

Sodyum azid (NaN₃) ile muamele edilen arpa mutantlarının genetik çeşitliliğinin ISSR markörler ile belirlenmesi

Hüseyin GÜNGÖR¹ Mehmet Aydın AKBUDAK² Ertuğrul FİLİZ³ İlker YÜCE⁴ Ziya DUMLUPINAR⁴

¹ Düzce Üniversitesi Ziraat ve Doğa Bilimleri Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümü, Düzce

² Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü, Antalya

³ Düzce Üniversitesi Çilimli Meslek Yüksekokulu Bitkisel ve Hayvansal Üretim Bölümü, Düzce

⁴ Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü, Kahramanmaraş

Sorumlu Yazar/Corresponding Author: hgungor78@hotmail.com

ORCID:0000-0001-6708-6337

Makale Bilgisi/Article Info

Derim, 2020/37(1):27-32

doi: 10.16882/derim.2020.630502

Araştırma Makalesi/Research Article

Geliş Tarihi/Received: 07.10.2019

Kabul Tarihi/Accepted: 28.01.2020



Öz

Sodyum azid (NaN₃) özellikle nokta mutasyon çalışmalarında yoğun olarak kullanılan kimyasal bir mutajendir. Bu çalışmada, Finola altı sıralı arpa çeşidi, kimyasal bir mutajen olan sodyum azid ile muamele edilerek 14 adet mutant arpa hattı elde edilmiştir. Elde edilen hatlar arasındaki genetik farklılık, 5 adet basit tekrarlı diziler arası polimorfizm (Inter Simple Sequence Repeat, ISSR) markörü yardımıyla belirlenmiştir. Elde edilen sonuçlara göre 5 ISSR marköründen 24 adet bant elde edilmiş ve bu bantlardan 18 adet polimorfik allel belirlenmiş ve ortalama polimorfizm oranı %76.33 olarak saptanmıştır. Ortalama allel sayısı 4.8 olup, 6 bant ile UBC-808 en fazla bant üreten primer olurken, en az bant üreten primerler ise 4'er bant ile UBC-820 ve UBC-825 primerleri olmuştur. Kullanılan markörlere ait ortalama polimorfizm bilgi içeriği (PIC) 0.83 olarak hesaplanmış ve PIC değeri 0.78 ile 0.86 aralığında değişmiştir. Markör verileri dendrogramda 2 ana grup oluşturmuştur. Birinci kümede Fnl-4, Fnl-8, Fnl-10, Fnl-11 ve Fnl-12 mutantları yer alırken, ikinci kümede ise Finola çeşidi ile birlikte diğer mutant hatlar yer almaktadır. Temel bileşenler analizi, Finola çeşidi ve mutant hatlardan Fnl-5, Fnl-13 ve Fnl-14 hatlarının birbirine benzemekle birlikte, bazı alleller bakımından farklı olduklarını ortaya koymuştur.

Anahtar Kelimeler: Arpa; Sodyum azid; Mutasyon ıslahı; ISSR markör

Genetic diversity in sodium azide (NaN₃) induced barley mutants using ISSR markers

Abstract

Sodium azide (NaN₃) is widely used as a chemical mutagen in mutation studies, especially to induce point mutations. This study was carried out to determine genetic diversity of six-rowed barley cultivar Finola and 14 mutant lines induced by sodium azide mutagenesis agent and identified by using 5 Inter Simple Sequence Repeat (ISSR) markers. According to the results, 24 bands were produced by five ISSR markers, 18 of them were found polymorphic, and the average polymorphism rate was 76.33%. The average allele number was determined as 4.8, and UBC-808 marker had the highest allele number with 6 alleles, while UBC-820 and UBC-825 markers had the lowest allele numbers with 4 alleles. The average polymorphism information content of the markers used in the study was 0.83, and ranked from 0.78 to 0.86. A dendrogram was created using marker data, and according to the dendrogram, genotypes were divided into two main groups. Fnl-4, Fnl-8, Fnl-10, Fnl-11 and Fnl-12 mutants existed in the first group, while the others including Finola cultivar were in the second group. Based on the principal component analysis (PCA), Finola cultivar and mutant lines Fnl-5, Fnl-13 and Fnl-14 were evaluated as they are similar to Finola although, differed for some alleles.

Keywords: Barley; Sodium Azide; Mutation breeding; ISSR markers

1. Giriş

Arpa (*Hordeum vulgare* L.) Dünya'da 147.4 milyon hektar alanda ekilen 470 milyon ton üretime sahip bir tahıl bitkisidir. Türkiye'de ise 2.41 milyon hektar alanda ekilmekte ve 7.1 milyon ton üretilmektedir. Türkiye'de ortalama verim 293 kg da⁻¹'dir (FAO, 2017). Islah çalışmalarıyla önemli bitki

türlerinin verim, kalite veya arzu edilen özelliklerinin geliştirilebilme imkânı mevcuttur. Fakat son yıllarda dünya genelinde yapılan ıslah çalışmalarında farklı kökenlere sahip genetik kaynakların kullanılmaması neticesinde genetik tabanda ciddi şekilde daralmalar meydana gelmiştir. Mutasyon çalışmaları genetik varyasyonun çeşitli nedenlerden dolayı daraldığı durumlarda çeşitliliği arttırmak için

kullanılabilecek önemli araçlardan biridir. Mutasyon ıslahı ile arzu edilen bazı özelliklerin iyileştirilmesi amaçlanmakta olup, bu işlem tek bir genotiple ve kimyasal ya da fiziksel mutasyon araçları yardımıyla yapılabilmektedir. Mutajenik etkiye sahip kimyasal veya radyasyon kaynakları bitki genomunda, kromozomlarda veya gen dizilerinde değişiklik yapmaktadırlar. Mutasyon ıslahının temel ilkesi, bitkilerin değişik kısımlarına, değişik yöntemlerle uygulanacak farklı mutajen ve dozlarının ortaya çıkaracağı olumlu ve olumsuz varyasyonlar içinden amaca uygun olanların seçilerek, karşılaştırmalı denemelerle verim ve kalite potansiyellerinin belirlenmesi sonucunda yeni çeşitlerin elde edilmesidir (Akbay, 1988). Sodyum azid genel olarak laboratuvarların yanı sıra sanayide, tarımda ve diğer birçok alanda yapılan araştırmalar için yaygın kullanılan bir kimyasaldır. Sodyum azid, bazı bitki türlerinde ve özellikle arpada iyi bilinen çok etkili bir mutajendir (Gruszka vd., 2012).

Basit tekrarlı diziler arası polimorfizm (Inter Simple Sequence Repeat, ISSR) yöntemi DNA nükleotidlerinin kromozom bölgelerinden bağımsız olarak bitki genomlarında tesadüfi olarak dağılımlarının belirlenmesini esas almaktadır. Rastgele çoğaltılmış DNA polimorfizmi (RAPD) yöntemine göre çok daha hassas ve tekrarlanabilirliği yüksektir (Yorgancılar vd., 2015). ISSR markörlerin kullanımı hızlı ve kolay olup daha uzun primerlere sahip oldukları için daha güvenilir ve daha az maliyetli baskın markörlerdir. ISSR' lar genetik akrabalıkların belirlenmesinde ve linkage haritalamalarında kullanılan bir markör sistemidir.

Bu çalışmada, sodyum azid uygulaması sonucu elde edilen on dört ileri kademe mutant arpa hattı arasındaki genetik farklılığın ISSR markörleri ile belirlenmesi amaçlanmıştır.

2. Materyal ve Yöntem

2.1. Materyal

Çalışmada kullanılan Finola altı sıralı arpa çeşidi oldukça yüksek bir verim potansiyeline sahip olmasının yanında vejetasyon süresi de oldukça uzundur. Vejetasyon süresinin kısaltılması ve daha iyi performans gösteren hatların seçilebilmesi için Finola çeşidi kimyasal

mutasyona tabi tutulmuştur. Kimyasal mutasyon sonrası M₁ tohumları hemen ekilmiş ve M₂ tohumları bulk olarak hasat edilmiştir. Bir sonraki ürün yılında M₂ tohumları ekilmiş ve erkencilik ve başak uzunluğu gibi özellikler bakımından farklılık gösteren 14 adet mutant arpa hattı seçilmiş ve Finola çeşidi ile birlikte bu çalışmada materyal olarak kullanılmıştır.

2.2. Yöntem

2.2.1. Kimyasal mutasyon uygulaması

Çalışmada, materyal olarak kullanılan Finola arpa çeşidinin 2500 adet tohumuna mutajen olarak sodyum azidin 10 mM ve pH 3 seviyesindeki dozu uygulanmıştır (Uğurer vd., 2016). Tohumlar bir gün önceden 14 saat suda bekletilmiştir. Sodyum azid, tampon çözeltisi olarak kullanılan 100 mM potasyum fosfat mono-bazik (KH₂PO₄) ile çözülmüştür. pH seviyesi HCl kullanılarak 3'e ayarlanmıştır. Tohumlar bu çözeltide 2 saat çalkalanarak (150 rpm) muamele edilmiştir. İki saat sonunda tohumlar saf su ile durulandıktan sonra, 3 kez 30 dakika saf su ile çalkalanarak (150 rpm) kimyasal kalıntılarından arındırılmıştır (Rines, 1985). Daha sonra tohumlar araziye ekilmiştir. Araziye ekilen tohumlarda ölüm oranı %50 civarında gerçekleşmiştir.

2.2.2. Polimeraz zincir reaksiyonu (PZR) ve fragment analizi

Arpa çeşit ve mutant hatlarına ait yaprak örnekleri kuru buz ile muhafaza edilerek laboratuara getirilmiş ve DNA izolasyonu yapılabildiği kadar -80°C'de muhafaza edilmiştir. DNA izolasyonu Bardak ve Bölek (2012)'de belirtildiği gibi yapılarak nanodrop spektrometre ile DNA miktar ve kaliteleri belirlenmiş ve DNA' lar 25 ng µl'ye seyreltilerek, 5 adet ISSR markörü ile taranmıştır. PZR reaksiyonu için, 0.2 ml hacminde 96'lık PZR tüplerine; 1 µl dNTP (2.5 mM) (Vivantis), 2 µl 10x PZR solüsyonu, 1.5 µl MgCl₂ (25mM), ISSR marker (1 µl (10 pmol) EM ve 1 µl (10 pmol) ME), 2 µl genomik DNA (25 ng), 11 µl d H₂O, 0.5 µl DNA Taq polimeraz (Vivantis) olacak şekilde toplam 20 µl solüsyon hazırlanmıştır. PZR cihazı 94°C'de 5 dk., 35°C'de 1 dk., 72°C'de 1 dk., 35 döngü (94°C'de 1 dk., 50°C'de 30 sn. ve 72°C'de 1 dk.), 72°C'de 10 dk ve 4°C ∞ şeklinde programlanarak fragment çoğaltmaları

yapılmıştır (Çardaklı vd., 2017). Fragment analizleri için PZR işleminden sonra elde edilen ürünler, jel elektroforezi yapılarak yürütülmüş ve genotiplere ait DNA bantları elde edilmiştir.

2.2.3. Verilerin analizi

Çalışma sonucu elde edilen DNA bantları var yok şeklinde bant bulunanlara '1' bulunmayanlara ise '0' olarak skorlanarak veriler elde edilmiştir. Polimorfizm bilgi içerikleri (PIC, Polymorphism Information Content) Weir (1996) tarafından tanımlanan $PIC=1-\sum P_i^2$ formülü kullanılarak Dumlupınar vd. (2016)'ya göre MS Excel'de hesaplanmıştır (Pi; araştırmada çalışılan 15 arpa genotipinin i'inci allelin frekansıdır). NTSYS-pc 2.21v paket programında genetik benzerlikler Dice indeksi (Dice, 1945) kullanılarak unweighted pair group of arithmetic means (UPGMA) dendrogramı oluşturulmuştur (Rohlf, 2008). Ayrıca arpa çeşidi ve mutant hatları temel bileşenler analizi (PCA)'ne tabi tutulmuştur (JMP, 2007).

3. Bulgular ve Tartışma

Çalışmada bir arpa çeşidi ve bundan elde edilen 14 adet mutant arpa hattı arasındaki genetik farklılığı belirlemek amacıyla 5 adet ISSR markörü kullanılarak 24 adet bant elde edilmiş ve bu bantlardan 18 adet polimorfik allel belirlenmiştir. Polimorfizm oranı ortalama %76.33 olarak saptanmıştır. Çalışmamızda ortalama allel sayısı 4.8, en fazla bant üreten primer UBC-808 olup 6 bant elde edilirken en az bant üreten primerler ise 4'er bant ile UBC-820 ve UBC-825 primerleri olmuştur (Çizelge 1). Yalın (2005), Türkiye orijinli 28 arpa çeşidi içerisindeki genetik çeşitliliği belirlemek amacıyla 10 ISSR markörünü kullanarak yaptığı çalışmada ortalama polimorfizm bilgi içeriğini (PIC) 0.611 olarak tespit etmiştir. Khodayari vd. (2012), 32 arpa genotipinde 17 SSR markörünü kullanarak

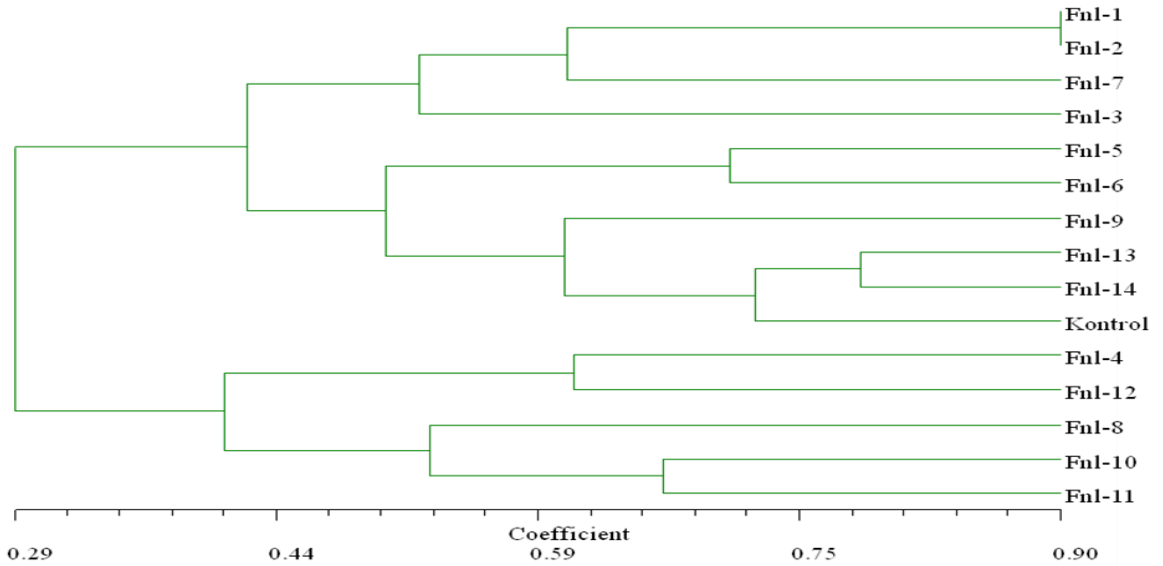
yaptıkları çalışmada ortalama polimorfizm bilgi içeriğini (PIC) 0.651, ortalama allel sayısını ise 8.117 olarak belirlemişlerdir. Olgun vd. (2015) bazı arpa genotipleri arasındaki genetik çeşitliliği belirlemek için RAPD ve ISSR markörlerini kullanarak yaptıkları çalışmada ortalama polimorfizm bilgi içeriğini (PIC) %86.5 olarak tespit etmişlerdir. Elakhdar vd. (2018), arpa genotiplerinin genetik çeşitliliğini belirlemek amacıyla SSR ve SNP markörlerini kullanarak yaptıkları çalışmada ortalama allel sayısını 4 ve polimorfizm bilgi içeriğini (PIC) ise 0.49 olarak tespit etmişlerdir. Arpa genotipleri arasındaki genetik benzerlikler moleküler markörler kullanılarak belirlenmiştir. Mutant hatlar arasındaki genetik benzerlik 0.90 (Fnl-1 ve Fnl-2) ile 0.00 (Fnl-3 ve Fnl-8 ile Fnl-7 ve Fnl-12) arasında değişirken kontrol çeşit ile mutant hatlar arasında ise ortalama benzerlik 0.52 olarak bulunmuştur. Kontrol çeşide genetik olarak en yakın mutant hat Fnl-14 (0.73) olurken en uzak mutant hatlar ise Fnl-3 ve Fnl-11 (0.32) olmuştur (Çizelge 2). Yalın (2005), yaptığı çalışmada iki sıralı ara çeşitleri arasındaki genetik uzaklık katsayısını 0.05 ile 0.33 arasında bulurken altı sıralı arpa çeşitleri arasındaki genetik uzaklık katsayısını ise 0.12 ile 0.31 arasında değiştiğini belirlemiştir. Kaya (2015), 16 adet yabancı arpa popülasyonu ve 26 adet kültür arpa çeşidi arasında yaptığı 45 SSR markörünü kullanarak yaptığı moleküler analiz sonucunda tüm genotipler arasında %74, popülasyonlar arasında %23 ve çeşitler içerisinde ise %3 oranında varyasyon bulunduğunu saptamıştır. Elakhdar vd. (2018), arpa genotipleri ile yaptıkları çalışmada genetik çeşitlilik seviyesini 0.03 ile 0.82 arasında değiştiğini belirlemişlerdir. Araştırmada, arpa genotiplerinin benzerlik indeksine göre oluşturulan dendrogramda önce 2 küme oluşmuş ve bu iki kümede iki alt küme oluşturmuştur. Birinci kümede Fnl-4, Fnl-8, Fnl-10, Fnl-11 ve Fnl-12 mutantları yer alırken ikinci kümede ise kontrol çeşitle birlikte diğer mutant hatlar yer almıştır (Şekil 1).

Çizelge 1. Çalışmada kullanılan ISSR markörleri, allel sayıları ve polimorfizm bilgi içeriği (PIC)

Primerler	Primer dizilimi (5'.....3')	Allel sayısı	Polimorfik allel sayısı	PIC değeri
UBC-808	AGAGAGAGAGAGAGAGC	6	4	0.86
UBC-820	GTGTGTGTGTGTGTGTC	4	4	0.82
UBC-825	ACACACACACACACT	4	3	0.78
UBC-826	ACACACACACACACC	5	3	0.86
UBC-842	GAGAGAGAGAGAGATG	5	4	0.82
Toplam	-	24	18	-
Ortalama	-	4.8	3.6	0.83

Çizelge 2. Genotipler arasındaki genetik benzerlik

Genotipler	Fnl-1	Fnl-2	Fnl-3	Fnl-4	Fnl-5	Fnl-6	Fnl-7	Fnl-8	Fnl-9	Fnl-10	Fnl-11	Fnl-12	Fnl-13	Fnl-14	Kontrol
Fnl-1	1.00														
Fnl-2	0.90	1.00													
Fnl-3	0.50	0.50	1.00												
Fnl-4	0.23	0.35	0.46	1.00											
Fnl-5	0.44	0.33	0.14	0.13	1.00										
Fnl-6	0.31	0.42	0.26	0.37	0.70	1.00									
Fnl-7	0.66	0.55	0.57	0.26	0.50	0.35	1.00								
Fnl-8	0.14	0.14	0.00	0.18	0.33	0.46	0.16	1.00							
Fnl-9	0.60	0.60	0.25	0.35	0.44	0.42	0.33	0.14	1.00						
Fnl-10	0.42	0.42	0.40	0.50	0.23	0.22	0.35	0.46	0.52	1.00					
Fnl-11	0.25	0.25	0.33	0.65	0.14	0.40	0.28	0.60	0.25	0.66	1.00				
Fnl-12	0.12	0.25	0.16	0.61	0.14	0.53	0.00	0.40	0.37	0.26	0.50	1.00			
Fnl-13	0.63	0.54	0.33	0.31	0.60	0.38	0.50	0.12	0.63	0.47	0.33	0.22	1.00		
Fnl-14	0.47	0.38	0.23	0.22	0.63	0.40	0.42	0.13	0.57	0.40	0.23	0.23	0.78	1.00	
Kontrol	0.62	0.62	0.32	0.38	0.59	0.57	0.51	0.34	0.62	0.57	0.32	0.40	0.71	0.73	1.00



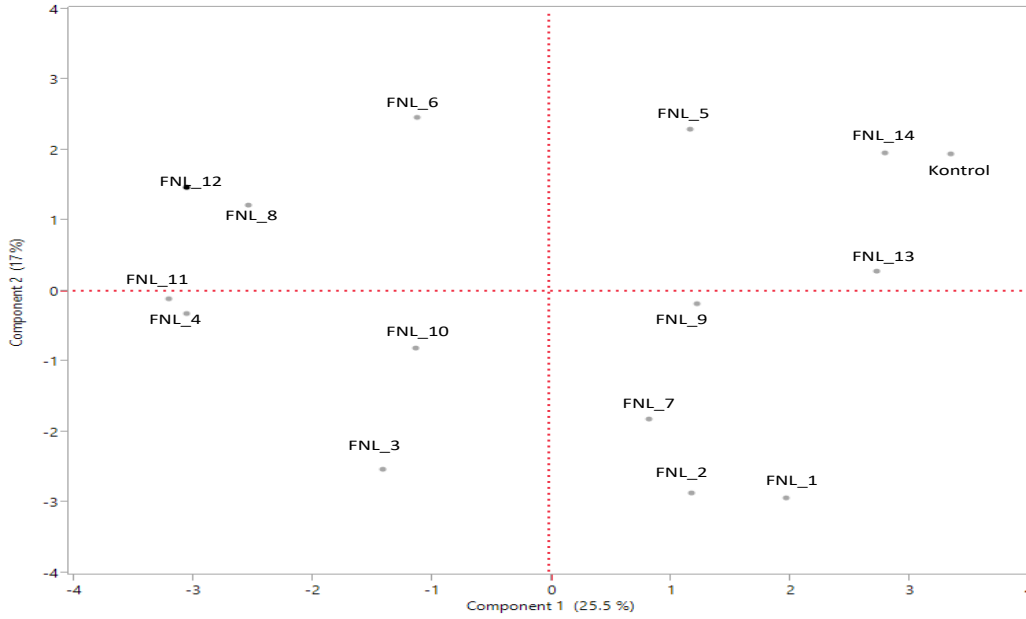
Şekil 1. Dice indeksi kullanarak UPGMA yöntemine göre oluşturulmuş dendrogram

Araştırmada kontrol çeşit ve mutant hatlar arasındaki genetik varyasyonu belirlemek için temel bileşenler analizi (PCA) yapılmıştır. Temel bileşenler analizine göre kontrol çeşit ve mutant hatlar 4 gruba ayrılmıştır. Birinci grup 3 mutant hat ve kontrol çeşidi (Kontrol, Fnl-5, Fnl-13 ve Fnl-14), ikinci grup 4 mutant hattı (Fnl-1, Fnl-2, Fnl-7, Fnl-9), üçüncü grup 4 mutant hattı (Fnl-3, Fnl-4, Fnl-10 ve Fnl-11) ve dördüncü grup 3 mutant hattı (Fnl-6, Fnl-8 ve Fnl-12) içermektedir (Şekil 2).

4. Sonuç

Araştırmada toplam 5 ISSR markörü kullanılmış ve tamamı polimorfik özellik göstermekle

beraber ortalama polimorfizm değeri %76.33 olarak belirlenmiştir. Ortalama allel sayısı 4.8 olup PIC değeri 0.83 olarak bulunmuş ve PIC değeri 0.78 ile 0.86 aralığının da değişmiştir. Kontrol çeşit ile mutant hatlar arasındaki ortalama benzerlik 0.52 olarak tespit edilmiştir. Dice indeksi matrisine göre oluşturulan dendrogram iki ana gruba ayrılmıştır. Birinci grupta 5 mutant hat bulunurken ikinci grupta kontrol çeşit ve 9 mutant hat bulunmaktadır. Sonuç olarak, kimyasal bir mutajen olarak sodyum azid arpa ıslah programlarında varyasyonun artırılması ve mutant hatlar elde etmede etkili bir yöntem olarak kullanılabilir. Ayrıca, ISSR markörlerinin genetik farklılığı tespit etmede güvenilir bir şekilde kullanılabileceği düşünülmektedir.



Şekil 2. Arpa genotiplerine ait temel bileşenler analizi (PCA)

Kaynakça

- Akbay, G. (1988). Farklı EMS (Ethyl Methane Sulphonate) dozlarının uygulandığı Tokak 157/37 (*Hordeum vulgare* L.) iki sıralı arpa çeşidi tohumlarının farklı ortam ve farklı sürelerle bekletilmesinin M₁ bitkilerinin bazı özellikleri üzerine etkileri. Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları-107 Bilimsel Araştırmalar ve İncelemeler 573:1.
- Bardak, A., & Bölek, Y. (2012). Genetic diversity of diploid and tetraploid cottons determined by SSR and ISSR markers. *Turkish Journal of Field Crops*, 17(2):139-144.
- Çardaklı, E., Bardak, A., & Özdemir, M. (2017). Doğu Akdeniz bölgesinden toplanan bazı adaçayı türlerinin genetik farklılıklarının belirlenmesi. *Türk Tarım-Gıda Bilim ve Teknoloji Dergisi*, 5(6):695-700.
- Dice, L.R. (1945). Measures of the amount of ecologic association between species. *Ecology*, 26(3):297-302.
- Dumlupınar, Z., Jellen, E.N., Bonman, J.M., & Jackson, E.W. (2016). Genetic diversity and crown rust resistance of oat landraces from various locations throughout Turkey. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 40(2):262-268.
- Elakhdar, A., Kumamaru, T., Qualset, C.O., Brueggeman, R.S., Amer, K., & Capo-Chichi, L. (2018). Assessment of genetic diversity in Egyptian barley (*Hordeum vulgare* L.) genotypes using SSR and SNP markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 65(7):1937-1951.
- FAO (2017). Food and Agricultural Organization of the United Nations. www.fao.org Erişim Tarihi: 02.09.2019.

- Gruszka, D., Szarejko, I., & Maluszynski, M. (2012). Sodium Azide as a mutagen. *Plant Mutation Breeding and Biotechnology*. CABI, Wallingford: 159-166.
- JMP (2007). JMP user guide, release 7 copyright © 2007, SAS Institute Inc. Cary, USA.
- Kaya, S. (2015). Yabani arpa popülasyonları ve bazı arpa çeşitlerinin agro-morfolojik ve moleküler karakterizasyonu ile kalite özellikleri ve çinko eksikliğine toleranslarının saptanması. Doktora Tezi, Çukurova Üniversitesi, Adana.
- Khodayari, H., Saeidi, H., Roofigar, A.A., Rahiminehad, M.R., Pourkheirandish, M., & Komatsuda, T. (2012). Genetic diversity of cultivated barley landraces in Iran measured using microsatellites. *International Journal of Bioscience, Biochemistry and Bioinformatics*, 2(4):287-290.
- Olgun, M., Budak Başçıftçı, Z., Ayter, N.G., Turan, M., Koyuncu, O., Ardiç, M., Açar, G., & Takıl, E. (2015). Genetik divergence in some barley (*Hordeum vulgare* L.) genotypes by RAPD and ISSR Analyses. *Süleyman Demirel Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 10(2):102-109.
- Rines, H.W. (1985). Sodium Azide mutagenesis in diploid and hexaploid Oats and comparison with Ethyl Methane Sulfonate treatments. *Environmental and Experimental Botany*, 25(1):7-16.
- Rohlf, F.J. (2008). NTSYS-pc: Numerical taxonomy and multivariate analysis system version 2.21v. setauket, exeter publishing, New York.
- Uğurer, M., Güngör, H., Demirtaş, M.B., Tekin, A., Herek, S., Gezginç, H., Çerikçi, Ç.M., Dokuyucu, T., Dumlupınar, Z., & Akkaya, A. (2016). Farklı dozlarda uygulanan Sodyum Azid (NaN₃)

kimyasalının buğday ve yulafta mutajen etkisinin belirlenmesi. 4. *Bursa Tarım Kongresi*, s:261-267.

Weir, B.S. (1996). *Genetic data analysis II: Methods for Discrete Population Genetic Data*. 2nd Ed. Sunderland, MA, USA: Sinauer Associates Inc.

Yalım, D. (2005). Türkiye'de yetişen arpa çeşitlerinde

genetik çeşitliliğin ISSR (basit dizilim tekrarları) moleküler markör tekniği ile saptanması. Yüksek Lisans Tezi, Çukurova Üniversitesi, Adana.

Yorgancılar, M., Yakışır, E., & Tanur Erkoyuncu, M. (2015). Moleküler markörlerin bitki ıslahında kullanımı. *Bahri Dağdaş Bitkisel Araştırma Dergisi*, 4(2):1-12.