

Yurtdışı ve Türkiye Kaynaklı Yerel Ekmeklik ve Makarnalık Buğday Genotiplerinin Hastalıklara Dayanıklılık ve Kalite Yönünden Fonksiyonel Markörler İle Karakterizasyonu

Ayşenur UYSAL¹, Ziya DUMLUPINAR^{2*}

^{1,2}KSU Agricultural Biotechnology Department, Kahramanmaraş, Türkiye

¹<https://orcid.org/0000-0002-2021-0748>, ²<https://orcid.org/0000-0003-3119-6926>

✉: zdumlupinar@ksu.edu.tr

ÖZET

Bu çalışmada 59 buğday (55 ekmeklik ve 4 makarnalık) genotipi sarı pas, kahverengi pas, kara pas, külleme ve fusarium başak yanıklığı hastalıklarına dayanıklılık genleri ile yüksek protein, gluten mukavemeti ve bin tane ağırlığı gibi kalite özellikleri ile ilgili allele özel 14 basit dizi tekrarları (SSR) primeri ile taranmıştır. Araştırma sonuçlarına göre, yüksek protein *Gpc-B19* alleli (UHW89 primeri) 59 genotipte, kahverengi pas *Lr34* alleli (XGWM130 primeri) 16 genotipte, fusarium başak yanıklığına dayanıklılık alleli (XGWM129 primeri) dört genotipte, sarı pasa dayanıklılık alleli *Yr15* (XGWM18 primeri) 17 genotipte, *Yr45* alleli (XGWM47 primeri) 17 genotipte, kara pasa dayanıklılık alleli *Sr49* (Sun479 ve Sun209 primeri) sırasıyla 19 ve 33 genotipte istenilen bant uzunluğunu vermiştir. Araştırmada, 14 SSR markörü buğday genotiplerinde toplam 68 adet allel üretmiştir. Ortalama allel sayısı 4.78, ortalama polimorfizm bilgi içeriği (PIC) 0.57 olarak hesaplanmıştır. Moleküler veriler kullanılarak elde edilen dendrograma göre iki ana grup oluşmuştur. Birinci grup sadece üç genotipten (B27, B35 ve B37) meydana gelirken, geri kalan 56 genotip diğer ana grupta yer almıştır. Buğday genotiplerindeki genetik mesafe % 33 ile % 94 arasında değişirken, B15 ile B33 genotipleri arasındaki genetik benzerlik % 94 olarak tespit edilmiştir.

Tarla Bitkileri

Araştırma Makalesi

Makale Tarihçesi

Geliş Tarihi : 23.03.2021

Kabul Tarihi : 03.09.2021

Anahtar Kelimeler

Buğday

SSR markörleri

Hastalık

Kalite

Characterization of Foreign and Turkish Originated Bread and Durum Wheat Landraces by Disease Resistance and Quality Using Functional Markers

ABSTRACT

In the study, 59 wheat genotypes (55 bread and 4 durum wheat) were screened for stripe rust, leaf rust, stem rust, powdery mildew, fusarium head blight, high protein content, gluten strength and thousand kernel weight traits by 14 simple sequence repeats (SSR) markers. According to the results, high protein content allele *Gpc-B19* (UHW89 primer) was identified in all genotypes, while leaf rust resistance allele *Lr34* (XGWM130 primer) detected in 16 genotypes and the XGWM129 primer related with fusarium head blight resistance determined in four genotypes. The yellow rust resistance alleles *Yr15* (XGWM18 primer) was detected in 17 genotypes and *Yr45* (XGWM47 primer) identified in 17 genotypes, while stem rust resistance allele *Sr49* (Sun479 and Sun 209 primers) detected in 19 and 33 genotypes respectively. In the research, 14 SSR markers produced 68 alleles across the wheat genotypes. The average allele number per marker was determined as 4.78 and the average polymorphism information content (PIC) value was calculated as 0.57. Two main groups were obtained according to the dendrogram created using molecular data. The first group consisted of only three genotypes (B27, B35 and B37), while the second group had the remaining 56 genotypes. The genetic distance of wheat genotypes was changed from 33% to 94% and B15 and B33 genotypes were the most similar genotypes with 94% similarity.

Field Crops

Research Article

Article History

Received : 23.03.2021

Accepted : 03.09.2021

Keywords

Wheat

SSR markers

Disease

Quality

Atıf İçin: Uysal A, Dumlupınar Z 2022. Yurtdışı ve Türkiye Kaynaklı Yerel Ekmeklik ve Makarnalık Buğday Genotiplerinin Hastalıklara Dayanıklılık ve Kalite Yönünden Fonksiyonel Markörler İle Karakterizasyonu. KSÜ Tarım ve Doğa Derg 25 (4): 766-777, 2022. DOI: /ksutarimdog.vi.901758.
To Cite: Uysal A, Dumlupınar Z 2022. Characterization of Foreign and Turkish Originated Bread and Durum Wheat Landraces by disease resistance and quality Using Functional Markers. KSU J. Agric Nat 25 (4): 766-777, 2022. DOI: /ksutarimdog.vi.901758.

GİRİŞ

Dünyada farklı coğrafyalarda yetişebilen buğdayın bilinen ilk kültüre alındığı yer ülkemiz Güney Doğu Anadolu Bölgesinde bulunan Diyarbakır-Karacadağ, Şanlıurfa-Göbeklitepe ve Gaziantep-Karadağ ve çevresi olduğu bildirilmiştir (FAO, 2019a).

Buğday, insan beslenmesinde temel besin kaynağı olması nedeniyle ekonomik olarak oldukça önemli ve stratejik bir bitkidir (Akkaya, 1994). Dünyada buğdayın ekim alanı 2019 yılında 215 milyon ha, üretim miktarı 765 milyon ton, verimi ise 355 kg da⁻¹ dır (FAO, 2019b). Türkiye’de 6,84 milyon ha ekim alanına sahip buğdayın, verimi 299 kg da⁻¹ ve üretim miktarı 20,5 milyon tondur. Buğday üretiminin 16,5 milyon tonunu ekmeklik buğday, 4 milyon tonunu ise makarnalık buğday çeşitleri oluşturmaktadır (TUİK, 2020).

Buğday’da verim, verim unsurları ve kalite özellikleri yetiştirildikleri farklı ekolojik bölgelere ve yıllara göre önemli farklılıklar gösterebilmektedir (Güngör ve Dumlupınar, 2019; Çay, 2020).

Buğday’da verim ve kaliteyi artırmak buğday ıslah programlarının en önemli hedefleri arasındadır (Özberk ve ark., 2010). Bu amaçla araştırmacılar uzun yıllardır birçok çalışma ve ıslah programları yürütmektedirler (Serfling ve ark., 2016; Güngör ve ark., 2018). Islah programları bu olumsuz faktörlere dayanıklı çeşitler geliştirmek, verim artışı sağlamak için kullanılabilir en ekonomik yoldur (Blum, 1986).

Emeklik ve makarnalık buğdayda kalite ölçütü tespitinde protein oranı belirleyici niteliktedir. Yetiştirildiği ekoloji, kültürel işlemler ve kullanılan çeşide göre protein miktarı % 6-22 arasında değişim göstermektedir (Ünal, 2002; Pehlivan ve ark., 2017). Ancak protein oranı kaliteyi tek başına ifade etmemektedir. Makarnalık buğdayda camsılık ve irmik rengi kalite değerlendirmesinde en önemli kriterler arasındadır (Pehlivan ve İkincikarakaya, 2017). Bununla birlikte, birçok araştırmacı protein oranı ile birlikte gluten mukavemetine de bakarak değerlendirmeler yapmışlardır (Altınbaş ve ark., 2004; Tayyar, 2005; Aydın ve ark., 2005; Mut ve ark., 2005; Ereku ve ark., 2005; Mut ve ark., 2007).

DNA markörleri buğday, arpa, yulaf, mısır ve çeltik gibi birçok bitkide önemli tarımsal özelliklerin belirlenmesi amacıyla yaygın bir şekilde kullanılmaktadır (Mackill ve ark., 1999; Landjeva ve ark., 2007; Suwarno et al., 2015; Tekin ve ark., 2017; Güngör, 2019; Aydemir ve ark., 2020). Moleküler markör teknolojilerinin kullanımının artmasıyla

birlikte bitki ıslahı çalışmalarında erken jenerasyonlarda sonuç alınabilen çalışmaların sayısı oldukça artmıştır. Polimeraz zincir reaksiyonu (PZR) keşfinden sonra birçok moleküler markör tekniği geliştirilmiştir. Bunlardan bir tanesi de basit dizi tekrarları (SSR) markörleridir. Mikrosatellitler olarak da bilinen SSR’ların tekrar motifleri 1-6 baz çifti (bp) arasında değişiklik göstermektedir. Aynı zamanda DNA’nın tekrar eden en küçük üyesidir. Basit dizi tekrarları markörleri otomasyona uygunluğu ve tekrarlanabilir olması, az miktarda DNA ihtiyacı, eş baskın (co-dominant) olması ve kararlı markör yapısına sahip olması popülasyon genetiğinde etkin bir şekilde kullanılmasını sağlamaktadır (Dumlupınar ve ark., 2016).

Bu çalışmada, yurtdışı ve Türkiye orijinli 55 ekmeklik buğday ve 4 makarnalık yerel buğday genotipinden oluşan toplam 59 genotipin hastalık ve bazı kalite özellikleri ile ilişkili doğrulaması yapılmış, 14 adet SSR markörü ile karakterize edilerek bu özelliklere ait allelleri taşıyan genotiplerin belirlenmesi amaçlanmıştır.

MATERYAL ve METOT

Bu çalışmada, materyal olarak yurtdışı ve Türkiye kaynaklı 55 ekmeklik ile 4 makarnalık yerel buğday genotipi kullanılmıştır. Çalışmada materyal olarak kullanılan 59 genotipe ait bilgiler Çizelge 1’de verilmiştir.

Çalışmada kullanılan 55 ekmeklik, 4 makarnalık buğday genotiplerinin her birinden 2-3 adet tohum alınarak ½’si torf ve ½’si toprak olarak ayarlanan karışım içerisine pet bardaklara ekimi yapılmış, Tarımsal Biyoteknoloji laboratuvarında bulunan büyüme kabini içerisinde sıcaklık 24 °C’ye ayarlanarak 2-3 yapraklı döneme gelinceye kadar yetiştirilmiştir. Bu döneme gelen bitkilerden alınan örnekler saf sudan geçirildikten sonra daha önce steril edilmiş 2 mL’lik ependorf tüpler içerisine alınmıştır. Bu örnekler izolasyon işlemi yapılana kadar -80 °C’de bekletilmiştir. DNA izolasyonu cetyl trimethyl ammonium bromide (CTAB) metoduna göre yapılmıştır (Oliver ve ark., 2010).

Ependorfların içerisinde -80 °C’ de muhafaza edilen örnekler sıvı azot içerisinde steril çubuklar yardımıyla ezilerek öğütülmüştür. Öğütülen yaprakların üzerine 1 mL izolasyon solüsyonu (1 M Tris-HCl (pH: 8), 0,5 M EDTA (pH:8), 5 M NaCl, % 2 w/vc CTAB, % 2 Polyvinyl-Pyrolidone 40, % 5 sarcosyl) eklenerek 65 °C’de 1 saat boyunca her 15

Çizelge 1. Araştırmada Kullanılan Buğday Genotiplerine Ait Bilgiler
 Table 1. Information About Wheat Genotypes Used in the Research

No/ (No)	Erişim No/ (Accession No)	Adı / (Name)	Orijin/ (Origin)	Tür/ (Species)	Kromozom Sayısı/ (Chromosome Number)	Rakım/ (Elevation)
1	B1	2123	Türkiye-Sivas	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	1650
2	B1T1	2123 T1	Türkiye-Sivas	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	1650
3	B2	2253	Türkiye-Erzincan	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	1213
4	B2T1	2253 T1	Türkiye-Erzincan	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	1213
5	B3	D	Türkiye	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	*
6	B3T1	DT1	Türkiye	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	*
7	B4	Sivas	Türkiye-Kırıkkale-Balışeyh	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	873
8	B4T1	Sivas T1	Türkiye-Kırıkkale-Balışeyh	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	873
9	B4T2	Sivas T2	Türkiye-Kırıkkale-Balışeyh	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	873
10	B5	Beyaz Kılçıksız	Türkiye-Karaman	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	1049
11	B5T1	Beyaz Kılçıksız T1	Türkiye	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	1049
12	B5T2	Beyaz Kılçıksız T2	Türkiye	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	1049
13	B6	Buyaz Çomak	Türkiye-Ereğli	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	1057
14	B7	Akyarnaz	Türkiye-Ereğli	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	1057
15	B8	Karakılçık	Türkiye-Ereğli	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	1057
16	B9	Sunter	Türkiye-Akdağmadeni	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	1318
17	B9T1	Sunter T1	Türkiye-Akdağmadeni	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	1318
18	B9T2	Sunter T2	Türkiye-Akdağmadeni	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	1318
19	B9T3	Sunter T3	Türkiye-Akdağmadeni	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	1318
20	B10	Kırmızı	Türkiye-Dinar	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	1091
21	B11	Ak	Türkiye-Alpu	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	767
22	B12	Havidi	Türkiye-Özalp	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	1988
23	B12T1	Havidi T1	Türkiye-Özalp	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	1988
24	B13	Kirik	Türkiye-Eleşkirt	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	1823
25	B14	Normal Yumuşak	Türkiye-Erzincan	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	*
26	B14T1	Normal Yumuşak T1	Türkiye-Erzincan	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	*
27	B14T2	Normal yumuşak T2	Türkiye-Erzincan	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	*
28	B15	2507	Türkiye-Meriç	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	27

29	B16	2518	Türkiye-Meriç	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	27
30	B17	4253	Türkiye-Yarma	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	1001
31	B18	4305	Türkiye-Ayrancı	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	1146
32	B19	4342	Türkiye-Arıkören	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	1021
33	B20	4265	Türkiye-Konya	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	1026
34	B21	Üveyik	Türkiye-Alaca	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	923
35	B22	4491	Türkiye-Murseklim	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	47
36	B22T1	4491 T1	Türkiye-Murseklim	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	47
37	B22T2	4491 T2	Türkiye-Murseklim	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	47
38	B23	7775	Türkiye-Tımar Köyü	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	47
39	B23T1	7775 T1	Türkiye-Tımar Köyü	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	1745
40	B23T2	7775 T2	Türkiye-Tımar Köyü	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	1745
41	B24	7775 T3	Türkiye-Ankara	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	1745
42	B25	84TK046-118.1	Türkiye- Silifke-Akdere	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	*
43	B26	478	Şili-Achao	<i>T. turgidum</i> subsp. <i>durum</i>	28	150
44	B27	ELS-1	Etiyopya	<i>T. turgidum</i> subsp. <i>durum</i>	28	25
45	B27T1	ELS-1	Etiyopya	<i>T. turgidum</i> subsp. <i>durum</i>	28	25
46	B28	Kara Keltek	Özbekistan	<i>T. turgidum</i> subsp. <i>durum</i>	28	*
47	B29	MG 31492	Etiyopya	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	*
48	B30	480271	Etiyopya	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	*
49	B31	480274	Etiyopya	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	*
50	B32	480278	Etiyopya	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	*
51	B33	480279	Etiyopya	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	*
52	B34	480280	Etiyopya	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	*
53	B35	480282	Etiyopya	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	*
54	B36	480283	Etiyopya	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	*
55	B37	480285	Etiyopya	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	*
56	B38	559962	Etiyopya-Shewa	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	*
57	B39	192268	ABD-Nebreska- Cheyenne	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	*
58	B40	341662	Türkiye-Elbistan	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	1271
59	B40T1	341662 T1	Türkiye-Elbistan	<i>T. aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>	42	1271

*Mevcut değil

dakikada bir alt üst edilerek su banyosunda bekletilmiştir. Su banyosundan alınan örnekler çeker ocakta üzerlerine 1 mL kloroform: izoamil alkol (24:1) ilave edilerek karanlık ortamda 30 dakika alt üst edilerek bekletilmiştir. Daha sonra 20 dk. 10000 rpm de santrifüj yapılmıştır. Santrifüjden çıkarılan örneklerin üst kısmında bulunan saydam sıvı (süpernant) pipet yardımıyla çekilerek başka bir steril tüpün içerisine aktarılmış ve üzerine 1'er mL - 20 °C'de bekletilmiş isopropanol eklenip yavaşça alt üst edilmiştir.

Bu işlemin devamında 30 dk 10000 rpm de santrifüj yapılarak pellete zarar vermeden süpernatant kısım

tüpten uzaklaştırılmıştır. Tüpte kalan pelletlerin üzerine 2 mL % 70 EtOH ilave edilerek 2 dk 13000 rpm de santrifüj yapılmıştır. Sıvı kısım pellete zarar vermeden alınmış ve aynı işlem ikinci kez tekrar edilmiştir. Pelletler kuruduktan sonra 10 mM TrisHCl (pH: 8.0) ve RNase eklenerek çözümleri sağlanmıştır. Elde edilen DNA'ların miktarları ve kaliteleri Nanodrop cihazı yardımıyla ölçülmüştür (Veri gösterilmemiştir).

Çalışmada 14 adet allel spesifik SSR markörü buğdayda akrabalık derecesi, bazı hastalık ve kaliteyle ilgili genlerin taranması için kullanılmıştır. SSR markörlerine ait bilgiler Çizelge 2'de verilmiştir.

Çizelge 2. Moleküler Karakterizasyonda Kullanılan SSR Primerleri

Table 2. SSR primers used in molecular characterization

No/ (Number)	Primer Adı/ (Primer Name)	Primer Dizisi (5'-3') / (Primer Sequence)	Gen Bölgesi / (Gene Region)	Referans/ (Reference)	Beklenen Bant Uzunluğu (bç)/ (Expected Band Length) (bp)
1	Bx7 ^{OE} _F	CCTCAGCATGCAAACATGCAGC	Gluten Mukavemeti	Butow ve ark., 2003	563
	Bx7 ^{OE} _R	CTGAAACCTTTGGCCAGTCATGTC			
2	Xwgp118_F	AAGTGGAAACAAGGTTACG	Sarı pas Yr45	Li ve ark., 2011	411
	Xwgp118_R	ACACTGGTCCATGAGGTT			
3	Sun479_F	CAAATGAAATGTGATCCTGTT	Kara pas Sr49	Bansal ve ark., 2015	200
	Sun479_R	TCATCTAACCAGCAATGGTAT			
4	Sun209_F	AG CTATGAGCTTCGCTATTG	Kara pas Sr49	Bansal ve ark., 2015	148
	Sun209_R	GTGATTGGTTCGGATTACTTA			
5	Xgwm18_F	TTGCTACCATGCATGACCAT	Sarı pas Yr15 ve Yr26	Röder ve ark., 1998	182-190
	Xgwm18_R	TTCACCTCGATTGAGGTCCCT			
6	Xgwm68_F	AGGCCAGAATCTGGGAATG	Bin tane ağırlığı	Roder et al., 1998	166
	Xgwm68_R	CTCCCTAGATGGGAGAAGGG			
7	Xgwm131_F	AATCCCCACCGATTCTTCTC	Kara pas Sr49	Röder ve ark., 1998	153
	Xgwm131_R	AGTTTCGTGGGTCTCTGATGG			
8	UHW89-F	TCTCCAAGAGGGGAGAGACA	Yüksek protein <i>Gpc-B1</i>	Distelfeld ve ark., 2006	122
	UHW89-R	TTCCTTACCCATGAATCTAGCA			
9	Xgwm47_F	TTGCTACCATGCATGACCAT	Sarı pas Yr45, mor tane rengi	Röder ve ark., 1998	186, 153
	Xgwm47_R	TTCACCTCGATTGAGGTCCCT			
10	Xgwm66_F	CCAAAGACTGCCATCTTTCA	Külleme	Röder ve ark., 1998	137
	Xgwm66_R	CATGACTAGCTAGGGTGTGACA			
11	Xgwm129_F	TCAGTGGGCAAGCTACACAG	Fusarium Başak Yanıklığına dayanıklılık	Lowe ve ark., 2011	223
	Xgwm129_R	AAAACCTTAGTAGCCGCGT			
12	Xgwm130_F	AGCTCTGCTTCACGAGGAAG	Kahverengi pas <i>Lr34</i>	Röder ve ark., 1998	121-126
	Xgwm130_R	CTCCTCTTTATATCGCGTCCC			
13	Xgwm493_F	TTCCATAACTAAAACCGCG	Fusarium Başak Yanıklığına dayanıklılık	Röder ve ark., 1998	290
	Xgwm493_R	GGAACATCATTTCTGGACTTTG			
14	Xbarc133_F	AGCGCTCGAAAAGTCAG	Fusarium Başak Yanıklığına dayanıklılık	Liu ve Anderson, 2003	150-190-250
	Xbarc133_R	GGCAGGTCCAACCTCCAG			

PZR; 0.02 mL hacminde 96' lık PZR platerlerine; µL 10x buffer, 1.5 µL MgCl₂, 1 µL dNTP karışımı (10 mM karışım (A+T+G+C)), DNA primer çifti (2 µL F ve 2µL R), 8.7 µL ddH₂O, 0.3 µL Taq DNA polimeraz (5U/µL, Fermantes), 1. 5 µL (100ng) genomik DNA

olacak şekilde toplamda 20 µL PZR solüsyonu hazırlanmıştır. 95 °C sıcaklıkta 5 dakika, 95 °C'de 1 dakika (DNA iplikçiklerinin birbirinden ayrışması), 55 °C'de 1 dakika (tavlama-primerlerin yapışması), 72 °C'de 1 dakika (uzama), 95 °C – 72 °C arasında 35

döngü yaptırılmış, 72 °C'de 5 dakika çalıştırılarak işlemin tamamlanması sağlanmıştır. Bitirilmiş olan PZR örnekleri kullanıma hazır olacak şekilde -20 °C'de beklemeye alınmıştır. PZR işleminden sonra elde edilen örneklerin fragment analizleri, Qiagen firmasına ait 'QIAxcel Advanced System' fragment analiz cihazında yapılmış ve sonuç olarak genotiplere ait SSR bantlarına ulaşılmıştır.

59 buğday (55 ekmeklik ve 4 makarnalık) genotipleri ile yapılan fragment analiz sonuçları 0 ve 1 olarak skorlanmıştır. Okuma aralığı 15 bç ile 5000 bç arasında alınmıştır. Skorlamada hassasiyet ± 4 baz çifti olarak belirlenip alleller bu aralığa göre değerlendirilmiştir.

Genotiplere ait alleller hakkındaki bilgilere NTSYSpc 2.21q (Rohlf, 2005) programında Dice indeks (Dice, 1945) kullanılarak ulaşılmıştır. Her bir genotipe ait DNA bantları '0' veya '1' şeklinde kodlanarak ikili (binary) veri matrisi oluşturulup bu matris UPGMA programı (unweighted pair group method arithmetic average) yardımıyla genotiplerin birbiriyle benzerliklerini gösteren dendrogram oluşturulmuştur. Moleküler analizlerde kullanılacak her bir SSR markörü için polimorfizm bilgi içerikleri Weir (1996)'e

göre aşağıdaki formül ile hesaplanmıştır.

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

Pi; araştırmada çalışılan 59 buğday genotipinde (ekmeklik ve makarnalık buğday genotipleri) iinci allelin frekansıdır.

BULGULAR ve TARTIŞMA

Bu çalışmada 55 ekmeklik ve 4 makarnalık buğday genotipi 14 fonksiyonel DNA markörü kullanılarak taranmıştır. Yapılan taramalar sonucunda toplam 68 allel tespit edilmiş olup bunlardan 67 allelde polimorfizm, 1 allelde ise monomorfizm belirlenmiştir. Ortalama allel sayısı ise 4.78 olarak tespit edilmiştir. En çok allel üreten primer XGWM18 olmuş ve 9 adet polimorfik allel üretmiştir. En az allel üreten primer ise Sun209 olmuş ve 1 adet allel üretmiştir.

Araştırmada polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değeri ortalaması 0.57 olarak hesaplanmıştır. En yüksek PIC değeri 0.99 iken en düşük PIC değeri 0.03 olarak tespit edilmiştir. Çizelge 3'te SSR primerlerine ait allel sayıları ve PIC değerleri belirtilmiştir.

Çizelge 3. SSR Primerlerine ait allel sayıları ve PIC değerleri

Table 3. Allele numbers and PIC values of SSR primers

No/(Number)	Primer Adı/(Primer Name)	Allel Sayısı/(Allele Number)	PIC Değeri/(PIC Value)
1	Bx7 ^{OE}	6	0.27
2	Xwgp118	5	0.15
3	Sun479	7	0.64
4	Sun209	1	0.44
5	Xgwm18	9	0.99
6	Xgwm68	6	0.99
7	Xgwm131	2	0.06
8	UHW89	2	0.03
9	Xgwm47	8	0.99
10	Xgwm66	4	0.72
11	Xgwm129	7	0.40
12	Xgwm130	5	0.91
13	Xgwm493	2	0.52
14	Xbarc133	3	0.99
15	Ortalama	4.78	0.57

Sarı pas hastalığına dayanıklılık geni *Yr45* ile ilgili olduğu belirtilen Xwgp118 markörü Li ve ark. (2000) tarafından geliştirilmiş ve bu gen ile ilişkili bant uzunluğunun da 411 bç olduğu belirtilmiştir. Araştırmada kullanılan 59 buğday genotipinin Xwgp118 primeri ile taranması sonucu istenilen gen bölgesine ait allel elde edilememiştir (Çizelge 4).

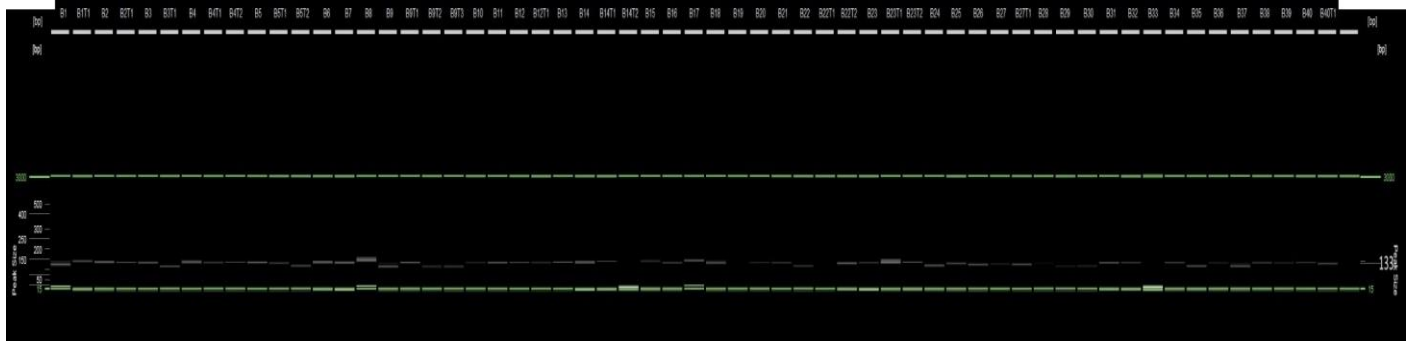
Yüksek protein içeriğine ait *Gpc-B1* geninin tespitinde kullanılan UHW89 markörü Distelfeld ve

ark. (2006) tarafından tespit edilmiş ve bu gene ait bant uzunluğu 122 bç olarak belirtilmiştir. Çalışmada kullanılan buğday genotiplerinden B1, B1T1, B2, B2T1, B3, B3T1, B4, B4T1, B4T2, B5, B5T1, B5T2, B6, B7, B8, B9, B9T1, B9T2, B9T3, B10, B11, B12, B12T1, B13, B14, B14T1, B14T2, B15, B16, B17, B18, B19, B20, B21, B22, B22T1, B22T2, B23, B23T1, B23T2, B24, B25, B26, B27, B27T1, B28, B29, B30, B31, B32, B33, B34, B35, B36, B37, B38, B39, B40 ve B40T1 bu gen ile ilişkili DNA bantlarına sahip

olmuşlardır (Çizelge 4). Güngör (2019) yaptığı çalışmada *Gpc-B1* geni ile ilişkili genotipler tespit etmiştir.

Röder ve ark. (1998) tarafından geliştirilen ve buğdayda kahverengi pas hastalığına ait *Lr34* geninin tespitinde kullanılan Xgwm130 markörünün

Lr34 geni ile ilişkili bant uzunluğu 121-126 bç olarak bildirilmiştir. Çalışmada kullanılan buğday genotiplerinden B1, B3, B5T2, B9, B9T2, B9T3, B22T1, B22T2, B24, B26, B27, B27T1, B30, B35, B37 ve B40T1'in bu allele sahip oldukları belirlenmiştir (Şekil 1, Çizelge 4).



Şekil 1. 59 Buğday genotipinde Xgwm130 primerine ait fragment analiz görüntüsü
Figure 1. Fragment analysis image of Xgwm130 primer on 59 wheat genotypes

Soldan sağa genotip isimleri: B1, B1T1, B2, B2T1, B3, B3T1, B4, B4T1, B4T2, B5, B5T1, B5T2, B6, B7, B8, B9, B9T1, B9T2, B9T3, B10, B11, B12, B12T1, B13, B14, B14T1, B14T2, B15, B16, B17, B18, B19, B20, B21, B22, B22T1, B22T2, B23, B23T1, B23T2, B24, B25, B26, B27, B27T1, B28, B29, B30, B31, B32, B33, B34, B35, B36, B37, B38, B39, B40 ve B40T1

Buğdayda fusarium başak yanıklığı hastalığına dayanıklılık geninin tespitinde kullanılan Xgwm129 belirteci Lowe ve ark. (2011) tarafından bu özellikle ilişkilendirilmiş ve istenilen bant uzunluğu-223 bç olarak belirtilmiştir. Xgwm129 primeri kullanılarak 59 buğday genotipinin bu gen ile ilişkisi belirlenmiştir. Buna göre, B1, B17, B23T2 ve B27 genotiplerinde buğdayda fusarium başak yanıklığı hastalığına dayanıklılık geni tespit edilmiştir (Çizelge 4).

Xgwm18 markörü, Röder ve ark. (1998) tarafından geliştirilmiş ve Yong ve ark. (2015) tarafından buğdayda sarı pas hastalığına dayanıklılık genleri *Yr15* ve *Yr26* ile ilişkili olduğu bildirilmiştir. Araştırmada kullanılan Xgwm18 primeri ile buğday genotiplerinden B4T1, B5, B5T1, B7, B8, B10, B11, B13, B14, B14T1, B16, B17, B18, B19, B20, B23T2 ve B38 genotiplerinde sarı pas hastalığına dayanıklılık genleri tespit edilmiştir (Çizelge 4). Güngör (2019) Zenit makarnalık buğday genotipinde Xgwm18 markörüne ait allel tespit ederken, Aydemir ve ark. (2020) çalışmada kullanılan 15 buğday genotipinden iki tanesinde bu allelleri tespit etmişlerdir.

Röder ve ark. (1998) Xgwm47 markörünü sarı pas *Yr45* geni (186 bç) ile ilişkili olduğunu bildirirken, Li ve ark. (2010) Xgwm47 markörünün 2A kromozomunun kısa kolunda bulunan mor tane rengi ile ilişkili geni 34.7 cM uzaklıkta (153 bç) olduğunu bildirmişlerdir. Bu primer ile 55 ekmeçlik ve 4 makarnalık buğday genotipinin taranması sonucu

B4T1, B5, B7, B8, B9T3, B11, B12, B13, B14, B14T1, B16, B17, B18, B19, B20, B23 ve B23T1 genotiplerinde sarı pas hastalığına dayanıklılık geni (*Yr45*) tespit edilmiştir. Ayrıca, B27 ve B27T1 genotiplerinde 110 bç uzunluğunda mor tane rengi geni ile ilişkili allel tespit edilmiştir (Çizelge 4).

Bansal ve ark. (2015) tarafından geliştirilen ve istenilen bant uzunluğu 200 bç olarak tespit edilen Sun479 ile istenilen bant uzunluğu 148 bç olan Sun209 primerleri buğdayda kara pas hastalığına dayanıklılık geni *Sr49* ile ilişkilendirilen markörlerdir. Sun479 primeri ile 59 buğday genotipinin taranması sonucu B1T1, B2, B2T1, B7, B8, B9, B12T1, B14, B14T1, B14T2, B20, B23T1, B23T2, B24, B27T1, B28, B31, B32 ve B40T1 genotiplerinde, Sun209 primeri ile ise B1, B1T1, B2, B4T1, B4T2, B5, B5T2, B7, B8, B9T2, B10, B11, B12, B12T1, B13, B14T2, B16, B17, B18, B19, B20, B22T1, B23T1, B23T2, B25, B26, B27, B27T1, B31, B37, B38, B40 ve B40T1 genotiplerinde kara pas hastalığına dayanıklılık geni *Sr49* tespit edilmiştir (Çizelge 4).

Bununla birlikte, kara pas hastalığı *Sr49* geni ile ilişkili, Röder ve ark. (1998) tarafından geliştirilen ve istenilen bant uzunluğu 153 bç olan Xgwm131 primeri ile ilişkili bir genotip belirlenmemiştir (Çizelge 4).

Güngör (2019), Sun209, Sun479 ve Xgwm131 markörlerini kullanarak *Sr49* geni ile ilişkili makarnalık buğday genotiplerini tespit etmiştir. Ayrıca, Aydemir ve ark. (2020) Sun209 ve Sun479 markörlerini kullanarak F₅ jenerasyonundaki makarnalık buğday melezlerinde *Sr49* alleli ile ilişkili genotipleri belirlemişlerdir. Büyükakkaşlar ve ark. (2020) de kara pas hastalığı ile bağlantılı Sun209 ve Sun479 markörleri ile ilişkili makarnalık buğday genotiplerini saptamışlardır.

Çizelge 4. 59 buğday genotipinin bazı genler bakımından allelik varyasyonu
 Table 4. Allelic variations of 59 wheat genotypes for some genes

Genotip (Genotypes)	Bx7OE	Xwgp118	Sun479	Sun209	Xgwm18	Xgwm68	Xgwm131	UHW89	Xgwm47	Xgwm66	Xgwm129	Xgwm130	Xgwm493	Xbarc133
B1				+				+			+	+		
B1T1			+	+				+						
B2			+	+				+						
B2T1			+					+						
B3								+				+		
B3T1								+						
B4								+						
B4T1				+	+			+	+					
B4T2								+						
B5				+	+			+	+					
B5T1					+			+						
B5T2				+				+				+		+
B6								+						
B7			+	+	+			+	+					
B8			+	+	+			+	+					
B9			+					+				+		
B9T1								+						
B9T2				+				+				+		+
B9T3								+	+			+		
B10				+	+			+						
B11				+	+			+	+					
B12				+				+	+					
B12T1			+	+				+						
B13				+	+			+	+					
B14			+		+			+	+					
B14T1			+		+			+	+					
B14T2			+	+				+						
B15								+						
B16				+	+			+	+					
B17				+	+			+	+		+			
B18				+	+			+	+					
B19				+	+			+	+					
B20			+	+	+			+	+					
B21								+						
B22								+						
B22T1				+				+						
B22T2								+				+		
B23								+	+					
B23T1			+	+				+	+					
B23T2			+	+	+			+			+			
B24			+					+				+		
B25				+				+						
B26				+				+				+		+
B27				+				+	+		+	+		
B27T1			+	+				+	+			+		
B28			+					+						
B29								+						
B30								+				+		

B31	+	+		+
B32	+			+
B33				+
B34				+
B35			+	+
B36				+
B37		+		+
B38		+	+	+
B39				+
B40		+		+
B40T1	+	+		+

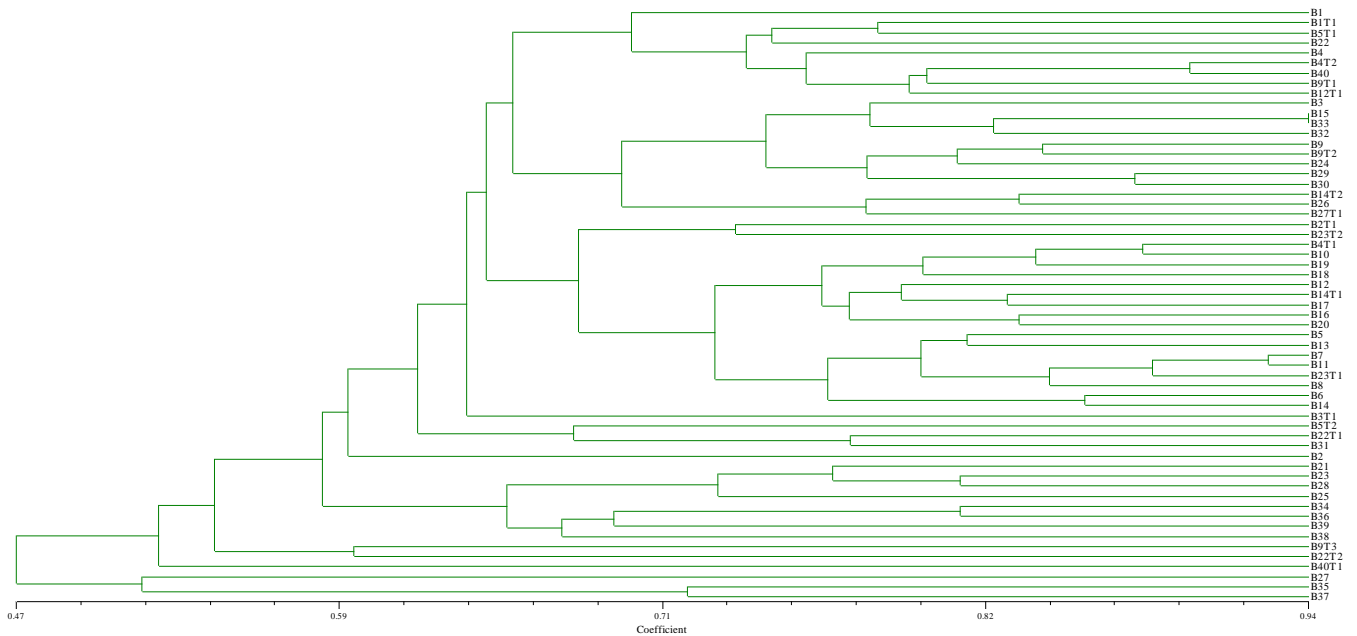
Araştırmada kullanılan Xgwm68 primeri ile 59 buğday (55 ekmeklik ve 4 makarnalık) genotipinin taranması sonucu istenilen gen bölgesi elde edilememiştir (Çizelge 4). Xgwm68 markörünü geliştiren Röder ve ark.(1998) bin tane ağırlığı için 166 bç uzunluğunu belirtirken, Cheng ve ark. (2015) Xgwm68 markörünün bin tane ağırlığı ile ilişkisinin istatistiki olarak önemli olduğunu bildirmiştir. Güngör (2019) bu markör ile ilişkili genotipler bildirirken, Büyükakkaşlar ve ark. (2020) araştırmalarında kullandıkları genotiplerde bu alleli taşıyan genotip tespit edememişlerdir.

Xgwm66 primeri Röder ve ark.(1998) tarafından geliştirilen ve buğdayda önemli bir hastalık olan külleme ile ilişkili ve istenilen bant uzunluğu 137 bç olan bir markördür. Buğday genotiplerinin bu markörle taranması sonucu istenilen gen bölgesinin uzunluğunda bantlar elde edilememiştir (Çizelge 4). Aydemir ve ark. (2020), Xgwm66 markörü ile ilişkili bir genotip tespit edemezken, Güngör (2019) Burgos genotipinde bu markörle ilişkili alleli tespit etmiştir.

Bx7^{OE} primeri Butow ve ark. (2003) tarafından geliştirilmiş ve 563 bç uzunluğundaki DNA

bantlarında gluten mukavemeti ile ilişkilendirilmiştir. Çalışmada kullanılan buğday genotiplerinde bu markör bakımından istenilen bant uzunluğuna sahip genotip tespit edilememiştir. Aydemir ve ark. (2020) yaptıkları çalışmada bu markörle ilişkili genotip saptamadıklarını bildirirken, Büyükakkaşlar ve ark. (2020) bir makarnalık genotipinde, Güngör (2019) ise Cesare ve Levante makarnalık buğday çeşitlerinde bu bant uzunluklarını belirlemiştir.

Buğdayda başak yanıklığına dayanıklılık geni ile ilişkili Liu ve Anderson (2003) tarafından geliştirilen ve istenilen bant uzunlukları 150,190 ve 250 bç olan Xbarc133 primeri kullanılarak B4, B4T1, B18, B19, B36 genotiplerinde 150 bç uzunluğunda, B5T2, B9T2, B26, B35, B37 ve B39 genotiplerinde 190 bç uzunluğunda ve B4, B5T2 ve B13 genotiplerinde 250 bç uzunluğunda bantlar elde edilmiştir. Yine Röder ve ark. (1998) tarafından geliştirilen, buğdayda başak yanıklığı ile ilişkili ve istenilen bant uzunluğu 250 bç olan Xgwm493 primerinin kullanılması sonucunda araştırmada kullanılan genotiplerde istenilen bant uzunlukları elde edilememiştir (Çizelge 4).



Şekil 2. SSR markör verilerine göre oluşturulmuş 59 buğday genotipine ait filogenetik ağaç
Figure 2. Dendrogram belonging to 59 wheat genotypes based on SSR marker data

Araştırmada kullanılan 59 buğday (55 ekmeklik ve 4 makarnalık) genotipinin 14 SSR primeri ile genotiplenmesi sonucunda elde edilen veriler kullanılarak filogenetik ağaç oluşturulmuştur (Şekil 2). Elde edilen dendrogram temelde iki ana gruba ayrılmıştır. Birinci grup sadece üç genotip (B27, B35 ve B37) içerirken, geri kalan 56 genotip diğer ana grupta yer almıştır. Buğday genotiplerindeki genetik mesafe % 33 ile % 94 arasında değişmiştir. Genotiplerden B15 ile B33 (% 94), B7 ile B11 (% 92), B4T2 ile B40 (% 89) ve B4T1 ile B10 (% 87) en fazla benzerlik gösteren genotipler olmuştur. B5T2 ile B40T1 (% 43), B6 ile B40T1 (% 40) ve B13 ile B35 (% 33) genotipleri ise genetik olarak birbirlerine en uzak genotipler olmuştur. Önceki çalışmalarda, moleküler markör verileri ile elde edilen dendrogramlarda buğday genotipleri arasındaki genetik mesafeler ile birbirlerine yakın ve uzak genotipler belirlenmiştir. Buna göre Güngör (2019) genotipler arasındaki en yakın mesafeyi % 86, Kiraz ve ark. (2019) % 76, Aydemir ve ark. (2020) % 71, Büyükakkaşlar ve ark. (2020) % 100 ve Koçyiğit ve ark. (2021) % 95 olarak belirtmişlerdir.

SONUÇ ve ÖNERİLER

Bu çalışmada bazı buğday hastalıkları (sarı pas, kahverengi pas, kara pas, külleme ve başak yanıklığı) ve kalite parametreleri (bin tane ağırlığı, protein miktarı ve gluten mukavemeti) bakımından 59 buğday genotipi fonksiyonel markörlerle taranmıştır. Araştırma bulgularına göre 17 genotipte sarı pas hastalığına dayanıklılık geni tespit edilmiştir. Kahverengi pas hastalığı için 16 genotipte dayanıklılıkla ilişkili allel bulunmuştur. Buğday genotiplerinden 11 tanesinin ise kara pas hastalığına dayanıklılık geni içerdiği saptanmıştır. Buğdayda başak yanıklığı için dört genotip dayanıklılık geni ile ilişkili bulunurken, yüksek protein miktarı için tüm genotiplerde istenilen gen tespit edilmiştir. Bu sonuçlara göre B1 ve B27 genotiplerinin buğdayda başak yanıklığı, kara pas ve kahverengi pas hastalıklarına dayanıklılık genlerini taşıdığı belirlenmiştir. B17 genotipinin kara pas, sarı pas ve buğday başak yanıklığı hastalıklarına dayanıklılık genlerini, B9T3 genotipinin kahverengi pas ve sarı pas hastalıklarına dayanıklılık genleri taşıdığı sonucuna varılmıştır. Genotipler iki ana gruba ayrılmış, sadece üç genotip (B27, B35 ve B37) birinci grupta, geri kalan 56 genotip ikinci grupta yer almıştır. Genotiplerdeki genetik mesafe % 33 ile % 94 arasında değişmiş, B15 ile B33 (% 94) en fazla benzerlik göstermiş, B13 ile B35 (% 33) genotipleri ise birbirlerine en uzak olmuştur. Araştırma sonuçlarına göre elde edilen bilgiler ışığında allel spesifik genleri taşıyan genotipler ıslah programlarında ebeveyn/donor olarak kullanılabilir.

TEŞEKKÜR

Bu çalışma Ayşenur UYSAL'ın 2019 yılında tamamlanan "Yurtdışı ve Türkiye Kaynaklı Yerel Ekmeklik ve Makarnalık Buğday Genotiplerinin Fonksiyonel Markörler İle Karakterizasyonu" isimli yüksek lisans tezinden üretilmiştir.

Araştırmacıların Katkı Oranı Beyan Özeti

Yazarların katkısı eşittir.

Çıkar Çatışması Beyanı

Yazarlar bu çalışmada hiçbir çıkar ilişkisi olmadığını beyan etmektedirler.

KAYNAKLAR

- Akkaya A 1994. Buğday Yetiştiriciliği Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Ziraat Fakültesi Genel Yayın No:1, Ders Kitabı No:1, Kahramanmaraş S 225.
- Altınbaş M, Tosun M, Yüce S, Konak C, Köse E, Can R 2004. Ekmeklik Buğdayda (*Triticum aestivum* L.) Tane Verimi Ve Bazı Kalite Özellikleri Üzerinde Genotip ve Lokasyon Etkileri. Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi, 41(1):65-74.
- Aydemir G, Dumlupınar Z, Yüce I, Baskonuş T, Sunulu S, Gungor H 2020. Evaluation of Individuals Obtained from B28×Kunduru-1149 Reciprocal Cross Population by Functional Markers. KSU J. Agric Nat 23(4):1005-1011.
- Aydın N, Mut Z, Bayramoğlu HO, Özcan H 2005. Ekmeklik Buğday (*Triticum aestivum* L.) Çeşit ve Hatlarının Karadeniz Koşullarında Verim ve Kalite Özelliklerinin Belirlenmesi. Tarım Bilimleri Dergisi 11(3):257-262.
- Bansal UK, Muhammad S, Forrest KL, Hayden MJ, Bariana HS 2015. Mapping of A New Stem Rust Resistance Gene *Sr49* in Chromosome 5B of Wheat. Theoretical And Applied Genetics 128: 2113-2119.
- Blum A 1986. Breeding Crop Varieties for Stress Environments. Critical Reviews in Plant Sciences 2:199-237.
- Butow BJ, Ma W, Gale KR, Cornish GB, Rampling L, Larroque O, ... Békés F 2003. Molecular Discrimination of Bx7^{OE} Alleles Demonstrates That A Highly Expressed High-Molecular-Weight Glutenin Allele Has A Major Impact on Wheat Flour Dough Strength. Theoretical and Applied Genetics 107(8):1524-1532.
- Büyükakkaşlar M, Yüce İ, Başkonuş T, Dokuyucu T, Akkaya A, Dumlupınar Z 2020. Makarnalık Buğday (*Triticum durum* Desf.) B27 × Ege 88 Resiprokal Melez Popülasyonunda F₄ Kuşağının Allele Özgü Markörlerle Değerlendirilmesi. KSÜ Tarım ve Doğa Derg 23(6): 1647-1655.

- Cheng X, Chai L, Chen Z, Xu L, Zhai H, Zhao A, ... Ni Z 2015. Identification And Characterization of A High Kernel Weight Mutant Induced by Gamma Radiation in Wheat (*Triticum aestivum* L.). BMC Genetics 16(1):1-9.
- Çay F 2020. Sentetik Hekzaploid Buğday Hatları ve Ekmeklik Buğday Genotiplerinin Morfolojik ve Moleküler Karakterizasyonu. Tekirdağ Namık Kemal Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Ana Bilim Dalı, Doktora Tezi, 157 sy.
- Dumlupınar Z, Brown R, Campbell R, Jellen EN, Anderson J, Bonman JM, ... & Jackson E 2016. The Art of Attrition: Development of Robust Oat Microsatellites. Plant Breeding 135(3):323-334.
- Dice LR 1945. Measures of The Amount of Ecologic Association Between Species. Ecology 26:297-302.
- Distelfeld A, Uauy C, Fahima T, Dubcovsky J 2006. Physical Map of The Wheat High-Grain Protein Content Gene *Gpc-B1* and Development of A High-Throughput Molecular Marker. New Phytologist, 169(4):753-763.
- Erekel O, Öncan F, Erkul A, Yavaş İ, Şengün B, Koca YO 2005. İleri Ekmeklik Buğday Hatlarında Verim Ve Bazı Kalite Özelliklerinin Belirlenmesi. Türkiye 6. Tarla Bitkileri Kongresi, 5-9 Eylül, Cilt 1:111-116, Antalya
- FAO 2019a. Türkiye'nin Biyoçeşitliliği: Genetik Kaynakların Sürdürülebilir Tarım ve Gıda Sistemlerine Katkısı. Ankara. 222 sy. Licence: CC BY-NC-SA 3.0 IGO.
- FAO 2019b. Birleşmiş Milletler Gıda ve Tarım Organizasyonu. FAOSTAT <http://www.fao.org/faostat/en/> [Erişim Tarihi: 15.03.2021]
- Güngör H, Başal H, Yüce İ, Kekilli Ö, Akçadağ M, Dumlupınar Z 2018. Genetic Analysis of Some Yield Associated Traits of F₃ Segregating Population of Bread Wheat. Fresenius Environmental Bulletin, 27(7):4857-4866.
- Güngör H 2019. Allelic Variations And Agronomic Comparisons of Durum Wheat Cultivars Under East-Mediterranean Conditions International Journal of Agriculture And Biology 21(4):891-898 Doi: 10.17957/Ijab/15.0972.
- Güngör H, Dumlupınar Z 2019. Bolu Koşullarında Bazı Ekmeklik Buğday (*Triticum aestivum* L.) Çeşitlerinin Verim, Verim Unsurları ve Kalite Yönünden Değerlendirilmesi. Türk Tarım ve Doğa Bilimleri Dergisi 6(1): 44-51.
- Koçyiğit BK, Yüce İ, Başkonuş T, Dokuyucu T, Akkaya A, Dumlupınar Z 2021. Seri 82 × B35 Ekmeklik Buğday (*Triticum aestivum* L.) Melez Popülasyonunda F₄ Bireylerinin Fonksiyonel DNA Markörleri ile Değerlendirilmesi. KSÜ Tarım ve Doğa Derg 23 (4) : 586-593.
- Kiraz H, Yüce İ, Kaya E, Kekilli Ö, Ocaktan H, Topsakal M, Gürocak NY, Osanmaz H, Kılınç FM, Başkonuş T, Dumlupınar Z 2019. Characterization of M₃ Mutants of Seri 82 Bread Wheat Cultivar Using Functional Markers. BSJ Agri, 2(4):194-202.
- Landjeva S, Korzun V, Börner A 2007. Molecular Markers: Actual And Potential Contributions To Wheat Genome Characterization And Breeding. Euphytica 156:271-296.
- Li YC, Fahima T, Peng JH, Roder MS, Kirzhner VM, Beiles A, Korol AB, Nevo E 2000. Edaphitic Microsatellite DNA Divergence in Wild Emmer Wheat, *Triticum dicoccoides*, At A Microsite: Tabigha, Israel. Theor Appl Genet 101:1029-1038.
- Li, XP, Lan SQ, Zhang YL, Liu YP 2010. Identification of Molecular Markers Linked To The Genes For Purple Grain Color in Wheat (*Triticum aestivum* L.). Genetic Resources and Crop Evolution 57(7):1007-1012.
- Li Q, Chen XM, Wang MN, Jing JX 2011. Yr45, A New Wheat Gene For Stripe Rust Resistance on The Long Arm of Chromosome 3D. Theor Appl Genet 122:189-197.
- Liu S, Anderson JA 2003. Marker Assisted Evaluation of Fusarium Head Blight Resistant Wheat Germplasm. Crop Science 46(3): 760-766.
- Lowe I, Jankuloski L, Chao S, Chen X, See D, Dubcovsky J 2011. Mapping And Validation of QTL Which Confer Partial Resistance To Broadly Virulent Post-2000 North American Races of Stripe Rusti Hexaploid Wheat. Theor Appl Genet 123:143-157.
- Mackill DJ, Nguyen HT, Zhang J 1999. Use of Molecular Markers in Plant Improvement Programs for Rainfed Lowland Rice. Field Crop Res 64:177-185.
- Mut Z, Aydın N, Özcan H, Bayramoğlu HO 2005. Orta Karadeniz Bölgesinde Ekmeklik Buğday (*Triticum aestivum* L.) Genotiplerinin Verim ve Bazı Kalite Özelliklerinin Belirlenmesi. GOP Üni. Ziraat Fak. Dergisi 22 (2): 85-93.
- Mut Z, Bayramoğlu HO, Özcan H 2007. Bazı Ekmeklik Buğday (*Triticum aestivum* L.) Genotiplerinin Verim ve Başlıca Kalite Özelliklerinin Belirlenmesi. OMÜ Ziraat Fakültesi Dergisi 22(2):193-201.
- Oliver RE, Obert DE, Hu G, Bonman JM, O'Leary-Jepsen E, Jackson EW 2010. Development of Oat-Based Markers From Barley And Wheat Microsatellites. Genome 53(6): 458-471.
- Özberk İ, Zencirci N, Özkan H, Özberk F, Eser V 2010. Dünden Bugüne Makarnalık Buğday Islahı ve Geleceğe Bakış. Makarnalık Buğday ve Mamulleri Konferansı 43-66 sy. 17-18 Mayıs, 2010 Şanlıurfa.
- Pehlivan A, İkincikarakaya S 2017. Makarnalık Buğdayda Kalite Islahı Çalışmaları. Tarla Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsü Dergisi 26(1):127-151.
- Rohlf FJ 2005. NTSYS-Pc: Numerical Taxonomy And Multivariate Analysis System Version 2.2. Setauket, Exeter Publishing, New York, USA.

- Röder MS, Korzun V, Wendehake K, Plaschke J, Tixier MH, Leroy P, Ganal MW 1998. A Microsatellite Map of Wwheat. *Genetics* 149 (4): 2007-2023.
- Serfling A, Kopahnke D, Habekuss A, Novakazi F, Ordon F 2016. *Wheat Diseases: An Overview in Achieving Sustainable Cultivation of Wheat*, © Burleigh Dodds Science Publishing Limited Cambridge UK. 33 sy.
- Suwarno WB, Pixley KV, Palacios-Rojas N ve ark. 2015 Genome-wide Association Analysis Reveals New Targets for Carotenoid Biofortification in Maize. *Theor Appl Genet* 128:851–864.
- Tayyar Ş 2005. Biga Koşullarında Yetiştirilen Farklı Ekmeklik Buğday (*Triticum aestivum* L.) Çeşit ve Hatlarının Verim ve Bazı Kalite Özelliklerinin Saptanması. *Akdeniz Ü.Z.F. Dergisi*18(3):405-409.
- Tekin A, Aslan E, Herek S, Dokuyucu T, Gezginç H, Tekerek H, Dumlupınar Z, Akkaya A 2017. Türkiye Orjinli Yulaf Genotiplerinin Basit Dizi Tekrarları (SSR) Markörleriyle Karakterizasyonu. *KSÜ Doğa Bilimleri Dergisi* 20 (4): 378-384.
- TUİK 2020. Türkiye İstatistik Kurumu. www.tuik.gov.tr [Erişim Tarihi: 15.03.2021]
- Ünal S 2002. Buğdayda Kalitenin Önemi ve Belirlenmesinde Kullanılan Yöntemler. *Hububat Ürünleri Teknolojisi Kongre ve Sergisi*. 25-37 sy. 3-4 Ekim, Gaziantep
- Weir BS 1996. *Genetic Data Analysis II: Methods for Discrete Population Genetic Data*. Sinauer Associates, Inc., Sunderland., MA, 437 sy.
- Yong REN, Li SR, Wei YM, Zhou Q, Du XY, H, YJ, Zheng YL 2015. Molecular Mapping of A Stripe Rust Resistance Gene in Chinese Wheat Cultivar Mianmai 41. *Journal of Integrative Agriculture* 14(2):295-304.