

# Karahan-99 × BW3 Ekmeklik Buğday Popülasyonu F<sub>4</sub> Bireylerinin Allelik Varyasyonunun DNA Markörleri ile Belirlenmesi

## Molecular Characterization of Zenit×B27 Durum Wheat Population Using SSR Markers

### Özet

Buğday insanoğlunun yerleşik hayata geçtiğinden beri en çok kullandığı temel besin maddesidir. Bitki ıslahçıları, artan dünya nüfusuna paralel olarak buğday bitkisinde de verimi artırmak için çok büyük gayretler ortaya koymaktadırlar. Bu çalışmada Karahan-99 ekmeklik buğday çeşidi ile BW3 buğday genotipinin melezlenmesi sonucu elde edilen 22 F<sub>4</sub> hattı bazı özellikler ile ilişkili olduğu bilinen 11 fonksiyonel DNA markörü ile karakterize edilmiştir.

Araştırmada kullanılan 11 markörden 7 tanesi (Xgwm18, Xwgp118, Xgwm131, Xgwm47, Sun479, Sun209 ve UHW89) Karahan-99 × BW3 ekmeklik buğday popülasyonunda polimorfik bant üretmiştir. En fazla allel sayısı Sun479 marköründen (18 adet) elde edilirken, en az bant sayısı da UHW89 ve Xgwm131 (1 adet) markörlerinden elde edilmiştir. Ortalama allel sayısı 6.71 olurken, ortalama polimorfizm bilgi içeriği 0.99 olarak tespit edilmiştir. Xgwm131 markörü Karahan-99\_M<sub>6</sub>-72-10/BW3\_F<sub>4</sub>-10 genotipinde Yr39 sarı pas geni ile ilişkili allele sahip olurken, Xgwm18 markörü Karahan-99\_M<sub>6</sub>-72-10/BW3\_F<sub>4</sub>-22 genotipinde Yr26 sarı pas dayanıklılık geni ile ilişkili beklenen uzunlukta bant vermiştir.

**Anahtar Kelimeler:** Ekmeklik buğday, moleküler markör, sarı pas,

Determination of Allelic Variation of Karahan-99 × BW3 Bread Wheat Population F<sub>4</sub> Individuals Using DNA Markers

### Sorumlu Yazar: Ziya DUMLUPINAR

zdumlupinar@ksu.edu.tr  
0000-0003-3119-6926

### Yazar: İlker YÜCE

ilkeryuce@sivas.edu.tr  
0000-0002-9761-3561

### Yazar: Münire TOPSAKAL

zmtopsakal17@gmail.com  
0000-0002-9143-4028

### Yazar: Ali TEKİN

a.tekin@tarimorman.gov.tr  
0000-0002-4280-7369

### Yazar: İmren ÇÖKEN TEKİN

imren.coken@tarimorman.gov.tr  
0000-0003-2014-1137

### Yazar: Ayşe Nur DEMİREZEN

aysenurdemirezen@outlook.com  
0000-0002-7581-7571

### Yazar: Ali ŞENAY

senayali@gmail.com  
0009-0002-3938-557X

### Yazar: Burakhan KORUCU

burakhankorucu46@gmail.com  
0000-0003-0766-2915

### Yazar: Ali KORKMAZ

akorkmaz@gmail.com  
0009-0003-5626-0813

### Yazar: Hüseyin GÜNGÖR

hgungor78@hotmail.com  
0000-0001-6708-6337

### Yazar: İlker AYDOĞDU

ilker.aydogdu@hotmail.com  
0000-0002-0786-9767

Gönderilme Tarihi :

09 Ekim 2023

Kabul Tarihi :

02 Aralık 2023

## Abstract

Wheat is the main nutrient that mankind has used since settled life. Plant breeders are making great efforts to increase the yield of wheat plant in parallel with the increasing world population. In this study, 22  $F_4$  lines obtained as a result of crossing Karahan-99 bread wheat variety with BW3 wheat genotypes were characterized with 11 functional DNA markers belong to some agronomic traits.

Of the 11 markers used in the study, seven worked (Xgwm18, Xwgp118, Xgwm131, Xgwm47, Sun479, Sun209 and UHW89) in Karahan-99 × BW3 Bread Wheat Population. While the highest number of alleles was obtained from the Sun479 marker (18 bands), the lowest band number was obtained from the markers UHW89 and Xgwmn131 (1 band). The mean number of alleles was 6.71, while the mean polymorphism information content (PIC) was 0.99. Xgwm131 marker encoding Yr39 yellow rust allele was interrogated at Karahan-99\_M6\_72-10/BW3\_F4\_3 genotype, while Xgwm18 marker amplified Yr26 stripe rust resistant gene at Karahan-99\_M6\_72-10/BW3\_F4\_22.

**Keywords:** Bread wheat, Molecular marker, Yellow rust,

## 1. Giriş

Ülkemiz buğday gen merkezi verimli hilalin içerisinde yer alan ekmeklik buğdayın önemli gen merkezlerinden bir tanesidir. Ekmeklik buğday (*Triticum aestivum* L.) ülkemizde oldukça geniş alanlarda üretimi yapılan önemli bir tahıl bitkisidir. Ekmek ve diğer ürünler için oldukça büyük miktarlarda tüketilmesinin yanı sıra, ülkemiz dünyanın en önemli un ihracatçısı konumundadır.

Dünya Gıda ve Tarım Örgütü (FAO)'nün 2050 yılı projeksiyonuna göre Dünya nüfusunun 12 milyar olacağı öngörülmektedir. Bu nedenle de hızla artan nüfusun erişebileceği yeterli üretimin yapılması gerekmektedir. Dünya buğday üretimi 1965 yılında 216.9 milyon ha alanda yaklaşık 263 milyon ton, 2000 yılında ise 215 mil

ha alanda yaklaşık 587 milyon ton iken; 2021 yılında 220 mil ha alanda 770 milyon tona yükselmiştir (FAO, 2021). Türkiye buğday üretimi 2021 yılında 6.62 milyon ha alanda 17.65 milyon ton olmuş ve bu üretimin 14.5 milyon tonu ekmeklik buğdaydır (TÜİK, 2021).

Ekmeklik buğday ıslah çalışmaları özellikle artan talebi karşılamak için, verim ve kalite ile hastalıklara dayanıklılık konularında yoğunlaşmıştır. Ülkemizde de hem genetik tabanı genişletmek hem de yukarıda belirtilen özellikleri bir araya getirmek için çeşitli ıslah yöntemleri kullanılarak ekmeklik buğday çeşitleri geliştirilmektedir. Melezleme ıslahı da, bu ıslah yöntemlerinin en önemlilerinden bir tanesidir.

Bu çalışmada ülkemizde önemli bir alanda ekimi yapılan Karahan-99 ekmeklik buğday çeşidinin kalitesini ve hastalıklara dayanıklılığını artırmak için, bu özellikler bakımından iyi olduğu bilinen BW3 genotipi ile melezlenerek bir popülasyon oluşturulmuştur.  $F_4$  kademesine getirilinceye kadar morfolojik olarak seçilen bireylerin  $F_4$  kademesinde de bazı hastalık ve kalite ile ilgili markörlerle karakterize edilmesi için 11 DNA markörü kullanılmıştır.

Araştırmada, ülkemizin kışlık dilim ekmeklik buğday üretim alanlarında yaygın bir ekim alanına sahip, tane verimi yüksek, kışlık gelişme tabiatına sahip, kışa ve kurağa dayanıklı, beyaz kılçıklı, beyaz taneli, Karahan-99 ekmeklik buğday çeşidi ile hastalıklara dayanıklı olarak bilinen BW3 genotipinin melezlenmesi ile elde edilen 22 adet  $F_4$  bireyinin bazı kalite ve hastalıkla ilgili fonksiyonel DNA markörleri ile değerlendirilmesi amaçlanmıştır.

## 2. Materyal ve Yöntem

### 2.1. Materyal

Araştırmada materyal olarak ülkemiz kışlık dilimde önemli bir alanda üretimi yapılan Karahan-99 ekmeklik buğday çeşidinin bazı hastalıklara dayanıklılığını artırmak için BW3 genotipi ile melezlenmesi ile elde edilen  $F_4$  kademedeki 22 hat kullanılmıştır (Tablo 1).

**Tablo 1.** Çalışmada kullanılan Karahan-99 ve BW3 ekmeçlik buğday genotiplerine ait bilgiler

Adı	Temin Edildiğı Kuruluş	Orijini	Gelişme Tabiatı	Öne Çıkan Özelliğı	Tescil Durumu
Karahan-99	Bahri Dağdaş Uluslararası Tarımsal Araştırma Enstitüsü, Konya	Türkiye	Kışlık	Soğuşa dayanıklılığı iyi, kurağa ve yatmaya dayanıklılığı iyi, kılçıklı, beyaz kavuzlu, beyaz, orta boylu	Tescilli (1999)
BW3	Küçük Taneliler Ulusal Gen Bankası, Aberdeen, Idaho	ABD	Kışlık	Hastalıklara dayanıklı, kalite özellikleri iyi	-

## 2.2. Yöntem

### 2.2.1. Moleküler Çalışmalar

**DNA İzolasyonu:** Buğday genotiplerine ait yaprak örnekleri, 2 ml'lik tüplere konularak -80 °C de saklanmıştır. DNA eldesi Setrimid (CTAB) yöntemine göre (Oliver vd. 2010) yapılmıştır. Kısaca; -80 °C'de bekletilen yaprak örnekleri sıvı azot eklenerek öğütülmüş 2 ml'lik ependorf tüpler içerisine konulmuştur. Örneklerin üzerine 65 °C'de su banyosunda bekletilen DNA izolasyon çözeltisinden (1 M Tris-HCl (pH:8), 0.5 M EDTA (pH:8), 5 M NaCl, % 2 w/v cTAB, %2 polivinyl-pyrolidone-40, % 5 sarcosyl) 1 ml bırakılmıştır. Tüpler 65 °C su banyosunda bir saat bekletilmiş, 20 dakikada bir yavaşça alt üst edilmiştir. Daha sonra örneklerin üzerine çeker ocakta 1 ml kloroform:isoamil alkol (24:1) ilave edilmiştir. Sonrasında, içerisinde örnekler bulunan tüpler 10000 (rpm) devirde 20 dakika santrifüj edilmiştir. Daha sonra süpernatant

yeni tüplere alınmış ve aynı miktarda -20°C de bekletilmiş isopropanol ilave edilerek hafifçe 5-10 kez alt üst edilerek çevrilmiştir. DNA'ların pelete dönüşmesi için 10000 (rpm) devirde 30 dakika santrifüj yapılmıştır. Santrifüj işlemi sonrasında DNA peletleri 1 ml % 70'lik etanol ile iki defa durulanmış ve 13000 rpm devirde 2 dakika süre ile santrifüj edilerek etanol uzaklaştırılırken DNA peletleri temizlenmiştir. DNA peletleri 1 gece kurumaya bırakılmış ve ertesi gün 250 µl RNase A solüsyonu (10 mM Tris-HCl (pH7-7.5), toz RNase A) eklenerek DNA izolasyonu tamamlanmıştır. İzole edilen DNA'ların kalite ve miktarları Nanodrop cihazında ölçülmüştür.

**DNA Primerleri:** Çalışmada daha önce ekmeçlik buğdayda bazı fonksiyonel genlerin belirlenmesinde kullanılan ve aynı zamanda akrabalık derecelerini belirlemede de kullanılan 11 adet DNA markörü kullanılmıştır. Bu DNA primerleri Tablo 2'de gösterilmiştir.

**Tablo 2.** Moleküler karakterizasyonda kullanılan DNA primerleri

No	Primer Adı	Primer Dizisi (5'-3')	Gen Bölgesi	Referans	Beklenen Bant Uzunluğu (bç) (baz çifti)	Marker
1	Xgwm18_F Xgwm18_R	TTGCTACCATGCATGACCAT TTCACCTCGATTGAGGTCCT	Sarı pas Yr26	Röder vd. 1995	186-190	Eş-baskın
2	Xwgp118_F Xwgp118_R	AAGTGGGAACAAGGTTACG ACACTGGTCCATGAGGTT	Sarı pas Yr45	Li vd. 2011	411	Baskın
3	Xgwm131_F Xgwm131_R	AATCCCCACCGATTCTTCTC AGTTTCGTGGGTCTCTGATGG	Sarı Pas Yr39, Yr26 (YrMY41) Sıcaklık Toleransı (Klorofil içeriğı ve yoğunluğu), Fertility restore geni, Soğuşa tolerans geni	Röder vd. 1995; Ren vd. 2015; Pandey vd. 2015; Zhou vd. 2005; Guo vd. 2012	153	Eş-baskın
4	Xgwm47_F Xgwm47_R	TTGCTACCATGCATGACCAT TTCACCTCGATTGAGGTCCT	Kara pas Sr9, Sr47 ve mor tane rengi	Röder vd. 1995	186-153	Eş-baskın

5	sun479_F sun479_R	CAAATGAAATGTGATCCTGTT TCATCTAACCAGCAATGGTAT	Kara pas Sr49	Bansal vd. 2015	200	Eş-baskın
6	sun209_F sun209_R	AG CTATGAGCTTCGCTATTG GTGATTGGTTCGGATTACTTA	Kara pas Sr49	Bansal vd. 2015	148	Eş-baskın
7	UHW89-F UHW89-R	TCTCCAAGAGGGGAGAGACA TTCCTCTACCCATGAATCTAGCA	Yüksek Protein Gpc-B1	Distelfeld vd. 2006	122	Eş-baskın

### 2.2.2. Polimeraz Zincir Reaksiyonları (PZR)

**PZR;** 0.02 ml hacminde 96'lık PZR platerlerine; 1.2 µl dNTP karışımı (10 mM karışım (A+T+G+C)), 1.2 µl 10x buffer, 0.1 µl MgCl<sub>2</sub>, SSR primer çifti (5 µl F ve 5 µl R), 5 µl (60 ng) genomik DNA, 2.4 µl dH<sub>2</sub>O, ve 0.1 µl Taq DNA polimeraz (5U/µl, Fermantes) gelecek şekilde toplam 20 µl solüsyon hazırlanmıştır. Reaksiyonlar 95 °C'de 2 dakika çalıştıktan sonra 95 °C) 1 dakika, 55 °C 1 dakika ve 72 °C'de 2 dakika çalıştırılarak, 95 °C ile 72 °C arasında 40 döngü yapması sağlanmış ve son aşamada 72 °C'de 20 dakika çalıştırılarak tamamlanmıştır. Reaksiyon ürünleri kullanıma kadar -20 °C bekletilmiştir.

**Fragment Analizleri:** PZR işleminden sonra elde edilen ürünler, % 3'lük agaroz jelde, elektroforez tankında yürütülerek, genotiplere ait DNA bantları elde edilmiştir.

**Bantların Değerlendirilmesi:** Ekmeklik buğday hatlarının DNA markörlerine göre genetik benzerlikleri NTSYSpc 2.21q (Rohlf, 2005) yazılımında Dice indeks'e (Dice, 1945) göre belirlenmiştir. Her bir hatta ait alleller '0' veya '1' (bantların varlığı-yokluğu) olarak okunmuş, ikili (binary) veri matrisi elde edilmiş ve bu sayede de unweighted pair group method arithmetic average

(UPGMA) kullanılarak hesaplanmıştır.

### 2.2.3 Polimorfizm Bilgi İçeriklerinin Hesaplanması

Her bir DNA markörüne ait polimorfizm bilgi içerikleri (PIC) Weir (1996)'in kullandığı formülle hesaplanmıştır.

$PIC=1-\sum P_i^2$  Pi; araştırmada çalışılan 24 ekmeklik buğday genotipinde 22 hat + Ebeveynlerin i'nci allelinin frekansdır.

## 3. Bulgular ve Tartışma

### 3.1. Markör Başına Düşen Allel Sayısı

Araştırmada 7 baskın ve eş baskın DNA markörü ile 24 ekmeklik buğday genotipi karakterize edilmiştir ve toplam 47 allel elde edilirken, ortalama allel sayısı ise 6.71 olmuştur. Bu markörlere ait bant sayıları ve primer başına düşen allel sayısı Tablo 3'te verilmiştir. Çalışmada en çok allel sayısı 18 bant ile Sun479 marköründen elde edilmiş, bu markörü 9 allel ile Xgwp118 markörü takip etmiştir. Daha önceki çalışmalarda Yüce ve Dumlupınar (2023), markör başına ortalama 15.2 adet allel sayısı bildirirken, Tsonev vd. (2021), 8.14 allel ve Vanzetti vd. (2013), 3.26 adet allel bildirmişlerdir.

**Tablo 3.** Çalışmada kullanılan markörlere ait allel sayıları

No	Primer Adı	Allel Sayısı
1	Xgwm18	7
2	Xwgp118	9
3	Xgwm131	1
4	Xgwm47	3
5	Sun479	18
6	Sun209	8
7	UHW89	1
<b>Toplam</b>		47
<b>Ortalama</b>		6.71

### 3.2. Polimorfizm Bilgi İçeriği

Polimorfizm bilgi içeriği (PIC), markörlerin polimorfizm değerlerini gösteren önemli bir kriterdir. Araştırmada elde edilen PIC değerleri Tablo 4'te verilmiştir. Çalışmada ortalama PIC değeri 0.99 olarak hesaplanmıştır.

PIC değeri bakımından bütün markörler 0.99 değerine sahip olmuşlardır. Polimorfizm bilgi içeriği ile ilgili literatür bilgileri incelendiğinde, Kiraz vd. (2019), Aydemir vd. (2020), Koçyiğit vd. (2021) ve Yüce ve Dumlupınar (2023), ortalama PIC değerini sırasıyla 0.79, 0.98, 0.52 ve 0.94 olarak tespit etmişlerdir.

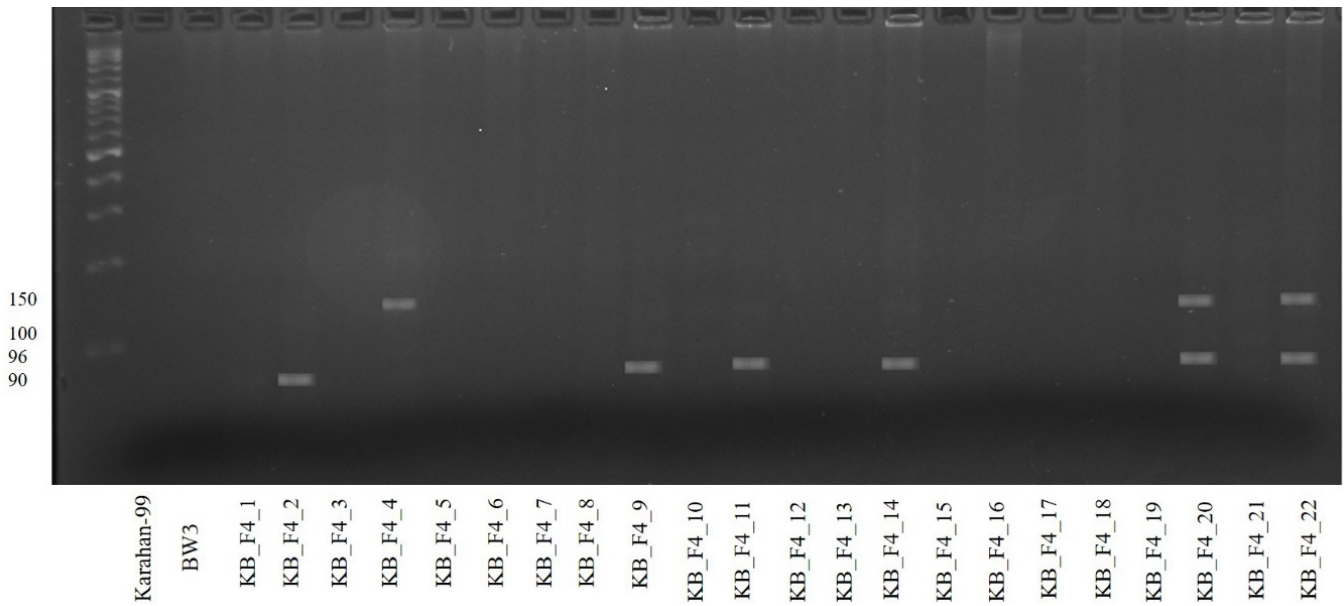
**Tablo 4.** Çalışmada kullanılan markörlere ait PIC değerleri

No	Primer Adı	PIC Değeri
1	Xgwm18	0.99
2	Xwgp118	0.99
3	Xgwm131	0.99
4	Xgwm47	0.99
5	Sun479	0.99
6	Sun209	0.99
7	UHW89	0.99
<b>Ortalama</b>		<b>0.99</b>

### 3.3. Allel Spesifik Markörler

Buğday sarı pas dayanıklılık geni *Yr45* ile ilişkili olan Xwgp118 markörünün beklenen bant uzunluğu 411 bç dir (Li vd. 2000). Araştırmada kullanılan Xwgp118

marköründen beklenen 411 bç uzunluğundaki allel, 24 ekmeklik buğday genotipinde gözlenmemiştir. (Tablo 5). Ancak, 90, 96, 100 ve 150 bç uzunluğunda bantlar elde edilmiştir (Şekil 1).



**Şekil 1.** Xgwm118 markörüne ait jel görüntüsü

UHW89 markörü *Gpc-B1* geni ile ilişkili, yüksek protein içeriğini göstermektedir. UHW89 markörünün beklenen bant uzunluğu 122 bç'dir (Distelfeld vd. 2006). Araştırmada UHW89 primerinden hem yüksek protein içeriği geni ile ilişkili hem de diğer alleller bakımından hiçbir genotip için bant elde edilememiştir (Tablo 5). Daha önce, Güngör (2019), tarafından yapılan bir çalışmada *Gpc-B1* geni ile ilişkili genotipler tespit edilmiştir.

Röder vd. (1998), tarafından geliştirilen ve beklenen bant uzunluğu 186 ve 190 bç olan Xgwm18 markörünün buğday sarı pas hastalığı dayanıklılık genleri *Yr15* ve *Yr26* ile alakalı olduğu tespit edilmiştir (Yong vd. 2015). Araştırmada kullanılan Xgwm18 markörü 100, 190 ve 250 bç uzunluklarında bant vermiş ve Karahan-99\_M6\_72-10/BW3\_F<sub>4</sub>-22 genotipinde sarı pas dayanıklılık *Yr26* geni ile ilgili bant uzunluğu elde edilmiştir (Tablo 5). Önceki çalışmalarda, Güngör (2019), makarnalık buğday çeşidi Zenit'te Xgwm18 primerine ait allel bildirirken, Aydemir vd. (2020), 15 genotipten sadece 2 genotipte bu allelin varlığını bildirmişlerdir. Xgwm47 markörünün buğdayda kara pas hastalığına dayanıklılık geni *Sr9* ile ilişkili ve beklenen bant uzunluğunun 186 bç olduğu bildirilmiştir (Röder vd. 1998). Yine Li vd. (2010), bu markörün 153 bç bant uzunluğundaki allelinin 2A kromozomunun kısa kolunda bulunan mor tane rengi ile ilişkili gene 34.7 cM (sentimorgan) uzaklıkta olduğunu bildirmişlerdir.

Çalışmada, Xgwm47 markörü 3 allel oluştururken, allele özgü bantlar hiçbir genotipten elde edilememiştir (Tablo 5). Bansal vd. (2015), tarafından geliştirilen ve buğdayda kara pas hastalığına dayanıklılık geni *Sr49* ile ilişkilendirilen Sun209 ve Sun479 markörlerinden sırasıyla 8 ve 18 allel elde edilmiştir. Allele özgü beklenen bant uzunluğu Sun209'da 148 bç iken, Sun479'da bu bant uzunluğu 200 bç'dir. Karahan-99 x BW3 popülasyonunda bu allellere özgü bant elde edilememiştir (Tablo 5). Önceki çalışmalarda, Güngör (2019), Sun209 ve Sun479 markörlerini kullandığı çalışmada makarnalık buğday genotiplerinde *Sr49* geni ile ilişkili bantlar elde etmiştir. Yine Büyükkaktaş vd. (2020) ve Aydemir vd. (2020) yaptıkları çalışmada makarnalık buğday genotiplerinde Sun209 ve Sun479 markörlerine ait allele özgü bantlar elde etmişlerdir. Xgwm131 markörü Röder vd. (1995) tarafından geliştirilmiş ve 153 bç ile sarı pas *Yr39* geni ile ilişkilendirilmiştir. Daha sonraki çalışmalarda, Yong vd. (2015) *Yr26* sarı pas geninde *YrMY41* allelini belirlediğini, yine Zhou vd. (2005) tarafından yapılan çalışmada fertility restore geni ile ilişkili olduğunu ve Guo vd. (2012)'nin yaptığı çalışmada da soğuğa tolerans geni ile ilişkili olduğu saptanmıştır. Ayrıca, Pandey vd. (2015) Xgwm131 markörünün sıcaklık toleransı, klorofil içeriği ve yoğunluğu ile ilişkili olduğunu tespit etmiştir. Yapmış olduğumuz çalışmada Xgwm131 markörü, Karahan-99\_M6\_72-10/BW3\_F<sub>4</sub>-10 genotipinde *Yr39* sarı pas geni ile ilişkili, 153 bç uzunluğunda bant elde etmiştir.

**Tablo 5.** Allel spesifik markörlere ait bantlar

Genotip	Xgwm18	Xgwm118	Xgwm131	Xgwm47	Sun479	Sun209	Xgwm130	UHW89
Karahan-99								
BW3								
Karahan-99_M6_72-10/BW3_F <sub>4</sub> -1								
Karahan-99_M6_72-10/BW3_F <sub>4</sub> -2								
Karahan-99_M6_72-10/BW3_F <sub>4</sub> -3								
Karahan-99_M6_72-10/BW3_F <sub>4</sub> -4								
Karahan-99_M6_72-10/BW3_F <sub>4</sub> -5								

Karahan-99_M6_72-10/BW3_F <sub>4</sub> -6								
Karahan-99_M6_72-10/BW3_F <sub>4</sub> -7								
Karahan-99_M6_72-10/BW3_F <sub>4</sub> -8								
Karahan-99_M6_72-10/BW3_F <sub>4</sub> -9								
Karahan-99_M6_72-10/BW3_F <sub>4</sub> -10				+				
Karahan-99_M6_72-10/BW3_F <sub>4</sub> -11								
Karahan-99_M6_72-10/BW3_F <sub>4</sub> -12								
Karahan-99_M6_72-10/BW3_F <sub>4</sub> -13								
Karahan-99_M6_72-10/BW3_F <sub>4</sub> -14								
Karahan-99_M6_72-10/BW3_F <sub>4</sub> -15								
Karahan-99_M6_72-10/BW3_F <sub>4</sub> -16								
Karahan-99_M6_72-10/BW3_F <sub>4</sub> -17								
Karahan-99_M6_72-10/BW3_F <sub>4</sub> -18								
Karahan-99_M6_72-10/BW3_F <sub>4</sub> -19								
Karahan-99_M6_72-10/BW3_F <sub>4</sub> -20								
Karahan-99_M6_72-10/BW3_F <sub>4</sub> -21								
Karahan-99_M6_72-10/BW3_F <sub>4</sub> -22				+				

#### 4. Sonuç ve Öneriler

Karahan-99 × BW3 ekmeklik buğday melez popülasyonunun 7 polimorfik DNA markörü ile karakterizasyonunun yapıldığı bu çalışmada, Karahan-99\_M<sub>6</sub>-72-10/BW3\_F<sub>4</sub>-10 ve Karahan-99\_M<sub>6</sub>-72-10/BW3\_F<sub>4</sub>-22 genotiplerinde Xgwm131 ve Xgwm18 markörlerinden sırasıyla *Yr39* ve *Yr26* sarı pas dayanıklılık genleri ile ilişkili, beklenen uzunluklarda alleller tespit edilmiştir. Araştırmada kullanılan markörlerin Karahan-99 × BW3 ekmeklik buğday melez popülasyonunda oldukça polimorfik olduğu ve Xgwm131 ve Xgwm18 markörlerinin bu popülasyon için allel spesifik bant ürettiği tespit edilmiştir. Bu sonuçlara göre, bu markörlerin markör yardımıyla ıslah (MAS) çalışmalarında kullanılabileceği değerlendirilmiştir.

#### 5. Teşekkürler

Bu çalışma, KSÜ Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi tarafından desteklenmiş olup proje

numarası 2020/4-6 M (YLS)'dir. Bu projeyi finansal olarak destekleyen KSÜ BAP Birimine teşekkürlerimizi sunarız.

#### Kaynaklar

- Aydemir, G., Dumlupınar, Z., Yüce, İ., Baskonuş, T., Sunulu, S. & Gungor, H. (2020). Evaluation of Individuals Obtained from B28×Kundurdu-1149 Reciprocal Cross Population by Functional Markers. *KSÜ J. Agric Nat* 23(4),1005-1011.
- Bansal, U.K., Muhammad, S., Forrest, K.L., Hayden, M.J. & Bariana, H.S. (2015). Mapping of a new stem rust resistance gene Sr49 in chromosome 5B of wheat. *Theoretical and applied genetics*, 128(10), 2113-2119.
- Büyükaktaşlar, M., Yüce, İ., Başkonuş, T., Dokuyucu, T., Akkaya, A. & Dumlupınar, Z. (2020). Makarnalık Buğday (*Triticum durum* Desf.) B27 × Ege 88 Resiprokal Melez Popülasyonunda F<sub>4</sub> Kuşağının Allel Özgü Markörlerle Değerlendirilmesi. *KSÜ Tarım ve Doğa Derg.*, 23(6), 1647-1655.

- Dice, L.R. (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.
- FAO, (2021). Food and Agricultural Organization of the United Nations. Web sitesi: <http://www.fao.org/faostat>, [Erişim tarihi 26.07.2023].
- Guo, HL., Xuan, JP., Liu, JX., Zhang, YM. & Zheng YQ. (2012). Association of molecular markers with cold tolerance and green period in zoysiagrass (*Zoysia Willd.*). *Breed Sci.*, 62(4),320-7.
- 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.
- Kiraz, H., Yüce, İ., Kekilli, Ö., Ocaktan, H., Topsakal, M., Gürocak, N.Y., Osanmaz, H., Kılınç, F.M., Başkonuş, T. & Dumlupınar, Z. (2019). Characterization of M<sub>3</sub> Mutants of Seri 82 Bread Wheat Cultivar Using Functional Markers. *Black Sea Journal of Agriculture*, 2(4), 194-202.
- Koçyiğit, B.K., Yüce, İ., Başkonuş, T., Dokuyucu, T., Akkaya, A. & Dumlupınar, Z. (2021). Evaluation of F<sub>4</sub> Individuals Belong to Seri 82 × B35 Bread Wheat (*Triticum aestivum* L.) Cross Population Using Functional DNA Markers. *KSU Journal of Agriculture and Nature*, 24(3), 586-93.
- Li, Y.C., Fahima, T., Peng, J.H., Roder, M.S., Kirzhner, V.M., Beiles, A., Korol, A.B. & 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, X.P., Lan, S.Q., Zhang, Y.L. & Liu, Y.P. (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, X.M., Wang, M.N. & Jing, J.X. (2011). Yr45, a new wheat gene for stripe rust resistance on the long arm of chromosome 3D. *Theoretical and Applied Genetics*, 122(1), 189-197.
- Oliver, R.E., Obert, D.E., Hu, G., Bonman, J.M., O'Leary-Jepsen, E. & Jackson, E.W. (2010). Development of oat-based markers from barley and wheat microsatellites. *Genome*, 53(6), 458-471.
- Pandey, GC., Mamrutha, HM., Tiwari, R., Sareen, S., Bhatia, S., Siwach, P., Tiwari, & V. Sharma I (2015). Physiological traits associated with heat tolerance in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Physiol Mol Biol Plants*, 21(1), 93-9.
- Yong, R., LI, S. R., WEI, Y. M., Qiang, Z. H. O. U., DU, X. Y., HE, Y. J., & ZHENG, Y. L. (2015). Molecular mapping of a stripe rust resistance gene in Chinese wheat cultivar Mianmai 41. *Journal of Integrative Agriculture*, 14(2), 295-304.
- Rohlf, F.J. (2005). NTSYS-pc: Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System Version 2.2. *Setauket, Exeter Publishing*, New York, USA.
- Röder, M. S., Plaschke, J., König, S. U., Börner, A., Sorrells, M. E., Tanksley, S. D., & Ganal, M. W. (1995). Abundance, variability and chromosomal location of microsatellites in wheat. *Molecular and General Genetics MGG*, 246, 327-333.
- Tsonev, S., Christov, N.K., Mihova, G., Dimitrova, A. & Georgieva T. E. (2021). Genetic Diversity and Population Structure of Bread Wheat Varieties Grown in Bulgaria Based on Microsatellite and Phenotypic Analyses. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 35(1), 1520-1533.
- TÜİK, (2021). Türkiye İstatistik Kurumu. <http://www.tuik.gov.tr> [Erişim tarihi 26.07.2023].
- Vanzetti, L.S., Yerkovich, N., Chialvo, E., Lombardo, L., Vaschetto, L. & Helguera, M. (2013). Genetic Structure of Argentinean Hexaploid Wheat Germplasm. *Genetics and Molecular Biology*, 36, 391-399.
- Yong, R., Li, S.R., Wei, Y.M., Zhou, Q., Du, X.Y., H, Y.J. & Zheng, Y.L. (2015). Molecular Mapping of A Stripe Rust Resistance Gene in Chinese Wheat Cultivar Mianmai 41. *Journal of Integrative Agriculture*, 14(2), 295-304.



- Yüce, İ. & Dumlupınar, Z. (2023). Evaluation of Agronomic Traits and Allele Specific DNA Markers Related to Some Disease and Quality Traits in Mutant Karakılçık M4 Individuals. *KSÜ Tarım ve Doğa Derg.*, 26 (4), 861-869.
- Weir, B.S. (1996). Genetik Veri Analizi II, 2. baskı. *Sinauer Associates Inc, Sunderland, MA.*
- Zhou, W., Kolb, F.L. & Domier, L.L. (2005). SSR markers associated with fertility restoration genes against *Triticum timopheevii* cytoplasm in *Triticum aestivum*. *Euphytica* 141, 33–400.