Gill, K. S., Baenziger, P. S., Yen, Y., Kaepler, S. M. and Ariyaratne, H. M., 1999. Molecular mapping of loci for agronomic traits on chromosome 3A of bread wheat. *Crop Sci.*, 39: 1728-1732.
- Snape, J.W., A. Semikhodskii, L. Fish, R.N. Sarma, S.A. Quarrie, G. Galiba, and J. Sutka. 1997. Mapping frost tolerance loci in wheat and comparative mapping with other cereals. *Acta Agron. Hung.* 45:265–270.
- Snape, J.W., K. Butterworth, E. Whitechurch, and A.J. Worland. 2001. Waiting for fine times: Genetics of flowering time in wheat. *Euphytica* 119:185–190
- Skinner D. Z. and Garland-Campbell, K. A., 2008. The relationship of LT50 to prolonged freezing survival in winter wheat. USDA-ARS and Department of Crop and Soil Sciences, Washington State University, May 2008. No:885-889.
- Sofalian, O., Mohammadi, S.A., Aharizad, S., Moghaddam, M. and Shakiba, M., 2008. Mapping of QTLs for frost tolerance and heading time using SSR markers in bread wheat. *Afr. J. Biotechnol.* 9:5260–5264.
- Stanca, A.M., Crosatti, C., Grossi, M., Lacerenza, N.G., Rizza, F., Cattivelli, L., 1996. Molecular adaptation of barley to cold and drought conditions. *Euphytica*, 92 (1-2):215-219.
- Sutka, J., Galiba, G., Vagujfalvi, A. Gill, B.S. and Snape, J.W., 1999. Physical mapping of the Vrn-A1 and Fr1 genes on chromosome 5A of wheat using deletion lines. *Theor. Appl. Genet.* 99:199–202
- Sutka, J., 2001. Genes for frost resistance in wheat. *Euphytica* 119: 167–172, 2001. Printed in the Netherlands. Agricultural Research Institute of the Hungarian Academy of Sciences, H-2462 Martonvasar, Hungary.
- Svec, L. V. and Hodges, H. F., 1972. Cold hardening and morphology of barley seedlings in controlled and natural environments. *Can. J. Plant Sci.* 52:955-963.
- Talbert, L.E., Blake, N.K., Chee, P.W., Blake, T.K. and Magyar, G.M., 1994. Evaluation of “sequence-tagged-site” PCR products as molecular markers in wheat. *Theoretical and Applied Genetics* February, Volume 87, Issue7, pp 789–794.
- Taleei, A., Mirfakhraee, R. G., Mardi, M., Zali, A. A. and Mahfouzi, C., 2010. QTL markers associated with low temperature tolerance in winter wheat. Vol. 2. No. 3. *International Journal of Bio- International Journal of Bio-Science* 39-47.
- Tanna, K., Taketa S., Takeda, K. and Komatsuda, T., 2002. A DNA marker closely linked to the vrs1 locus (row-type gene) indicates multiple origins of six-rowed cultivated barley (*Hordeum vulgare* L.). *Theor Appl Genet* 104,54-60.
- Toth, B., Galiba, G., Feher, E., Sutka, Y. and Snap, W., 2003. Mapping genes affecting flowering time and frost resistance on chromosome 5B of wheat. *Theor. Appl. Genet.*, 107: 509-514.
- TÜİK, 2018. Bitkisel ürün istatistikleri. <http://www.tuik.gov.tr>. Erişim Tarihi: 09.08.2018.
- Urrutia, M., Duman J. and Knight C., 1992. Plant thermal hysteresis protein. *Biochimica et Biophysica Acta*, 1121,199-206.

- Vagujfalvi, A., Kerepesi I., Galiba G., Tischner T. and Sutka J., 1999. Frost hardiness depending on carbohydrate changes during cold acclimation in wheat. *Plant Sci.* 144,85-92.
- Vagujfalvi, A., Crosatti C., Galiba G., Dubcovsky J. and Cattivelli L., 2000. Two loci on wheat chromosome 5A regulate the differential cold-dependent expression of the *cor14b* gene in frost-tolerant and frost-sensitive genotypes. *Mol Gen Genet* 263, 194-200.
- Vogel, J.T, Zarka, D.G., Van Buskirk, H.A., Fowler ,S.G., Thomashow, M.F., 2005. Roles of the CBF2 and ZAT12 transcription factors in configuring the low temperature transcriptome of *Arabidopsis*. *Plant J.* 41:195–211.
- Vos, P., Hogers, R., Bleeker, R., Reijans, M., Van, T., De Lee, M., Homes A., Frijters Pot, J., Peleman, J., Kupier, M. and Zabeau, M., 1995. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. *Nucl Acids Res* 23: 4407–4414.
- Wang, C. Y., 1982. Physiological and biochemical responses of plants chilling stress. *Hortscience*, 17(2),173-185.
- Wang, D., Shi, J., Carlson, S., Cregan, P., Ward, R. and Diers, B., 2003. A low-cost, high throughput polyacrylamide gel electrophoresis system for genotyping with microsatellite DNA markers. *Crop science*, 43, (5), 1828-1832.
- Welsh, J. and McClelland, M., 1991. Genomic fingerprints produced by PCR with consensus tRNA gene primers. *Nucleic acids research*, 19, (4), 861-866.
- Winfield, M.O., Lu, C., Wilson, I.D., Coghill, J.A. and Edwards, K.J., 2010. Plant responses to cold: Transcriptome analysis of wheat. *Plant Biotechnol. J.* 8:749–771.
- Yağmur, M. ve Kaydan, Z., 2008. Kışlık buğdayda tane verimi, verim öğeleri ve fenolojik dönemler arasındaki ilişkiler. *H.R.Ü.Z Dergisi*, 12(4):9-18.
- Yıldırım, M., Akıncı, C., Koç, M. ve Barutçular, C., 2009. Bitki örtüsü serinliği ve klorofil miktarının makarnalık buğday ıslahında kullanım olanakları. *Anadolu Tarım Bilimleri Dergisi*, 24(3): 158-166.
- Zhang, MA. J., Yan, C. Y. and Liu, G. J., 2012. Identification of QTLs conferring agronomic and quality traits in hexaploid Wheat. *NO:11(9): Journal of Integrative Agriculture* 2012, 1399-1408

ÖZGEÇMİŞ**KİŞİSEL BİLGİLER**

Adı Soyadı : Parisa BOLOURİ

Medeni Hali : Evli

Doğum Yeri ve Tarihi : Iran- Tebriz 1982

EĞİTİM DURUMU

Lisans Öğrenimi : Tebriz Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkiler Bölümü

Yüksek Lisans Öğrenimi : Tebriz Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkiler Bölümü

Bildiği Yabancı Diller : İngilizce ve Türkçe

İŞ DENEYİMİ**İLETİŞİM**

E-posta adresi : p_bolori@ymail.com